



A TRANSFORMAÇÃO DA AGRICULTURA BRASILEIRA

ORGANIZADORES

CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA

IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS

CIÊNCIAS AGRÁRIAS

A TRANSFORMAÇÃO DA AGRICULTURA BRASILEIRA

ORGANIZADORES

CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA

IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS

CAMPINA GRANDE - PB



1ª Edição, Volume 1

Todos os Direitos Desta Edição Reservados à
© 2021 EDITORA SCIENCE
Av. Marechal Floriano Peixoto. 5000.
Campina Grande, PB, 58434-500.
CNPJ: 42.754.503/0001-00

REGISTRO CBL (Câmara Brasileira do Livro)

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)**

A Transformação da agricultura brasileira [livro eletrônico] / organização Carliane Rebeca Coelho da Silva , Igor Luiz Vieira de Lima Santos. -- 1. ed. -- Campina Grande, PB : Ed. das Autoras, 2021.
PDF.

Vários autores.
Bibliografia.
ISBN 978-65-00-37312-7

1. Agricultura 2. Ciências agrárias
3. Desenvolvimento sustentável - Aspectos ambientais I. Silva, Carliane Rebeca Coelho da.
II. Santos, Igor Luiz Vieira de Lima.

22-96720

CDD-630

Índices para catálogo sistemático:

1. Ciências agrárias 630

Aline Grazielle Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129



<https://doi.org/10.56001/21.9786500373127>

Para consulta na CBL acesse: <https://www.cbldados.org.br/isbn/pesquisa/>



Editora--Chefe

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho
da Silva

Editores Organizadores

Prof. Dr. Igor Luiz Vieira de Lima
Santos

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho
da Silva

Editoração e Diagramação

Corpo Técnico da Editora Science

Revisão Principal

Os Autores / Revisores *Ad Hoc* /
Corpo Editorial / Organizadores

Revisão Final

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho
da Silva

**Programas Registrados de
Design**

©Canva Pro Registered Design



Copyright © 2021 Editora Science

Copyright Textual © 2021 Os
autores

Copyright da Edição © 2021
Editora Science

Todos os Direitos e os Termos de
Cessão para esta edição foram
cedidos à Editora Science pelos
próprios autores.

Declaração de Direitos

Todos os direitos reservados.

Qualquer parte deste livro pode ser reproduzida, transmitida de qualquer forma ou por qualquer meio, eletrônico, mecânico, fotocópia, microfilmagem, gravação ou de outra forma, desde que citada a fonte. Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY-NC-ND 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

Todos os artigos de autoria inédita, revisão, comentários, opiniões, resultados, conclusões ou recomendações são de inteira responsabilidade do(s) autor(es), e não refletem necessariamente as opiniões dos editores e/ou da empresa.

Para cópias impressas, para compras em massa e/ou informações sobre este e outros títulos da © Editora Science, entre em contato com a editora pelo telefone: Tel.: +55-83-991647953; E-mail: contato@editorascience.com ou editorascience@gmail.com

Siga nossas redes sociais fique por dentro das novidades e amplie o alcance dos nossos livros:

Facebook: <http://www.facebook.com/editorascience>

Instagram: <https://www.instagram.com/editorascience>

© 2021 EDITORA SCIENCE

Editora-Chefe:

PÓS-DRA. CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA (EDITORA-CHEFE)

Gerente Editorial:

PROF. DR. IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS (UFCG)

Conselho Editorial:

PÓS-DRA. CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA (EDITORA-CHEFE)

PROF. DR. IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS (UFCG)

DRA. LUCIANA AMARAL DE MASCENA COSTA (UFRPE)

PÓS-DRA. AYRLES FERNANDA BRANDÃO DA SILVA (UFCE)

Corpo Editorial:

PÓS-DRA. CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA (EDITORA-CHEFE)

PÓS-DRA. AYRLES FERNANDA BRANDÃO DA SILVA (UFCE)

DR. IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS (UFCG)

DRA. LUCIANA AMARAL DE MASCENA COSTA (UFRPE)

DRA. FERNANDA MIGUEL DE ANDRADE (FIS)

DRA. WELMA EMÍDIO DA SILVA (FIS)

MSc. LÚCIA MAGNÓLIA A. SOARES DE CAMARGO (UNIFACISA)

DR. JOSÉ OLÍVIO LOPES VIEIRA JÚNIOR (UENF)

DRA. FRANCIELI DE FATIMA MISSIO (UFSM)

PÓS-DR. CRISTIANO CUNHA COSTA (UFS)

DR. MILTON GONÇALVES DA SILVA JUNIOR (UNIARAGUAIA)

MSc. MARCELO SALVADOR CELESTINO (UNESP)

DR. GABRIEL PARISOTTO (UNISUAM)

DR. MARCUS VINICIUS PERALVA SANTOS (IFTO)

DR. LUIZ ALEXANDRE VALADÃO DE SOUZA (SME-RJ)


PÓS-DRA. MICHELE APARECIDA CERQUEIRA RODRIGUES (UFLO)

LICENSE PUBLICATION DETAILS

Copyright © 2021 Editora Science

Copyright Notice

All content in this work, except where otherwise noted, is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY-NC-ND 4.0) license which permits copying, distribution, and adaptation of the work, provided the original work is properly cited and any changes from the original work are properly indicated. Any altered, transformed, or adapted form of the work may only be distributed under the same or similar license to this one.

© 2021 by Carliane Rebeca Coelho da Silva is licensed under Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International 



**Attribution-NonCommercial-
NoDerivatives 4.0 International
(CC BY-NC-ND 4.0)**

HOW CITE THIS BOOK:

NLM Citation

Silva CRC, Santos ILVL, editores. *A Transformação da Agricultura Brasileira*. 1st ed. Campina Grande (PB): Editora Science; 2021. 86p.

APA Citation

Silva, C. R. C. & Santos, I. L. V. L. (Eds.). (2021). *A Transformação da Agricultura Brasileira* (1st ed.). Editora Science.

ABNT Brazilian Citation NBR 6023:2018

SILVA, C. R. C.; SANTOS, I. L. V. L. **A Transformação da Agricultura Brasileira**. 1. ed. Campina Grande: Editora Science, 2021.

WHERE ACCESS THIS BOOK:

www.editorascience.com.br/

Sumário

CAPÍTULO 1	1
CONTROLE BIOLÓGICO: UMA REVISÃO SOBRE OS PRINCIPAIS AGENTES MICROBIOLÓGICOS UTILIZADOS NO CONTROLE DE NEMATOIDES	1
BIOLOGICAL CONTROL: A REVIEW OF THE MAIN MICROBIOLOGICAL AGENTS USED IN NEMATODE CONTROL	1
José Olívio Lopes Vieira Júnior	1
Renata Cunha Pereira	1
CAPÍTULO 2	14
EVOLUÇÃO TECNOLÓGICA DA AGRICULTURA NO BRASIL	14
TECHNOLOGICAL EVOLUTION OF AGRICULTURE IN BRAZIL	14
Sabrina Kelly dos Santos	14
Daniel da Silva Gomes	14
CAPÍTULO 3	25
MANEJO AGRÍCOLA DA BIODIVERSIDADE VEGETAL NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO	25
AGRICULTURAL MANAGEMENT OF PLANT BIODIVERSITY IN THE BRAZILIAN SEMIARID	25
Caio Henrique Nobre da Silva	25
Semirames do Nascimento Silva	25
Carlos Alberto Lins Cassimiro	25
Leonardo Afonso Pereira da Silva Filho	25
Luís Paulo Firmino Romão da Silva	25
CAPÍTULO 4	40
UTILIZAÇÃO DOS REMINERALIZADORES NA AGRICULTURA	40
USE OF REMINERALIZERS IN AGRICULTURE	40
Rodrigo de Moraes Galarza	40
Gustavo Kruger Gonçalves	40
Marco Aurelio Torres Rodrigues	40
Paulo Elias Borges Rodrigues	40
Michelle da Luz Munhoz	40
Vitor Birck	40
Lenize Dornelles Gomes	40
Francielly Baroni Mendes	40
Emilio Mateus Schüller	41
Meline Schüller	41

CAPÍTULO 5 **54****DIVERSIDADE GENÉTICA EM CÁRTAMO (*CARTHAMUS TINCTORIUS* L.) POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES ISSR** **54****GENETIC DIVERSITY IN SAFFLOWER (*CARTHAMUS TINCTORIUS* L.) BY MEANS OF ISSR MOLECULAR MARKERS** **54**

Demerson Arruda Sanglard	54
Andressa Layane Ferreira Linhares	54
Ana Carolina Ataíde Silveira	54
Leandro Silva de Oliveira	54
Leonardo Máximo da Silva	54
Claudinéia Ferreira Nunes	54
Thiago Oliveira de Souza	54
Flávia Echila Ribeiro Batista	54
Ariane da Silva Nogueira	55
Maria Betânia Fonseca	55

CAPÍTULO 6 **70****TÉCNICA LAMP (LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION) APLICADA À FISCALIZAÇÃO DE FRAUDES EM PRODUTOS AGRÍCOLAS** **70****LAMP (LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION) TECHNIQUE APPLIED TO THE MONITORING OF FRAUD IN AGRICULTURAL PRODUCTS** **70**

Demerson Arruda Sanglard	70
Adair da Silva Santos Filho	70
Ana Carolina Ataíde Silveira	70
Leandro Silva de Oliveira	70
Claudinéia Ferreira Nunes	70
Flávia Echila Ribeiro Batista	70
Leonardo Máximo da Silva	71
Ariane da Silva Nogueira	71
Maria Betânia Fonseca	71
Thiago Oliveira de Souza	71

CAPÍTULO 7 **84****VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES SCAR PARA GENES DE RESISTÊNCIA À MANCHA-ANGULAR DO FEIJOEIRO COMUM** **84****VALIDATION OF SCAR MOLECULAR MARKERS FOR RESISTANCE GENES TO THE ANGULAR LEAF SPOT OF COMMON BEAN** **84**

Demerson Arruda Sanglard	84
Ana Carolina Ataíde Silveira	84
Claudinéia Ferreira Nunes	84
Leandro Silva de Oliveira	84
Flávia Echila Ribeiro Batista	84
Maria Betânia Fonseca	84

Leonardo Máximo da Silva	84
Ariane da Silva Nogueira	84
Andressa Layane Ferreira Linhares	85
Carlos Juliano Brant Albuquerque	85

ÍNDICE REMISSIVO **104**

SOBRE OS ORGANIZADORES DO E-BOOK DADOS CNPQ: **106**

PREFÁCIO À 1ª EDIÇÃO

A agropecuária é um dos principais mecanismos pelo qual a espécie humana deixou o nomadismo para se fixar em um ambiente.

Essa fixação pode ocasionar as mais diversas mudanças comportamentais ou alimentares. A produção em massa de alimentos proporcionada pela pecuária e agricultura favoreceu o crescimento populacional e o estabelecimento de novos desafios para alimentar a crescente demanda por produtos variados capazes de suprir a necessidade nutricional dos indivíduos.

A transformação e a maior produção destes insumos são mecanismos necessários para a evolução das necessidades da população.

Neste livro você conhecerá algumas vertentes e desdobramentos propiciados pelos novos processos de produção agrícola que são essenciais para satisfazer a demanda atual por alimentos.

As discussões sobre as novas demandas da população devem ser embasadas cientificamente culminando na melhor tomada de decisões para o aumento da produção agrícola mundial .

Este livro contempla estudos sobre controle biológico na produção agrícola, a evolução tecnológica no setor, manejo agrícola no semiárido e a preocupação com a nutrição do solo.

É possível perceber o aspecto multidisciplinar do livro abrindo um novo leque de oportunidades para pesquisas e sua repercussão nas mais diversas áreas .

Esperamos que tenham uma boa leitura e que os conhecimentos aqui disponíveis tragam novos *insights* e desdobramentos para novas pesquisas que possam contribuir para o crescimento técnico da agricultura no país.

Boa leitura.

Os Organizadores

CAPÍTULO 1

CONTROLE BIOLÓGICO: UMA REVISÃO SOBRE OS PRINCIPAIS AGENTES MICROBIOLÓGICOS UTILIZADOS NO CONTROLE DE NEMATÓIDES

BIOLOGICAL CONTROL: A REVIEW OF THE MAIN MICROBIOLOGICAL AGENTS USED IN NEMATODE CONTROL

José Olívio Lopes Vieira Júnior

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Laboratório de Entomologia e Fitopatologia, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/9215696544546918>

Renata Cunha Pereira

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Laboratório de Entomologia e Fitopatologia, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/0834642317071534>

Resumo

O controle biológico é uma área de pesquisa em crescimento no mercado agrícola mundial. Estes defensivos podem ser utilizados em qualquer cultura agrícola e podem promover o crescimento de plantas e induzir a resistência a patógenos, como os nematoides. A maioria dos nematicidas biológicos são à base de microrganismos, como fungos e bactérias. Diversos microrganismos têm sido estudados como antagonistas de nematoides, mas algumas espécies de fungos e bactérias, como *Trichoderma* sp., *Pochonia* sp., *Pasteuria* sp., merecem destaques devido ao seu potencial biotecnológico. Assim, este capítulo tem como objetivo elucidar, através de uma revisão bibliográfica, as principais espécies de microrganismos que têm sido utilizadas para o controle biológico de nematoides e os principais mecanismos de ação sobre estes patógenos.

Palavras-Chave: defensivos biológicos, microrganismos, nematicidas, fitopatologia.

Abstract: Biological control is a growing area of research in the global agricultural sector. These biological pesticides can be used on any agricultural crop and can promote plant growth and induce resistance to pathogens such as nematodes. Most biological nematicides are based on microorganisms, such as fungi and bacteria. Several microorganisms have been studied as nematode antagonists, but some species of fungi and bacteria, such as *Trichoderma* sp., *Pochonia* sp., *Pasteuria* sp. Thus, this chapter aims to elucidate, through a literature review, the main species of microorganisms that have been used for the biological control of nematodes and the main mechanisms of action on these pathogens.

Keywords: biological pesticides, microorganisms, nematicides, phytopathology.

Introdução

Os nematoides parasitas de plantas são considerados um dos principais fatores limitantes na produção de diversas culturas agrícolas em todo o mundo (KENNEY; ELEFThERIANOS, 2016; ABD-ELGAWAD, 2021) e podem causar perdas de \$118 a \$157 bilhões de dólares (ABAD *et al.*, 2008; DEGENKOLB; VILCINSKAS 2016; KHAN; SHARMA, 2020). No Brasil, as principais espécies de nematoides de relevância para a agricultura são *Meloidogyne* spp. (nematóide de galhas), *Heterodera glycines* (nematóide de cisto da soja), *Pratylenchus brachyurus* (nematóide das lesões radiculares) e *Rotylenchulus reniformis* (nematóide reniforme) (DIAS *et al.*, 2010). Estes patógenos causam danos nas raízes e influenciam diretamente no rendimento e na sobrevivência de culturas economicamente importantes devido a redução da capacidade das plantas de absorverem água e nutrientes para a parte aérea (PINHEIRO *et al.*, 2014).

O controle químico de nematoides com produtos formulados a base dos princípios ativos carbofurano, brometo de metila, abamectina e tiodicarbe era considerado o principal método no controle das principais espécies de nematoides (NOVARETTI *et al.*, 1982). Porém, devido aos efeitos adversos à saúde humana, elevada toxicidade ao ambiente e baixa eficácia de controle após repetidas aplicações, os nematicidas químicos foram restritos ou proibidos (ZUCKERMAN; ESNARD, 1994; TERZIEV; PETKOVA-GEORGIEVA, 2019). E uma das principais demandas da agricultura moderna é proteger o ambiente e a saúde do homem dos efeitos nocivos dos produtos químicos utilizados para o manejo de pragas e patógenos na agricultura (MOHAMED *et al.*, 2018). Práticas alternativas de manejo para gerenciar os nematoides com segurança e eficácia têm sido desenvolvidas e o uso de biopesticidas é uma área de pesquisa em crescimento no mercado agrícola mundial (ABD-ELGAWAD, 2021; AHMAD *et al.*, 2021). Os biopesticidas podem ser definidos como produtos produzidos a base de organismos vivos destinados para o controle de pragas e proteção das plantas e atualmente os fungos e bactérias são considerados os organismos mais eficientes e os principais agentes para o controle biológico contra nematoides parasitas de plantas (BLYUSS *et al.*, 2019; ABD-ELGAWAD, 2021; AHMAD *et al.*, 2021). Outros organismos como nematoides predadores, ácaros, vírus, protozoários, oligoquetas, colêmbolos, algas e turbelários também são considerados agentes de biocontrole, mas são menos eficazes e pouco estudados (ABD-ELGAWAD; ASKARY, 2018; ABD-ELGAWAD, 2021).

No Brasil, a comercialização de biopesticidas, especialmente de nematicidas, cresceu mais de 70% no ano de 2018 e movimentou cerca de R\$465 milhões, o dobro do

valor comercializado em 2017. Os produtos biológicos podem ser utilizados em qualquer cultura agrícola, como frutas e verduras, grãos, cana-de-açúcar, entre outros (MAPA, 2019). Estes produtos são desenvolvidos a base de organismos ou subprodutos secretados por estes que são antagonistas a patógenos de plantas agrícolas. A maioria dos microrganismos utilizados em produtos microbiológicos para o controle de nematoides são espécies de fungos e bactérias encontrados naturalmente no solo (KHAN *et al.*, 2020; ABD-ELGAWAD, 2021).

Os fungos utilizados para controle biológico podem ser endoparasitários, produtores de toxinas e parasitas de ovos, juvenis ou adultos. As bactérias podem ser parasitas obrigatórias, parasitas oportunistas e produtoras de proteínas que induzem na promoção de crescimento da planta (ABD-ELGAWAD, 2020). A aplicação destes microrganismos de potencial biotecnológico pode estimular a biota do solo e ter um efeito supressivo nas populações de organismos fitopatogênicos, como nematoides (BALDONI *et al.*, 2020). Espécies de fungos de *Trichoderma* sp., *Pochonia* sp. e *Paecilomyces* sp. têm se destacado como antagonistas de nematoides como *Pratylenchus* sp. e *Meloidogyne* sp.. Dentre as bactérias, espécies de *Pasteuria*, *Pseudomonas* e *Bacillus* podem ser citadas com elevado potencial biotecnológico devido ao efeito antagônico aos nematoides. O objetivo deste capítulo é investigar, através de uma revisão da literatura, as principais espécies de microrganismos utilizadas para o controle biológico de nematoides e os seus mecanismos de ação sobre estes patógenos.

Metodologia

Para fornecer informações sobre estudos científicos que já foram conduzidos a respeito do controle biológico de nematoides foi realizada uma revisão bibliográfica. Para isto, realizou-se uma pesquisa descritiva na busca por sistematizar informações sobre os principais agentes biológicos utilizados neste método de controle e seus principais mecanismos de atuação na indução de resistência da planta ao patógeno. Foram utilizadas ferramentas de busca como Google acadêmico, PubMed, Scopus (Elsevier), Web of Science (Clarivate Analytics) e Scientific Electronic Library Online (SciELO). As principais palavras chaves utilizadas nas buscas foram “biological control nematodes”, “biological control agents of plant-parasitic nematodes”, “fungi nematophagus” e “bacteria used in the biological control of plant-parasitic nematodes”. Os termos das buscas poderiam estar contidos no título, resumo ou palavras-chave dos trabalhos.

A busca considerou os trabalhos publicados entre os anos de 2000 e 2021. Buscou-se priorizar a leitura de pesquisas mais recentes, com no máximo doze anos de publicação, entretanto, bibliografias mais antigas foram citadas quando relevantes e consolidadas na área de estudo. De acordo com os termos de busca foram encontrados artigos, revisões, dissertações, teses, livros e capítulos de livros. Foram selecionados somente os trabalhos publicados na modalidade artigo científico e livros de maior relevância científica e maior número de citações, com prioridade para as pesquisas publicadas em inglês e em revistas com fator de impacto acima de um ou qualis Capes acima de B1. Artigos científicos completos que não estavam disponíveis de forma integral nas plataformas de busca e que possuíam informações relevantes, foram solicitados aos autores o envio do mesmo através da plataforma Research Gate.

Ao final, foram selecionadas para esta revisão as informações de maior relevância publicadas em 37 artigos científicos e em um livro. A natureza desta pesquisa se caracteriza como básica, de modo a elaborar uma revisão narrativa, na busca e análise crítica da literatura científica com o intuito de elaborar uma fundamentação teórica sobre a perspectiva do controle biológico de nematoides no Brasil.

Resultados e Discussão

O desenvolvimento de produtos microbiológicos para o controle de nematoides cresce anualmente e os fungos e bactérias nematófagos estão entre os principais grupos microbianos com potencial para o controle biológicos fitonematoides (KHAN *et al.*, 2020). Cerca de 75% destes produtos são formulados à base de espécies fúngicas e 7% são defensivos biológicos desenvolvidos a partir de cepas bacterianas (MAPA, 2019).

Fungos

Dentre os gêneros de fungos, *Trichoderma harzianum*, *Purpureocillium lilacinum*, *Pochonia chlamydosporia*, *Monacrosporium lysipagum*, *Pseudomonas fluorescens* e *Pasteuria penetrans* tem se destacado como os principais agentes de biocontrole de nematoides parasitas de plantas (SHARON; CHET; SPIEGEL, 2011; PARIHAR *et al.*, 2015; BAHETI; BHATI, 2017; PACHECO *et al.*, 2020; KUMAR; DARA, 2021).

O *Trichoderma* são fungos filamentosos, de vida livre, comuns em ecossistemas de solo e raízes e com elevado potencial biotecnológico. As cepas colonizam o sistema radicular e promovem o crescimento das plantas, a produtividade da cultura e a indução

de resistência a estresses abióticos e bióticos (BALDONI, 2020). As plantas possuem uma série de estratégias defensivas inatas para proteger do ataque de pragas e patógenos de maneira eficiente (SHIGENAGA *et al.*, 2017; RAMÍREZ-PRADO *et al.*, 2018). Uma vez que o parasitismo ocorre, as plantas reconhecem moléculas geradas pelas secreções orais dos herbívoros ou sinais de danos na parede celular (HOU; LIU; WU, 2019). No entanto, espécies de nematoides possuem mecanismos que os tornam “invisíveis”, através da secreção de proteínas que disfarçam a sua presença na planta hospedeira e conseguem realizar o parasitismo sem que ocorra a ativação dos mecanismos de defesa (KHAN; KIM, 2007). Algumas espécies de *Trichoderma*, micorrizas arbusculares, ectomicorrizas e fungos endofíticos ao colonizar o sistema radicular das plantas, as radículas são revestidas com filamentos fúngicos. Ao detectar a presença de algumas espécies de nematoides, como *Pratylenchus* sp. e *Meloidogyne* sp., estes fungos mutualísticos induzem a ativação dos mecanismos de defesa das plantas contra estes nematoides (HOU; LIU; WU, 2019; ABRIL-URIAS; ESCOBAR, 2020).

Trichoderma harzianum é considerado um dos principais agentes de controle biológico de *Meloidogyne* sp. (BRAHMA; BORAH, 2016; RAI; LIMBU; JOSHI, 2020). Esta espécie é capaz de sintetizar e liberar na rizosfera micoxinas e metabólitos com elevado teor de enzimas, tais como quitinases, glucanases e proteases, capazes de degradar a parede celular de fungos e nematoides patogênicos (GAJERA *et al.*, 2013; PUYAM, 2016). Estas substâncias atuam diretamente na degradação dos ovos de *Meloidogyne*, e reduzem a densidade populacional do patógeno no solo (SAHEBANI; HADAVI, 2008).

Pochonia chlamydosporia é uma espécie de fungo oportunista que tem apresentado resultados positivos quanto a capacidade antagônica a nematoides (MANZANILLA-LÓPEZ *et al.*, 2013; PARIHAR *et al.*, 2015; BENTTOUMI *et al.*, 2020; PACHECO *et al.*, 2020; KUMAR *et al.*, 2021). *Pochonia chlamydosporia* parasita ovos e fêmeas de nematoides endoparasitas sedentários, como *Meloidogyne*, *Heterodera* e *Pratylenchus brachyurus*. O parasitismo de *P. chlamydosporia* ocorre através da secreção e liberação de enzimas responsáveis pela desintegração parcial da camada vitelínica dos ovos, em seguida ocorre a penetração da hifa e a dissolução enzimática das camadas de quitina e de lipídios (MANZANILLA-LÓPEZ *et al.*, 2013). O efeito do parasitismo do fungo sobre os ovos do hospedeiro além de inibir o desenvolvimento embrionário do nematoide, provoca a liberação de enzimas que favorecem a

permeabilidade da casca do ovo e facilita a passagem de micotoxinas que impedem a eclosão de juvenis de segundo estágio (J2) (BENTTOUMI *et al.*, 2020).

O gênero *Paecilomyces* possui espécies patogênicas e saprofíticas, e por este motivo pode ser encontrado em uma ampla variedade de habitats, como solo, materiais vegetais e alimentos em decomposição. Espécies de *Paecilomyces* que vivem no solo desempenham um papel significativo como endófito de plantas. A colonização no sistema radicular proporciona vantagens para o desenvolvimento das plantas, por este motivo estas espécies de *Paecilomyces* têm sido utilizadas como promotoras de crescimento. Além disso, a interação fungo-planta melhora o vigor da planta hospedeira através de diferentes mecanismos que fornecem proteção contra fitopatógenos. O fungo, após estabelecer na planta hospedeira, produz uma grande variedade de metabólitos secundários que são liberados na região da rizosfera (HOMTHONG *et al.*, 2016). Estas substâncias possuem componentes biológicos que podem atuar como inseticida, herbicida, bactericida, fungicida e nematicida.

Paecilomyces tem sido amplamente estudado como um fungo nematófago, especialmente contra *Meloidogyne* spp., mas também contra outros gêneros como *Globodera*, *Rotylenchulus*, *Heterodera*, *Xiphinema* e *Pratylenchus* (DONG; YANG; ZHANG, 2007; MUNAMAR *et al.*, 2015; XIANG *et al.*, 2018). O mecanismo de atuação de *Paecilomyces* spp. contra os nematoides é similar a *P. clamydosporia*. Secreções enzimáticas produzidas pelo fungo degradam a quitina presente na camada protetora do ovo do nematoide, reduzindo o desenvolvimento embrionário e diminuindo a taxa de eclosão dos espécimes. Quando há eclosão, os juvenis possuem deformidades que impedem a mudança a infecção na planta (HOMTHONG *et al.*, 2016).

Bactérias

Assim como os fungos, alguns grupos de bactérias têm se destacado devido ao potencial biotecnológico de espécies para o controle de nematoides. Dentre eles, podem ser citados as bactérias endofíticas e as rizobactérias. Estes grupos atuam como indutores de resistência a fitopatógenos e promotores de crescimento de plantas. e redução de fitonematoides, através da indução de resistência e produção de enzimas tóxicas que atuam no desenvolvimento (inibição de oviposição e eclosão de juvenis) e comportamento dos nematoides (FERREIRA *et al.*, 2017).

Em relação as bactérias da espécie *Bacillus subtilis* são parasitas de ovos, juvenis e fêmeas de espécies de nematoides que possuem hábito migrador, como por exemplo

Pratylenchus, e nematoides sedentários, como *Meloidogyne* e *Heterodera* (MAZZUCHELLI *et al.*, 2020). Além disso, *B. subtilis* secreta substâncias enzimáticas no solo que possuem propriedades que alteram o comportamento dos nematoides e impedem que estes parasitas não encontrem a planta hospedeira (OLANREWAJU; GLICK; BALALOLA, 2017).

Os parasitas obrigatórios, *Pasteuria* spp., são agentes biológicos com elevada eficiência no controle de nematoides. Estas espécies de bactérias podem atuar sob condições adversas e com temperatura, pH e umidade do solo variáveis. À medida que os nematoides se movem no solo, endósporos de *Pasteuria* spp. se fixam na superfície da cutícula (VAGELAS *et al.*, 2012). Uma vez aderidos, eles criam tubos germinativos que rompem a cutícula e se ramificam no pseudoceloma do nematoide (DAVIES; OPPERMAN, 2006). A proliferação interna dessas células e a esporulação suprimem a multiplicação dos nematoides e causam a mortalidade destes patógenos (DAVIES *et al.*, 2011). Além de ocorrer o parasitismo por parte das bactérias, a adesão dos endósporos dificulta a movimentação dos juvenis infectantes impedindo que alcance a planta hospedeira (DAVIES, 2009).

Por apresentarem preferência por espécies de nematoides, *Pasteuria* spp. não atingem organismos não-alvo. *P. penetrans* é um parasita específico de *Meloidogyne* (LIU *et al.*, 2017), enquanto *P. thornei* é parasita de *P. brachyurus* (CONFORT; INOMOTO, 2018), e *P. nishizawae* controla espécies de *Heterodera* (NOEL *et al.*, 2010). O controle biológico com produtos à base de *Pasteuria* spp. pode ser aplicado no solo e incorporado com outras práticas de manejo como rotação de culturas e a incorporação de corretivos de solo.

Algumas bactérias, como as rizobactérias, atuam como promotoras do crescimento de plantas (PGPR), uma vez que, ao colonizar o sistema da radicular, favorecem o desenvolvimento das raízes e conseqüentemente o crescimento da planta (SIDDIQUI, 2005). Por este motivo as rizobactérias são consideradas como favorecem o crescimento da planta ao colonizar o sistema radicular, mas algumas PGPR's também mostraram atividade nematicida contra nematoides parasitas de plantas (MHATRE, 2019). Um exemplo evidente são os metabólitos secundários produzidos por *Pseudomonas fluorescens* que induzem a mortalidade de ovos de nematoides e juvenis de segundo estágio (NEIDIG, 2011). Em um estudo conduzido por Zhao *et al.* (2018), cerca de 860 cepas de bactérias coletadas da rizosfera, cinco espécies (*Bacillus cereus*, *B.*

subtilis, *Pseudomonas putida*, *P. fluorescens* e *Serratia proteamaculans*) mostraram alta eficácia no controle de *Meloidogyne javanica*.

As rizobactérias atuam de forma direta e indireta na resistência de plantas a nematoides. De forma direta, pode ser citada reação da planta desencadeada pela colonização das bactérias nas raízes que favorecem a dissociação de alguns macronutrientes do solo, como fósforo. Além disso, induzem a produção de compostos ativos, como giberelina e citocinina e fitohormônios. Indiretamente, as bactérias produzem enzimas líticas e antibióticos que suprimem pragas e patógenos como alguns nematoides (VILJOEN *et al.*, 2019).

Nas últimas décadas, diversos produtos comerciais baseados em microrganismos foram desenvolvidos e comercializados como biopesticidas, biofertilizantes e corretivos de solo. No entanto, estes isolados comerciais podem apresentar resultados que podem variar de acordo com o tipo de solo, cultura, clima e região. Portanto, é necessário que os estudos com novos isolados continuem identificando e testando a eficiência destes agentes biológicos para o controle eficiente de nematoides.

Considerações Finais

A literatura atual sobre o uso de controle biológico para o manejo de nematoides é extensa e isto está associado com a necessidade de alternativas mais sustentáveis devido aos efeitos negativos causados pelos nematicidas químicos ao meio ambiente. São diversos estudos que demonstram espécies, principalmente de fungos e bactérias, que possuem potencial para o controle biológico de nematoides. No entanto, este método ainda precisa ser aprimorado, uma vez que o controle de nematoides através de nematicidas químicos possui efeito mais rápido, enquanto o manejo biológico apresenta resultados a médio-longo prazo.

Referências

- ABAD, P.; GOUZY, J.; AURY, J. M.; CASTAGNONE-SERENO, P.; DANCHIN, E. G.; DELEURY, E.; WINCKER, P. Genome sequence of the metazoan plant-parasitic nematode *Meloidogyne incognita*. **Nature biotechnology**, v. 26, n. 8, p. 909-915, 2008.
- ABD-ELGAWAD, M. M. M. Optimizing Safe Approaches to Manage Plant-Parasitic Nematodes. **Plants**, v. 10, n. 9, p. 1911, 2021.
- ABD-ELGAWAD, M. M. M. Plant-parasitic nematodes and their biocontrol agents: Current status and future vistas. *In*: **Management of Phytonematodes: Recent**

Advances and Future Challenges; ANSARI, R. A., RIZVI, R., MAHMOOD, I., (eds.), Springer Nature: Singapore, 2020; pp. 171–204.

ABD-ELGAWAD, M. M. M.; ASKARY, T. H. Fungal and bacterial nematicides in integrated nematode management strategies. **Egyptian journal of biological pest control**, v. 28, n. 1, p. 1-24, 2018.

ADNAN, M.; ISLAM, W.; SHABBIR, A.; KHAN, K. A.; GHRAMH, H. A.; HUANG, Z.; LU, G. D. Plant defense against fungal pathogens by antagonistic fungi with *Trichoderma* in focus. **Microbial pathogenesis**, v. 129, p. 7-18, 2019.

AHMAD, G.; KHAN, A.; KHAN, A. A.; ALI, A.; MOHHAMAD, H. I. Biological control: a novel strategy for the control of the plant parasitic nematodes. **Antonie van Leeuwenhoek**, p. 1-28, 2021.

BAHETI, B. L.; BHATI, S. S. Estimation of losses caused by root-knot nematode, *Meloidogyne incognita* in varied soil conditions on okra (*Abelmoschus esculentus* L.). **Current Nematology**, v. 28, n. 2, p. 201-207, 2017.

BALDONI, D. B.; ANTONIOLLI, Z. I.; MAZUTTI, M. A.; JACQUES, R. J. S.; DOTTO, A. C.; DE OLIVEIRA SILVEIRA, A.; DE SOUZA, A. R. C. Chitinase production by *Trichoderma koningiopsis* UFSMQ40 using solid state fermentation. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 51, n. 4, p. 1897-1908, 2020.

BENTTOUMI, N., COLAGIERO, M., SELLAMI, S., BOUREGHDA, H., KEDDAD, A., CIANCIO, A. Diversity of Nematode Microbial Antagonists from Algeria Shows Occurrence of Nematotoxic *Trichoderma* spp. **Plants**, v. 9, n. 8, p. 941, 2020.

BLYUSS, K. B.; FATEHI, F.; TSYGANKOVA, V. A.; BILIAVSKA, L. O.; IUTYNSKA, G. O.; YEMETS, A. I.; BLUME, Y. B. RNAi-based biocontrol of wheat nematodes using natural poly-component biostimulants. **Frontiers in plant science**, v. 10, p. 483, 2019.

BRAHMA, U.; BORAH, A. Management of *Meloidogyne incognita* on pea with bioagents and organic amendment. **Indian Journal of Nematology**, v. 46, n. 1, p. 58-61, 2016.

CONFORT, P. M. S.; INOMOTO, M. M. *Pasteuria thornei*, a novel biological seed treatment for *Pratylenchus brachyurus* control in soybean. **Nematology**, v. 20, n. 6, p. 519-523, 2018.

COUTINHO, R. R.; PACHECO, P. V. M.; MONTEIRO, T. S. A.; BALBINO, H. M.; MOREIRA, B. C.; DE FREITAS, L. G. Root colonization and growth promotion of cover crops by *Pochonia chlamydosporia*. **Rhizosphere**, v. 20, p. 100432, 2021.

DAVIES, K. G. Understanding the Interaction Between an Obligate Hyperparasitic Bacterium, *Pasteuria penetrans* and its Obligate Plant-Parasitic Nematode Host, *Meloidogyne* spp. **Advances in parasitology**, v. 68, p. 211-245, 2009.

DAVIES, K. G.; OPPERMAN, C. H. A potential role for collagen in the attachment of *Pasteuria penetrans* to nematode cuticle. **IOBC WPRS Bulletin**, v. 29, n. 2, p. 11, 2006.

DAVIES, K. G.; ROWE, J.; MANZANILLA-LÓPEZ, R.; OPPERMAN, C. H. Re-evaluation of the life-cycle of the nematode-parasitic bacterium *Pasteuria penetrans* in root-knot nematodes, *Meloidogyne* spp. **Nematology**, v. 13, n. 7, p. 825-835, 2011.

DEGENKOLB, T.; VILCINSKAS, A. Metabolites from nematophagous fungi and nematicidal natural products from fungi as alternatives for biological control. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 100, n. 9, p. 3813-3824, 2016.

DIAS, W.P.; GARCIA, A.; SILVA, J.F.V.; CARNEIRO, G. E. de S. Nematoides em Soja: Identificação e Controle. **EMBRAPA SOJA**. Circular técnica 76. ISSN 2176-2864. Londrina, 2010.

DONG, LQ; YANG, JK; ZHANG, KQ Cloning and phylogenetic analysis of the chitinase gene from the facultative pathogen *Paecilomyces lilacinus*. **Journal of applied microbiology**, v. 103, n. 6, p. 2476-2488, 2007.

GAJERA, H.; DOMADIYA, R.; PATEL, S.; KAPOPARA, M.; GOLAKIYA, B. Molecular mechanism of *Trichoderma* as bio-control agents against phytopathogen system—a review. **Current Research in Microbiology and Biotechnology**, v. 1, p. 133-142, 2013.

HOMTHONG, M.; KUBERA, A.; SRIHUTTAGUM, M.; HONGTRAKUL, V. Isolation and characterization of chitinase from soil fungi, *Paecilomyces* sp. panel. **Agriculture and Natural Resources**, 50, 232–242, 2016.

HOU, S., LIU, Z., AND WU, D. Damage-associated molecular pattern-triggered immunity in plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 646, 2019.

KENNEY, E.; ELEFThERIANOS, I. Entomopathogenic and plant pathogenic nematodes as opposing forces in agriculture. **International journal for parasitology**, v. 46, n. 1, p. 13-19, 2016.

KHAN, M. R.; SHARMA, R. K. Fusarium-nematode wilt disease complexes, etiology and mechanism of development. **Indian Phytopathology**, v. 73, p. 615-628, 2020.

KHAN, Z.; KIM, Y. H. A review on the role of predatory soil nematodes in the biological control of plant parasitic nematodes. **Applied Soil Ecology**, v. 35, p. 370–379, 2007.

KUMAR, K. K.; DARA, S. K. Fungal and Bacterial Endophytes as Microbial Control Agents for Plant-Parasitic Nematodes. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, v. 18, n. 8, p. 4269, 2021.

LIU, C.; TIMPER, P.; JI, P.; MEKETE, T.; JOSEPH, S. Influence of root exudates and soil on attachment of *Pasteuria penetrans* to *Meloidogyne arenaria*. **Journal of Nematology**, v. 49, n. 3, p. 304, 2017.

MAZZUCHELLI, R. C. L.; MAZZUCHELLI, E. H. L.; DE ARAÚJO, F. F. Efficiency of *Bacillus subtilis* for root-knot and lesion nematodes management in sugarcane. **Biological Control**, v. 143, p. 104-185, 2020.

MHATRE, P. H. Plant growth promoting rhizobacteria (PGPR): A potential alternative tool for nematodes bio-control. **Biocatalysis and Agricultural Biotechnology**, v. 17, p. 119-128, 2019.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Mercado de bio defensivos cresce mais de 70% no Brasil em um ano**. Acessado em: 08 nov. 2021. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/feffmercado-de-bio-defensivos-cresce-em-mais-de-50-no-brasil>

MOHAMED, W. Z. W.; BAHARUM, A.; AHMAD, I.; ABDULLAH, I.; ZAKARIA, N. E. Effects of fiber size and fiber content on mechanical and physical properties of mengkuang reinforced thermoplastic natural rubber composites. **BioResources**, v. 13, n. 2, p. 2945-2959, 2018.

MUNAWAR, M.; KHAN, S.A.; JAVED, N.; HAQ, I.U.; GONDAL, A.S. Bio-management of tomato wilt complex caused by *Meloidogyne incognita* and *Fusarium oxysporum* f.sp. lycopersici. **Nematology**, v. 17, p. 479–485, 2015.

NEIDIG, N.; PAUL, R. J.; SCHEU, S.; JOUSSET, A. Secondary metabolites of *Pseudomonas fluorescens* CHA0 drive complex non-trophic interactions with bacterivorous nematodes. **Microbial ecology**, v. 61, n. 4, p. 853-859, 2011.

NOEL, G. R.; ATIBALETJA, N.; BAUER, S. J. Suppression of *Heterodera glycines* in a soybean field artificially infested with *Pasteuria nishizawae*. **Nematropica**, p. 41-52, 2010.

NOVARETTI, W.; WRT, N.; MAC, M.; VSB, A. Tratamento químico visando o controle de nematoides em soja. **Nematologia Brasileira**, v. 5, n. 2, p. 247-255, 1982.

OLANREWAJU, O. S.; GLICK, B. R.; BABALOLA, O. O. Mechanisms of action of plant growth promoting bacteria. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 33, n. 11, p. 1-16, 2017.

PACHECO, P. V.; MONTEIRO, T. S.; COUTINHO, R. R.; BALBINO, H. M.; DE FREITAS, L. G. Fungal biocontrol reduces the populations of the lesion nematode, *Pratylenchus brachyurus*, in soybean and corn. **Nematology**, v. 1, p. 1-8, 2020.

PARIHAR, K.; REHMAN, B.; GANAI, M. A.; ASIF, M.; SIDDIQUI, M. A. Role of oil cakes and *Pochonia chlamydosporia* for the management of *Meloidogyne javanica* attacking *Solanum melongena* L. **Journal of Plant Pathology and Microbiology**, v. 1, 2015.

PINHEIRO, J. B., SILVA, G. O., PEREIRA, R. B. Nematoides na Cultura da Batata. EMBRAPA HORTALIÇAS. **Circular técnica** 143. ISSN 1415-3033. Brasília, 2015.

POVEDA, J; ABRIL-URIAS, P; ESCOBAR, C. Biological control of plant-parasitic nematodes by filamentous fungi inducers of resistance: *Trichoderma*, mycorrhizal and endophytic fungi. **Frontiers in Microbiology**, v. 11, p. 992, 2020.

PUYAM, A. Advent of *Trichoderma* as a bio-control agent-a review. **Journal of Applied and Natural Science**, v. 8, n. 2, p. 1100-1109, 2016.

RAI, N.; LIMBU, A. K.; JOSHI, A. Impact of *Trichoderma* sp. in Agriculture: A Mini-Review. **Journal of Biology and Today's World**, v. 9, n. 7, p. 1-5, 2020.

RAMÍREZ-PRADO, J. S., ABULFARAJ, A. A., RAYAPURAM, N., BENHAMED, M., AND HIRT, H. Plant immunity: from signaling to epigenetic control of defense. **Trends in Plant Science**, v. 23, p. 833–844, 2018.

SAHEBANI, N.; HADAVI, N. Biological control of the root-knot nematode *Meloidogyne javanica* by *Trichoderma harzianum*. **Soil biology and biochemistry**, v. 40, n. 8, p. 2016-2020, 2008.

SHARON, E.; CHET, I.; SPIEGEL, Y. *Trichoderma* as a biological control agent. In: **Biological Control of Plant-Parasitic Nematodes**: Springer, Dordrecht, 2011. p. 183-201.

SHIGENAGA, A. M., BERENS, M. L., TSUDA, K., AND ARGUESO, C. T. Towards engineering of hormonal crosstalk in plant immunity. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 38, p. 164–172, 2017.

SIDDIQUI, Z. A. PGPR: prospective biocontrol agents of plant pathogens. In: **PGPR: biocontrol and biofertilization**. Springer, Dordrecht, 2005. p. 111-142.

TERZIEV, V.; PETKOVA-GEORGIEVA, S. Human Health Problems and Classification of the Most Toxic Pesticides. **IJASOS-International E-Journal of Advances in Social Sciences**, v. 5, n. 15, 2019.

VAGELAS, I. K., DENNETT, M. D., PEMBROKE, B., GOWEN, S. R. Adhering *Pasteuria penetrans* endospores affect movements of root-knot nematode juveniles. **Phytopathologia Mediterranea**, p. 618-624, 2012.

VILJOEN, J. J.; LABUSCHAGNE, N.; FOURIE, H.; SIKORA, R. A. Biological control of the root-knot nematode *Meloidogyne incognita* on tomatoes and carrots by plant growth-promoting rhizobacteria. **Tropical Plant Pathology**, v. 44, n. 3, p. 284-291, 2019.

XIANG, N.; LAWRENCE, K.S.; DONALD, P.A. Biological control potential of plant growth-promoting rhizobacteria suppression of *Meloidogyne incognita* on cotton and *Heterodera glycines* on soybean: A review. **Journal of Phytopathology**, v. 166, p. 449–458, 2018.

ZHAO, D.; ZHAO, H.; ZHAO, D.; ZHU, X.; WANG, Y.; DUAN, Y.; CHEN, L. Isolation and identification of bacteria from rhizosphere soil and their effect on plant

growth promotion and root-knot nematode disease. **Biological control**, v. 119, p. 12-19, 2018.

ZUCKERMAN, B. M.; ESNARD, J. Biological control of plant nematodes-current status and hypotheses. **Nematological Research** (Japanese Journal of Nematology), v. 24, n. 1, p. 1-13, 1994.

CAPÍTULO 2

EVOLUÇÃO TECNOLÓGICA DA AGRICULTURA NO BRASIL

TECHNOLOGICAL EVOLUTION OF AGRICULTURE IN BRAZIL

Sabrina Kelly dos Santos

Universidade Federal da Paraíba, Prog. de Pós-Graduação em Agronomia, Areia-PB

<https://orcid.org/0000-0001-8078-9678>

Daniel da Silva Gomes

Universidade Federal da Paraíba, Prog. de Pós-Graduação em Ciências Agrárias

(Agroecologia), Bananeiras-PB

<https://orcid.org/0000-0002-7293-7762>

Resumo

A agricultura é umas das atividades mais antigas da humanidade, tendo como objetivo principal a produção de vegetais para consumo humano e animal, e desde seu surgimento, tem passado por mudanças constantes visando aumentar a produtividade das culturas. No Brasil, a modernização da agricultura foi induzida pelo processo de industrialização estimulado pela política econômica entre 1950 e 1970. Desta forma, este trabalho objetivou mostrar a evolução tecnológica da área agrícola no Brasil. Esta pesquisa baseou-se em revisões de literatura sobre a evolução tecnológica da agricultura no Brasil e no mundo. Os avanços da agricultura foram classificados em quatro fases, sendo Agricultura 1.0, tendo como tecnologia o desenvolvimento e utilização de equipamentos de tração animal; Agricultura 2.0, caracterizada pelo desenvolvimento e utilização de máquinas com motor a combustão; Agricultura 3.0, tendo como tecnologias o GPS, sensoriamento remoto, geoprocessamento, tornando possível a aplicação de insumos em taxa variável, e por fim, Agricultura 4.0, que trouxe consigo a conectividade das fazendas, das lavouras e dos animais, uso de drones em larga escala, criando a chamada agricultura digital. Desta forma, a agricultura, desde sua existência, passou por transformação visando o aumento da produtividade adotando novas técnicas e tecnologias através da utilização de GPS, robótica e softwares. Cada fase que a agricultura passou a implementar tecnologias que foram determinantes no avanço técnico e tecnológico da agricultura.

Palavras-Chave: agricultura digital, sensoriamento remoto, geoprocessamento

Abstract

Agriculture is one of the oldest activities of humanity, having as its main objective the production of vegetables for human and animal consumption, and since its emergence, it has undergone constant changes in order to increase crop productivity. In Brazil, the modernization of agriculture was induced by the industrialization process stimulated by the economic policy between 1950 and 1970. Thus, this work aimed to show the technological evolution of the agricultural area in Brazil. This research was based on literature reviews on the technological evolution of agriculture in Brazil and worldwide. Advances in agriculture were classified into four phases, with Agriculture 1.0, having as technology the development and use of animal traction equipment; Agriculture 2.0, characterized by the development and use of combustion engine machines; Agriculture 3.0, with GPS, remote sensing, geoprocessing as technologies, making it possible to apply inputs at a variable rate, and finally, Agriculture 4.0, which brought with it the connectivity of farms, crops and animals, widespread use of drones scale, creating the so-called digital agriculture. Thus, agriculture, since its existence, has undergone transformation aiming at increasing productivity by adopting

new techniques and technologies through the use of GPS, robotics and software. Every phase that agriculture started to implement technologies that were decisive in the technical and technological advancement of agriculture.

Keywords: digital agriculture, remote sensing, geoprocessing

Introdução

A agricultura é uma atividade que tem como objetivo cultivar vegetais para consumo humano e animal. Segundo Castanho *et al.* (2017) a agricultura é a arte de cultivar os campos, mas também representa à questão do trabalho e as técnicas utilizadas para a obtenção dos produtos agrícolas. Desde o seu surgimento, a agricultura está em constante mudança, visando melhorias nas produções das diferentes culturas e buscando atender as necessidades do homem.

O Sistema de cultivo de alimento iniciou-se quando o homem se deparou com a necessidade de se estabelecer na terra, sendo necessário desenvolver uma nova condição de obtenção de alimentos, que não fosse apenas fornecido de uma forma espontânea pela natureza, mas sim, cultivado (MAZOYER e ROUDART, 2010; CASTANHO *et al.* 2017), e através deste processo de evolução da agricultura o homem deixou de ser nômade.

A modernização da agricultura brasileira foi induzida pelo processo de industrialização do país, isto é, pela política econômica do governo entre 1950 e 1970, o que favoreceu a indústria em detrimento da agricultura, reforçando o poder das cidades e acelerando do êxodo rural, e assim, a industrialização do Brasil proporcionou o desenvolvimento de uma economia diversificada e urbana (ALVES *et al.*, 2005). Segundo dados do IBGE (Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística), em 2020, o valor da produção agrícola do país atingiu R\$ 470,5 bilhões, 30,4% maior que em 2019 e a área plantada totalizou 83,4 milhões de hectares, 2,7% superior à do ano anterior. A produção de cereais, leguminosas e oleaginosas chegou a 255,4 milhões de toneladas, 5,0% maior que a de 2019.

Para Bustos *et al.* (2016) novas tecnologias agrícolas no Brasil, como a adoção de sementes de soja geneticamente modificadas, que proporciona menos trabalho por unidade de terra para produzir a mesma produção, e a introdução de uma segunda safra de milho (milho safrinha), que permite cultivar duas safras por ano, aumentando efetivamente a dotação de terra, permitiram mudanças técnicas na agricultura. Além destas novas tecnologias, outras surgiram e se tornaram cada vez mais úteis, a fim de se

obter melhores resultados de produção, como por exemplo a agricultura de precisão, o que inclui o uso do geoprocessamento, e a agricultura digital.

Como qualquer atividade econômica, a agricultura também teve que se adaptar às condições externas, e como parte desta adaptação a agricultura de precisão foi criada e disseminada. A agricultura de precisão começou a ser implementada no início da década de 1990 propositadamente para aumentar a lucratividade e reduzir o impacto ambiental (WALTER *et al.*, 2017). Esta nova forma de condução foi uma oportunidade para a agricultura se tornar um ambiente moderno e eficiente devido a combinação de tecnologia (KLEPACKI, 2020). Esse sistema de agricultura faz uso de várias tecnologias, como por exemplo, o geoprocessamento, o GPS (Global Positioning System) e o sensoriamento remoto.

A agricultura digital, também conhecida como Agricultura 4.0 (Agro 4.0), faz referência à Indústria 4.0, e utiliza métodos computacionais de alto desempenho. Conforme Basso e Antle (2020) a agricultura digital (DA) trata-se de um conjunto de tecnologias de informação geoespacial que integra sensores, análises e automação para monitorar, avaliar e gerenciar solo, recursos climáticos e genéticos no campo.

Atualmente há necessidade de que os setores agrícolas sejam inteligentes, e para isso, é preciso que a agricultura esteja munida de ferramentas e técnicas inovadoras, em especial, as tecnologias digitais, proporcionando o aumento da produção e produtividade a um custo executável e sustentável, o que inclui a agricultura digital e de precisão, softwares, robótica agrícola. Desta forma, este trabalho tem como objetivo mostrar a evolução tecnológica da área agrícola no Brasil.

Metodologia

Este trabalho baseia-se na metodologia sistemática de revisão de literatura narrativa e atual a respeito transformações e evolução da agricultura no Brasil e no mundo, o impacto que essas transformações trouxeram para economia e os benefícios e malefícios das novas tecnologias empregadas no setor agrícola.

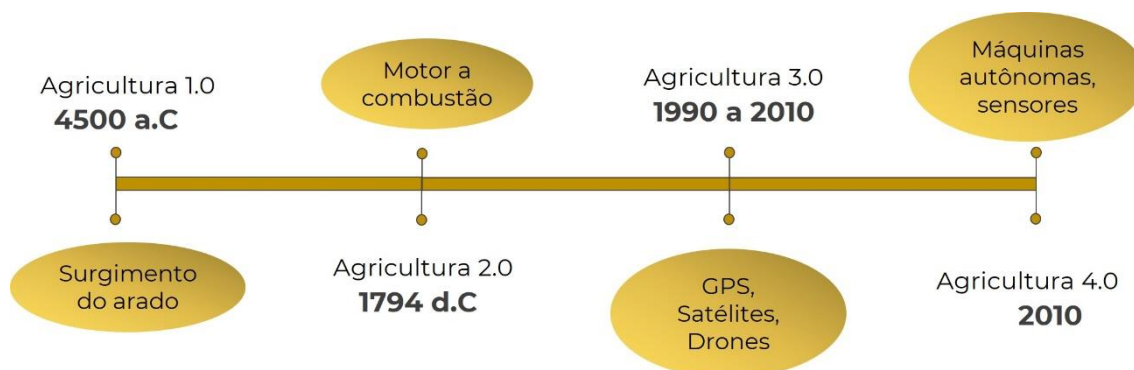
A pesquisa bibliográfica foi realizada a partir do levantamento de referências teóricas publicadas por meios das plataformas: Scientific Electronic Library Online (SciELO), Google acadêmico, Pubmed/NCBI. Foram utilizados os seguintes descritores: “precision agriculture”, “digital agriculture” “geoprocessing”, “remote sensing” “evolution of agriculture”, entre outros.

Os critérios de inclusão estabelecidos foram artigos que apresentaram estruturas textuais completas disponíveis na plataforma de pesquisa que atendiam o objetivo proposto pelo trabalho.

Resultados e Discussão

Os avanços da agricultura podem ser classificados em quatro fases, sendo elas a Agricultura 1.0 - Tração animal; Agricultura 2.0 - Tração com motor a combustão; Agricultura 3.0 - Sistemas guiados e Agricultura de Precisão; e Agricultura 4.0 - (Agricultura Digital) - Fazendas Conectadas, onde cada uma delas possuem características particulares que estão apresentadas de forma resumida na figura abaixo e de forma detalhada nos tópicos seguintes.

Figura 1. Evolução da agricultura.



Agricultura 1.0 – Mecanização: Tração animal

Mais conhecida como agricultura tradicional, a Agricultura 1.0 se caracteriza pelo desenvolvimento e utilização de equipamentos rudimentares como o arado de lâmina construído com madeira, uso de tração animal, baixo uso da tecnologia, baixa produtividade e produção agrícola de subsistência (SANTOS *et al.*, 2019). Este tipo de agricultura é utilizada por pequenos produtores, seja por questões culturais ou pela dificuldade de acesso as novas tecnologias, já que muitas delas são onerosas.

Agricultura 2.0 – Mecanização: Tração com motor a combustão

A Agricultura 2.0 teve início a partir do surgimento das máquinas com motor a combustão, que passaram a substituir a os equipamentos de tração animal. Esta fase a agricultura teve início após um dos marcos para a agricultura, que foi a chamada revolução verde, onde os sistemas de produção agropecuários sofreram grandes transformações com a introdução de novas tecnologias de fertilização, correção da acidez

do solo, irrigação, uso de pesticidas, novas cultivares, mecanização e outras tecnologias (TILMAN *et al.*, 2002). Conforme Santos (2019) nesta fase teve início a utilização de insumos, produção em larga escala e exportação dos produtos.

Agricultura 3.0 – Sistemas guiados e Agricultura de Precisão

Chamada de agricultura de precisão, a Agricultura 3.0 surgiu entre os anos de 1990 e 2010. Esta fase foi marcada pelo início da utilização do GPS na detecção da variação da produção dentro de um mesmo espaço produtivo, permitindo uma aplicação racional dos insumos (MIRANDA *et al.*, 2017). A agricultura de precisão se caracteriza por coletar informações da superfície terrestre através de um sensor remoto, com as radiações eletromagnéticas incidentes, que, junto com um software específico, é possível desenvolver cartas temáticas para um aproveitamento agrícola eficiente (REGHINI e CAVICHIOLI, 2020).

O GPS é uma das principais geotecnologias utilizadas na agricultura de precisão. De acordo com a Embrapa (2014) a geotecnologia se caracteriza por ser um conjunto de técnicas formadas por hardware (satélites, câmeras, computadores, GPS) e softwares capazes de armazenar e manipular informações, já o sensoriamento remoto trata-se da obtenção de informações por meio da análise de dados adquiridos por sensores remotos, exemplo dos satélites e aviões, drones. Esses sensores coletam energia de um dado objeto e converte em sinal apto a ser registrado, e assim é possível obter informações sobre ele.

A agricultura 3.0 foi responsável por viabilizar a utilização de tecnologias existentes e o surgimento de novas tecnologias, visando o aumento da produtividade e a redução dos custos a partir da redução da utilização de insumos e otimização da irrigação. Nesta perspectiva o geoprocessamento passou a ser utilizado como auxílio na tomada de decisões (MIRANDA *et al.*, 2017).

Agricultura de Precisão

Nos dias atuais, inovar é a palavra-chave para o desenvolvimento econômico, aumento da produtividade e competitividade do mercado nacional e global, de modo especial no setor agrícola, onde novas tecnologias têm permitido incremento da produção de forma sustentável. A agricultura do futuro, que inclui a agricultura de precisão e agricultura digital, surgiu na tentativa de incrementar a produtividade, extraindo o máximo de valor de cada etapa do ciclo de produção (BASSOI *et al.*, 2019) para enfrentar o desafio de produzir alimentos de forma sustentável e atender às demandas crescentes

da população, com previsão de crescimento de mais 2 bilhões até 2050 (UNITED NATIONS, 2019).

Agricultura de precisão, como o nome já sugere, trata-se do monitoramento das atividades agrícolas de forma mais precisa, através do uso de tecnologias. A AP é uma prática agrícola, que faz uso de tecnologia de informação baseada no princípio da variabilidade espacial e temporal, e é uma importante ferramenta para utilização eficiente dos recursos naturais e insumos agrícolas (ARTUZO *et al.*, 2017), sendo compreendida como um ciclo que tem início na coleta dos dados e posterior análises e interpretação dessas informações, geração das recomendações, aplicação no campo e avaliação dos resultados (GEBERS e ADAMCHUK, 2010).

No entanto, a utilização desta técnica ainda tem se restringido as grandes propriedades, pois sua utilização é onerosa. Para Basso e Antle (2020) os benefícios acarretados pela utilização das tecnologias são maiores em fazendas de grande porte, pois podem distribuir os custos fixos, e assim reduzir os custos de mão de obra por meio da automação.

Geoprocessamento

Os avanços das transformações tecnológicas, fizeram com que as organizações alterassem seu ambiente em diversos níveis, o que resultou em uma reestruturação dos sistemas de gestão adotados e análise da necessidade de utilização de tecnologias processuais (AUGUSTO *et al.*, 2012). Por muitos anos, a agricultura tradicional lidou com o manejo de culturas de modo desgastante, no entanto, a partir da utilização de novas tecnologias, como o uso de dados georreferenciados, concomitante ao armazenamento de informações em bancos de dados, foi possível realizar comparações precisas com dados anteriores e com o histórico da área analisada (REGHINI e CAVICHIOLI, 2020), permitindo a otimização nos processos produtivos das culturas.

Uma das técnicas que evoluiu na agricultura foi a geotecnologia, que faz uso de imagens obtidas por sensores orbitais, que abrange o espectro visível e invisível ao olho humano (GOMES *et al.*, 2021). Reghini e Cavichioli, 2020 definem geoprocessamento como um conjunto de tecnologias destinadas a coletar e tratar dados espaciais com um objetivo específico, e as atividades que envolvem o geoprocessamento são executadas pelos SIG sendo possível criar abstrações digitais do real, manejar e armazenar eficientemente dados, identificando o melhor relacionamento entre as variáveis espaciais e possibilita a criação de relatórios e mapas para a compreensão desses relacionamentos.

Fazem parte da geotecnologia o Processamento Digital de Imagens (PDI), a geoestatística e os SIG (Sistemas de Informações Geográficas).

O geoprocessamento junto com outras técnicas de mapeamento, como a topografia convencional, imagens de satélite, GPS, entre outras, é possível adquirir mapas temáticos e quantificar áreas de agricultura, pastagem, campo nativo, reflorestamentos e florestamentos, florestas nativas, fruticultura, áreas sujeitas a alagamento, açudes, barragens, áreas erodidas ou em processos, bem como outras formas de utilização (MOTTA e WATZLAWICK, 2000).

Agricultura 4.0 (Agricultura Digital) – Fazendas Conectadas

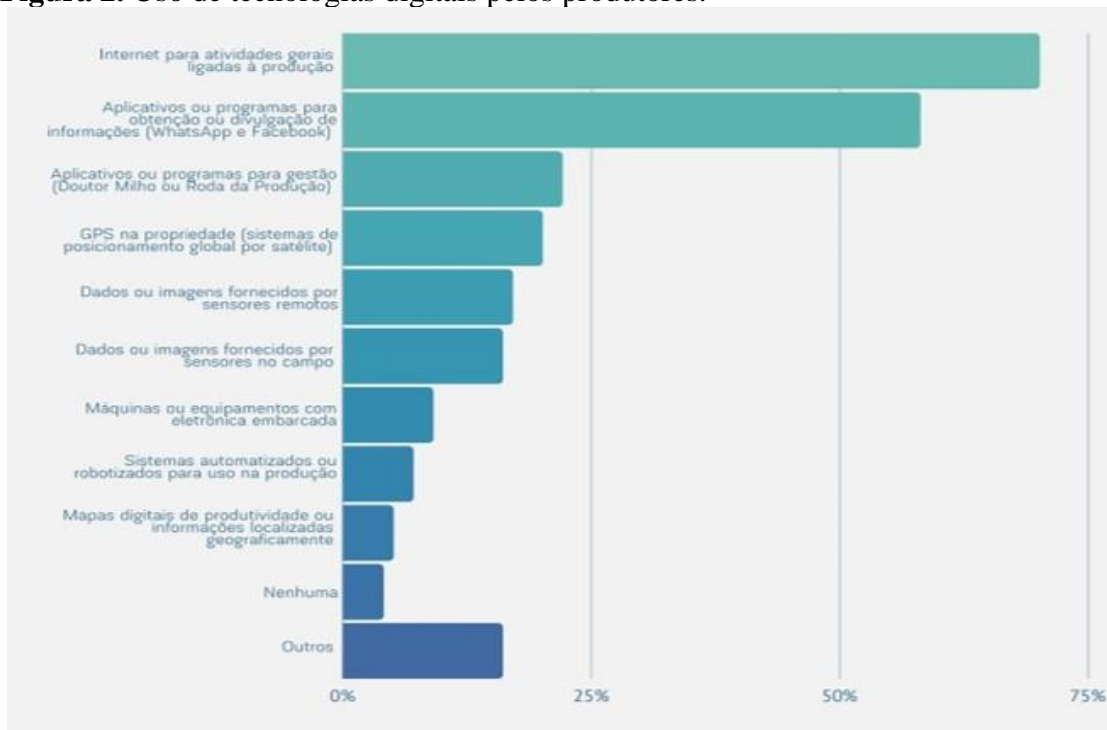
A Agricultura 4.0 surgiu a partir de 2010, incrementando as tecnologias da agricultura de precisão com conectividade e automação, utilizando veículos e máquinas autônomas, drones, sensores implantados em animais para alimentar uma central que processa os dados, permitindo assim uma tomada eficiente de decisões, conhecida como agricultura digital (MASSRUHÁ, 2016). Esse sistema de agricultura auxilia os produtores na tomada de decisões gerenciais no manejo das culturas, levando em conta a variabilidade espacial e temporal da lavoura para obter máximo retorno econômico e reduzir o impacto ambiental (INAMASU *et al.*, 2011).

O processo de produção deve integrar conhecimentos agronômicos, grandes bases de dados agrícolas (Big Data), tecnologias inovadoras de sensores, satélites, veículos aéreos não tripulados, máquinas e robôs autônomos, softwares e plataformas em nuvens (em geral, a disponibilidade de recursos computacionais, especialmente armazenamento e processamento, que dispensa o gerenciamento ativo direto do usuário final) (BASSOI *et al.*, 2019). A agricultura digital vai mais além da agricultura de precisão, pois estabelece as ações de gerenciamento, não apenas com base na localização do campo, mas também nos dados armazenados alimentado em tempo real (WOLFERT *et al.*, 2014).

Em uma entrevista com produtores rurais de diferentes setores produtivos, empresários e prestadores de agricultura digital no Brasil, realizada pela Embrapa Instrumentação (2020), foi obtido que 84% dos entrevistados utilizam ao menos uma tecnologia digital em seu processo produtivo, onde 70,4% faz uso da internet para atividades gerais ligadas à produção, 57,5% utilizam aplicativos de celular ou programa de computador para obtenção ou divulgação de informações da propriedade e produção (Figura 2). E as principais funções das tecnologias digitais utilizadas pelos agricultores são a obtenção de informações e planejamento das atividades da propriedade (66,1%),

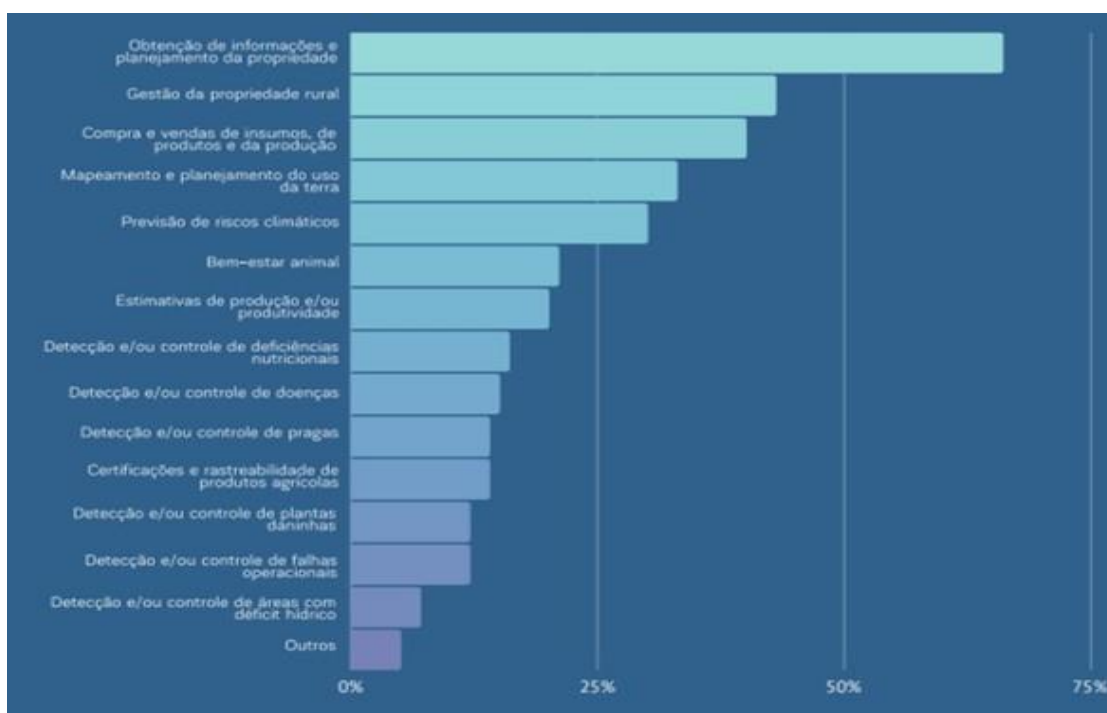
gestão de propriedade rural (43,3%), compra e venda de insumos, de produtos e da produção (40,5%), mapeamento e planejamento do uso da terra (32,7%) e a previsão de riscos climáticos (30,2) (Figura 3).

Figura 2. Uso de tecnologias digitais pelos produtores.



Fonte: Embrapa (2020).

Figura 3. Principais funções das tecnologias na agricultura digital.



Fonte: Embrapa (2020).

Vantagens e desvantagens das tecnologias na agricultura

Abaixo está elencado algumas das principais vantagens e desvantagens do uso de tecnologias na agricultura.

Vantagens:

- Aumenta a produtividade, pois auxilia o agricultor obter um melhor aproveitamento do solo e dos insumos, com menos recursos e maior qualidade, além disto, através dos dados fornecidos, o produtor consegue conhecer as particularidades da lavoura de forma mais exata, permitindo que a tomada de decisões seja mais fácil e eficiente.

- Otimização das atividades agrícolas nos processos que vão do plantio à colheita, pois ao conhecer os principais dados relacionados a área e as maquinarias, os produtores podem monitorar todos os processos, impedindo que ocorra repetição de aplicação de insumos, desperdício de água, entre outros pontos, evitando assim, custos desnecessários.

-Redução de custos;

Desvantagens:

- Alguns equipamentos necessitam de conexão de internet, o que pode ser um problema em algumas propriedades;

- O investimento muitas vezes é oneroso, o que reflete nos custos de produção;

- Falta de capacitação dos profissionais e mão de obra qualificada, pois muitas vezes a interpretação dos dados pode ser complexa, como foi relatada Basso e Antle (2020). Os autores citam que os desenvolvedores de algoritmos carecem de dados e ferramentas computacionais necessárias para converter informações geoespaciais complexas, visto que a interpretação errada e o uso indevido de dados ocasionam em negativas consequência.

Considerações finais

A agricultura, desde sua existência, passou por transformações a fim de obter bons resultados de produção e produtividade. Para acompanhar o desenvolvimento econômico, o setor agrícola teve que adotar o uso de novas técnicas e tecnologias como o GPS, robótica, softwares, entre outros.

As inovações tecnológicas nas diferentes fases de agricultura foram de suma importância e determinantes para fazer com que a agricultura chegasse ao patamar que se encontra hoje.

Referências

ALVES E.; CONTINI, E.; HAINZELIN, E. Transformações da agricultura brasileira e pesquisa agropecuária. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 22, n. 1, p. 37-51, 2005.

ARTUZO, F. D.; FOGUESATTO, C. R.; SILVA, L. X. Agricultura de precisão: inovação para a produção mundial de alimentos e otimização de insumos agrícolas. **Revista Tecnologia e Sociedade**, v. 13, n. 29, p. 146-161, 2017.

AUGUSTO, C. A.; TAKAHASHI, L. Y.; SACHUK, M. Y. A influência da inovação tecnológica na competitividade e nas relações de trabalho em usinas de açúcar e álcool paranaenses. **Organizações Rurais & Agroindustriais**, v. 14, n. 1, p. 1-14, 2012.

BASSO, B.; ANTLE, J. Digital agriculture to design sustainable agricultural systems. **Nature Sustainability**, v. 3, n. 4, p. 254-256, 2020.

BASSOI, L. H.; INAMASU, R. Y.; BERNARDI, A. D. C.; VAZ, C. M. P.; SPERANZA, E. A.; CRUVINEL, P. E. Agricultura de precisão e agricultura digital. **Revista Digital de Tecnologias Cognitivas**, n. 20, p. 17-36, 2019.

BUSTOS, P.; CAPRETTINI, B.; PONTICELLI, J. Agricultural productivity and structural transformation: Evidence from Brazil. **American Economic Review**, v. 106, n. 6, p. 1320-65, 2016.

CASTANHO, R. B.; TEIXEIRA, M. E. S. A evolução da agricultura no mundo: da gênese até os dias atuais. **Brazilian Geographical Journal**, v. 8, n. 1, p. 136-146, 2017.

EMBRAPA. **Agropecuária, Geotecnologias e Geoinformação: O produtor pergunta, a Embrapa responde. 2014.** Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/107363/1/500P-Geotecnologias-e-geoinformacao-ed01-2014.pdf>>. Acesso em: 10 out 2021

EMBRAPA. **Agricultura Digital no Brasil – Tendências, Desafios e Oportunidades. 2020.** Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1127064/agricultura-digital-no-brasil-tendencias-desafios-e-oportunidades-resultados-de-pesquisa-online>>. Acesso em: 10 out 2021

GEBERS R., VIACHESLAV A. 2010. Precision agriculture and food security. **Science**, v. 327, n. 5967, p. 828-831, 2010.

GOMES, D.S.; SANTOS, S. K.; SILVA, J. H. C. S.; SANTOS, T.M.; SILVA, E. V.; BARBOSA, A.S. CO₂flux e temperatura da superfície edáfica em áreas de caatinga. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 14, n. 04, p. 1898-1908, 2021.

INAMASU, R. Y. *et al.* Agricultura de precisão para a sustentabilidade de sistemas produtivos do agronegócio brasileiro. In: Inamasu, R.Y. *et al.* **Agricultura de precisão: um novo olhar**. São Carlos: Embrapa Instrumentação, 2011, p. 14-26.

KLEPACKI, B. Precision farming as an element of the 4.0 industry economy. **Annals of the Polish Association of Agricultural and Agrobusiness Economists**, v. 22, n. 3, p. 119-128, 2020.

MASSRUHÁ, S. M. F. S.; LEITE, M. A. A. Agricultura digital. **Revista Eletrônica Competências Digitais para Agricultura Familiar**, v. 2, n. 1, p. 72-88, 2016.

MAZOYER, M.; ROUDART, L. **História das agriculturas no mundo do neolítico à crise contemporânea**. São Paulo: Unesp, 2010. 569p.

IRANDA, A. C. C.; VERÍSSIMO, A. M.; CEOLIN, A. C. Agricultura de Precisão: Um mapeamento da base da Scielo. **Revista Eletrônica de Gestão Organizacional**, v. 15, p. 129-137. 2017.

MOTTA, J. L. G.; WATZLAWICK, L. F. **A importância do Geoprocessamento no Planejamento Rural. MundoGEO, 2000**. Disponível em: <<https://mundogeo.com/2000/02/02/a-importancia-do-geoprocessamento-no-planejamento-rural>>. Acesso em: 10 out 2021.

REGHINI, F. L.; CAVICHIOLI, F. A. Utilização de geoprocessamento na agricultura de precisão. **Revista Interface Tecnológica**, v. 17, n. 1, p. 329-339, 2020.

SANTOS, A. O.; CAVICHIOLI, F. A.; SOARES, N. M.; CLAUDINO, T. S. Agricultura 4.0. **Revista Pesquisa e Ação**, v. 5, n. 4, p. 122-131, 2019.

SANTOS, R. F. O crédito rural na modernização da agricultura brasileira. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 26, n. 4, p. 393-404, 2019.

TILMAN, D.; CASSMAN, K. G.; MATSON, P. A.; NAYLOR, R.; POLASKY, S. Agricultural sustainability and intensive production practices. **Nature**, v. 418, p. 671-677, 2002.

UNITED NATIONS. 2019. **Growing at a slower pace, world population is expected to reach 9.7 billion in 2050 and could peak at nearly 11 billion around 2010**. Disponível em: < <https://www.un.org/development/desa/en/news/population/world-population-prospects-2019.html> >. Acesso em 07 Out 2021.

WALTER, A.; FINGER, R.; HUBER, R.; BUCHMANN, N. Smart farming is key to developing sustainable agriculture. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, n. 24, p. 6148-6150, 2017.

WOLFERT, S.; GOENSE, D.; SØRENSEN, C. A. G. A Future Internet Collaboration Platform for Safe and Healthy Food from Farm to Fork. In Proceedings of the 2014 Annual SRII Global Conference, San Jose, CA, USA, 23–25 April 2014; pp. 266–273.

CAPÍTULO 3

MANEJO AGRÍCOLA DA BIODIVERSIDADE VEGETAL NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

AGRICULTURAL MANAGEMENT OF PLANT BIODIVERSITY IN THE BRAZILIAN SEMIARID

Caio Henrique Nobre da Silva

Universidade Estadual da Paraíba, Departamento de Agroecologia e Agropecuária,
Lagoa Seca-PB

<http://lattes.cnpq.br/0530028010258149>

Semirames do Nascimento Silva

Universidade Estadual da Paraíba, Departamento de Ciências Agrárias e Agroecologia,
Lagoa Seca-PB

<http://lattes.cnpq.br/7040371743984962>

Carlos Alberto Lins Cassimiro

Instituto Nacional do Semiárido (INSA), Campina Grande-PB

<http://lattes.cnpq.br/5925647884672173>

Leonardo Afonso Pereira da Silva Filho

Universidade Estadual da Paraíba, Departamento de Agroecologia e Agropecuária,
Lagoa Seca-PB

<http://lattes.cnpq.br/6288366170991271>

Luís Paulo Firmino Romão da Silva

Universidade Federal de Campina Grande, Departamento de Engenharia Agrícola,
Campina Grande-PB

<http://lattes.cnpq.br/2233147510594978>

Resumo

A biodiversidade brasileira apresenta exclusividades, dentre elas, a presença de um bioma inteiramente restrito ao território nacional, a Caatinga, constituída de um complexo vegetal muito rico em espécies lenhosas e herbáceas, caducifólias e anuais. A biodiversidade da Caatinga tem grande potencial para ser explorada de forma sustentável, ampliando a sua contribuição para o desenvolvimento econômico, ambiental e social do semiárido nordestino. Dado o exposto, tem-se como apresentar as atividades técnicas

realizadas durante o estágio supervisionado obrigatório do curso Técnico em Agropecuária no Núcleo de Biodiversidade Vegetal do Instituto Nacional do Semiárido – INSA contribuindo com a conservação da biodiversidade vegetal no semiárido brasileiro. As atividades foram realizadas no período de 09 de agosto a 8 de outubro de 2021, no Núcleo de Biodiversidade Vegetal do Instituto Nacional do Semiárido – INSA. As atividades desenvolvidas constaram da produção de adubo por meio da compostagem para adubação de plantas na casa de vegetação e no campo experimental; condução de experimentos para quebra de dormência em sementes de maniçoba; produção de mudas de mutre por estacas para finalidade apícola; manejo e implantação de áreas para fins apícolas e manutenção do Cactário Guimarães Duque por meio do manejo agrícola (irrigação, adubação, propagação, controle de pragas e doenças), conservação e limpeza da estrutura física do cactário, bem como do seu entorno (coleções expositiva e científica, mantidas dentro do cactário, no campo e nas jardineiras próximas). O manejo agrícola adotado com aplicação de tratamentos culturais visando à manutenção do cactário é essencial para que as plantas se desenvolvam e assim seja possível conservar as espécies de importância para o bioma Caatinga.

Palavras-Chave: caatinga. conservação. plantas. produção vegetal.

Abstract

The Brazilian biodiversity presents unique features, among them, the presence of a biome entirely restricted to the national territory, the Caatinga, consisting of a plant complex very rich in woody and herbaceous, deciduous and annual species. The biodiversity of the Caatinga has great potential to be explored in a sustainable way, increasing its contribution to the economic, environmental and social development of the semi-arid northeastern region. Given the above, we present the technical activities performed during the mandatory supervised internship of the Technical Course in Animal Husbandry at the Plant Biodiversity Center of the National Institute of the Semi-arid - INSA, contributing to the conservation of plant biodiversity in the Brazilian semi-arid region. The activities were carried out in the period from August 09 to October 08, 2021, at the Plant Biodiversity Center of the National Institute of the Semi-arid - INSA. The developed activities consisted of the production of fertilizer through composting for fertilizing plants in the greenhouse and in the experimental field; conducting experiments for breaking dormancy in manioc seeds; production of mutre seedlings by cuttings for beekeeping purposes; management and implementation of areas for beekeeping purposes and maintenance of the Guimarães Duque Cactarium through agricultural management (irrigation, fertilization, propagation, pest and disease control), conservation and cleaning of the physical structure of the cactarium, as well as its surroundings (scientific and exhibition collections, kept inside the cactarium, in the field and in the planters nearby). The agricultural management adopted with the application of cultural treatments aimed at maintaining the cactarium is essential for the plants to develop and thus it is possible to conserve the species of importance to the Caatinga biome.

Keywords: caatinga. conservation. plants. vegetal production.

Introdução

A biodiversidade brasileira é considerada como uma das maiores do planeta devido, principalmente, a sua variedade de biomas que reflete a enorme riqueza da fauna e flora. Estes apresentam peculiaridades que definem e distinguem cada bioma. Neste caso, é fundamental entender o funcionamento de cada um para que a diversidade biológica seja preservada. Nesse sentido, mudar a percepção sobre a conservação dos ecossistemas brasileiros torna-se essencial e só é possível por meio da disseminação de conhecimento (PEIXOTO; LUZ; BRITO, 2016).

Além de rica, a biodiversidade brasileira apresenta exclusividades, dentre elas, a presença de um bioma inteiramente restrito ao território nacional, a Caatinga. É um bioma que se concentra na região Nordeste do Brasil, ocupando cerca de 13% do território nacional. Botanicamente, a caatinga constitui um complexo vegetal muito rico em espécies lenhosas e herbáceas, caducifólias e anuais. Esse ecossistema é muito importante

do ponto de vista biológico, por ser de distribuição totalmente brasileira. As regiões deste bioma no Nordeste abrangem diferentes domínios, caracterizados por padrões morfoclimáticos distintos identificados pelo volume e variabilidade das chuvas, maior ou menor fertilidade dos solos, tipos de rochas e o relevo do terreno (VILELA; CALEGARO; FERNANDES, 2019).

O bioma Caatinga possui uma grande variedade de espécies em sua fauna e flora, tais recursos têm grande potencial para ser explorado, ampliando a sua contribuição para o desenvolvimento econômico e social da região Nordeste, não só por meio do fornecimento de energia, como também de outros bens e serviços fundamentais para a melhoria da qualidade de vida da população. Todavia, a biodiversidade da Caatinga vem reduzindo gradualmente, especialmente devido ao uso inapropriado dos recursos naturais (ALVES; SILVA; VASCONCELOS, 2009).

Com o intuito de proporcionar um novo olhar para este ambiente, torna-se fundamental a introdução de novos conceitos. O desenvolvimento sustentável surge como um modelo que possibilita conciliar a relação do ser humano com a natureza e as relações desses entre si (CAMARGO, 2003). Logo, o desenvolvimento sustentável busca atuar em várias esferas, como a econômica, social e ambiental, buscando novas práticas de manejo que otimizem a relação dos seres humanos com a natureza e assim proporcionar uma fonte de renda para o produtor rural (MENEZES; SOUZA, 2011).

O Técnico em Agropecuária exerce papel fundamental nesse sentido, pois atua prestando assistência, orientando diretamente produtores sobre o manejo sustentável da produção vegetal, analisando as características econômicas, sociais e ambientais, de forma sistemática para atender às necessidades de organização e produção dos diversos segmentos da agropecuária, visando à qualidade e à sustentabilidade ambiental. E para adquirir essas competências e habilidades profissionais, complementarmente, a teoria obtida nas aulas, o estudante do curso Técnico em Agropecuária deve realizar o estágio supervisionado, sendo etapa imprescindível para esse processo de aprendizagem e formação.

Em virtude do exposto anteriormente, o presente relatório de estágio apresenta as atividades técnicas realizadas durante o estágio supervisionado obrigatório do curso Técnico em Agropecuária da Universidade Estadual da Paraíba Campus II no Núcleo de Biodiversidade Vegetal do Instituto Nacional do Semiárido – INSA, instituição essa que tem contribuído para o desenvolvimento sustentável do semiárido ao promover o desenvolvimento científico e tecnológico e a integração dos polos socioeconômicos e

ecossistemas estratégicos da região do semiárido brasileiro, bem como realizando, executando e divulgando estudos e pesquisas na área de desenvolvimento científico e tecnológico para o fortalecimento do desenvolvimento sustentável da região.

Portanto, teve-se como objetivo apresentar atividades técnicas realizadas durante o estágio supervisionado obrigatório do curso Técnico em Agropecuária no Núcleo de Biodiversidade Vegetal do Instituto Nacional do Semiárido – INSA contribuindo com a conservação da biodiversidade vegetal no semiárido brasileiro.

Metodologia

Local de realização

O trabalho foi realizado no período de 09 de agosto a 8 de outubro de 2021, no Núcleo de Biodiversidade Vegetal do Instituto Nacional do Semiárido – INSA, totalizando 200 h (Figura 1). As atividades técnicas desenvolvidas constaram da produção de adubo por meio da compostagem para adubação de plantas na casa de vegetação e no campo experimental; manejo e implantação de áreas para fins apícolas; condução de experimentos para quebra de dormência em sementes de maniçoba (*Manihot pseudoglaziovii*); produção de mudas de mutre (*Aloysia virgata*) por estacas para finalidade apícola, implantação de canteiros econômicos e manutenção do Cactário Guimarães Duque por meio do manejo agrícola (irrigação, adubação, propagação, controle de pragas e doenças), conservação e limpeza da estrutura física do cactário, bem como do seu entorno (coleções expositiva e científica, mantidas dentro do cactário, no campo e nas jardineiras próximas).

Figura 1: Instituto Nacional do Semiárido – INSA.



Fonte: INSA (2021).

Em relação ao atual cenário de pandemia da COVID-19, foram tomadas todas as medidas de segurança como o uso de máscaras, álcool em gel e distanciamento, respeitando os protocolos de segurança do INSA e da UEPB. Além de todos esses cuidados, o estágio só foi iniciado após a primeira dose da vacina.

Resultados e Discussão

Produção de adubo por meio da compostagem

A compostagem é um processo biológico que consiste em dar novas finalidades aos resíduos orgânicos que iriam ser descartados. Nesse processo, organismos transformam restos de materiais, em húmus contribuindo para a preservação do meio ambiente, além de auxiliar em processos agrícolas (PEREIRA NETO, 1996).

Considerando a importância da compostagem na produção vegetal, em agosto de 2021, foi confeccionada uma composteira, com o intuito de utilizar o composto final como substrato para a manutenção das plantas do cactário e em campo, e para a produção de mudas. Foram utilizados como materiais o esterco de ovino proveniente do núcleo de produção animal, solo e matéria orgânica (restos vegetais: palhada, folhas, capim) disponíveis no INSA (Figura 2).

Figura 2: Coleta de materiais para compostagem.



Fonte: Autoria própria (2021).

A composteira foi confeccionada na área destinada para a implantação de plantas para fins apícolas, foi aberta uma vala no solo e o material foi depositado em camadas,

seguindo a esta ordem: esterco de ovino, matéria orgânica, solo e água, conforme a Figura 3.

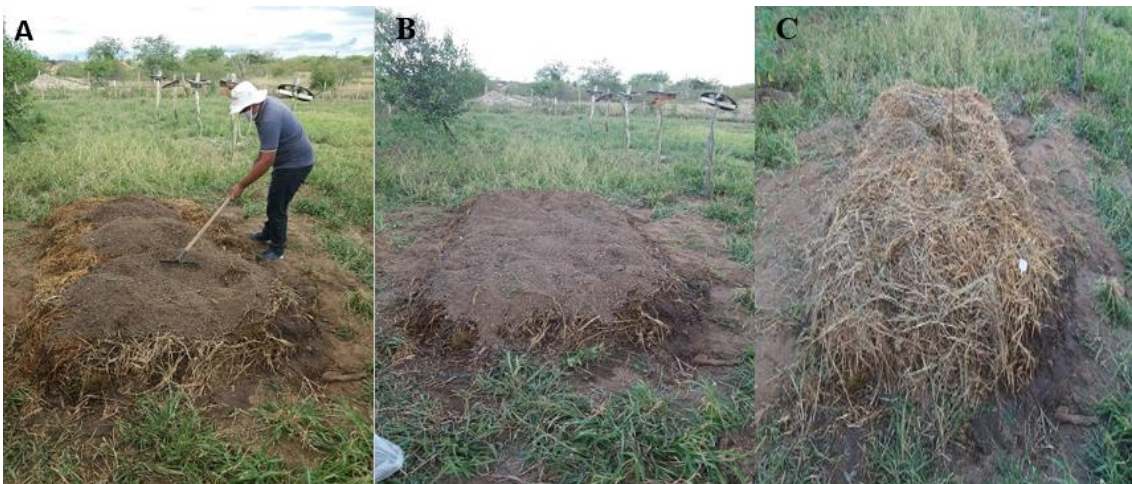
Figura 3: A) esterco ovino; B) matéria orgânica e C) solo e rega.



Fonte: Autoria própria (2021).

O material foi depositado em camadas e no final do processo, a composteira foi coberta por uma cobertura morta de acordo com a figura a seguir (Figura 4).

Figura 4. A) deposição do material em camadas; B) pilha de compostagem e C) cobertura morta.



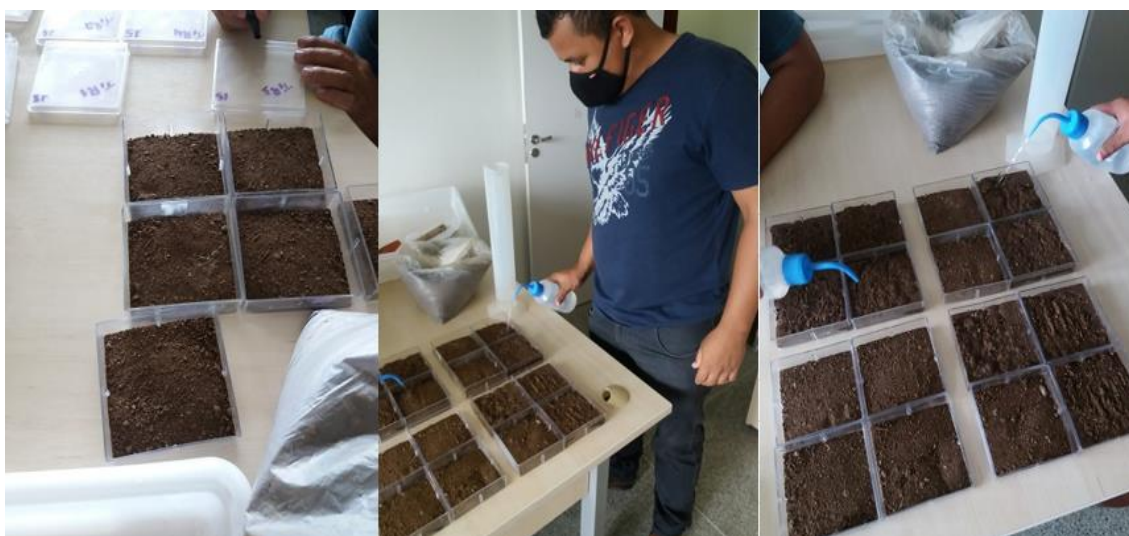
Fonte: Autoria própria (2021).

Após um período de 30 dias foi realizado a remoção da compostagem, onde a mesma vai permanecer por mais 30 dias em maturação para assim ser usada como substrato.

Superação de dormência em sementes de Maniçoba (*Manihot caerulescens*)

A dormência de sementes é um importante mecanismo de sobrevivência das espécies vegetais e que garante a propagação da mesma em ambiente natural. No quesito produção de mudas, essa característica é um fator limitante, pois prejudica a uniformidade das plantas. O objetivo deste trabalho foi identificar o método mais eficiente para superação de dormência em sementes da espécie *Manihot caerulescens*, muito utilizado como cardápio forrageiro na pecuária (Figura 5).

Figura 5: Preparação de substrato para experimento sobre superação de dormência em sementes de maniçoba.



Fonte: Autoria própria (2021).

O experimento foi realizado no Instituto Nacional do Semiárido (INSA), usando o delineamento experimental inteiramente casualizado, com quatro tratamentos e nove repetições: (T1: imersão em água; T2: Imersão em água a 100 °C; T3: Escarificação mecânica e T4: Semente sem tratamento - Testemunha) (Figura 6). O experimento está sendo conduzido em câmara de germinação BOD, o mesmo ainda se encontra em fase de execução e serão avaliados índice de velocidade de germinação (IGV) e a porcentagem de germinação (G%).

Figura 6: Condução do experimento superação de dormência em sementes de maniçoba.



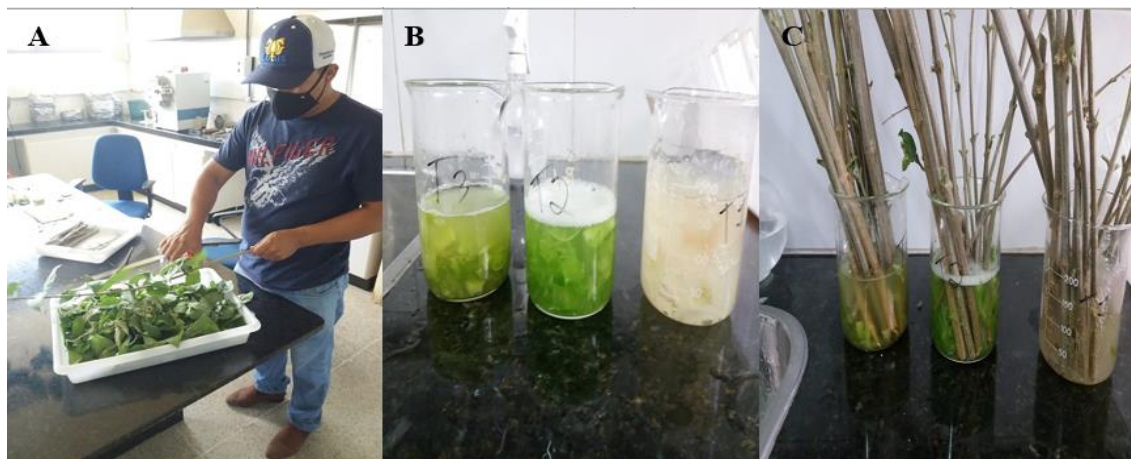
Fonte: Autoria própria (2021).

Uso de enraizadores naturais na produção de mudas de Mutre (*Aloysia virgata*)

Quando se fala em enraizadores ou enraizantes, trata-se de nomes dados a compostos líquidos que estimulam o surgimento e o crescimento das raízes principais e um maior número de raízes secundárias. Algumas espécies de plantas não enraízam facilmente por estaquia o que faz com que a propagação vegetativa tenha muitos complicadores exigindo a utilização de enraizadores sintéticos (BARBOSA, 2019). Neste sentido, os enraizantes naturais, biológicos ou ecológicos são as opções caseiras aos enraizantes convencionais químicos, industrializados, que não possuem um custo acessível.

O objetivo desta atividade foi avaliar enraizadores naturais produzidos a partir de três espécies vegetais, sendo elas: Babosa (*Aloe vera*), Mandacaru (*Cereus jamacaru*) e Palma (*Opuntia ficus-indica*) para a produção de mudas por estaquia da espécie vegetal Mutre (*Aloysia virgata*) (Figura 7). O estudo está sendo desenvolvido no Instituto Nacional do Semiárido desde o mês de janeiro e se estende até dezembro de 2021.

Figura 7: A) preparação de estacas; B) extratos e C) mergulho das estacas nos extratos.



Fonte: Autoria própria (2021).

O delineamento experimental adotado é o inteiramente casualizado, em esquema fatorial (3 x 2) sendo os tratamentos constituídos por extratos das espécies de babosa, mandacaru e palma e pelos diâmetros das estacas (D1: 3 cm; D2: 6 cm; 25; 50; 75 e 100% dos extratos) e quatro repetições, totalizando 40 unidades experimentais (Figura 8). Estão sendo avaliados: sobrevivência em percentagem; brotação em percentagem; número de brotações a partir de contagem visual e comprimento de raízes e presença de calos a partir do sorteio de uma planta em cada repetição.

Figura 8: A) preparo de substrato; B) plantio das estacas e C) experimento instalado.



Fonte: Autoria própria (2021).

Implantação de canteiros econômicos

Os canteiros econômicos trata-se de um método simples, barato e de fácil manutenção, em que a água é adicionada por baixo do solo, através de um sistema

composto por lona (impermeabilização), cano de pvc e telhas de barro. Como a irrigação é direto na raiz da planta, o volume de água é reduzido e a perda para a evaporação é mínima. Os canteiros foram construídos na área do cactário para cultivo de espécies vegetais da Caatinga.

A construção dos canteiros iniciou-se com a impermeabilização do fundo com lona, a fim de não permitir a perda de água por infiltração, seguida da montagem do sistema de irrigação subsuperficial, no qual se utilizaram dois canos de 35 mm, perfurados lateralmente, com um diâmetro de 3 mm, a uma distância de 0,20 m, no sentido longitudinal do canteiro. A opção de colocar dois canos de 35 mm foi uma adaptação de Oliveira Filho *et al.* (2020), ao observar que ao instalar os canteiros econômicos com um cano central (uso padrão), não proporcionava molhabilidade homogênea, afetando a produção vegetal, a partir desta observação, colocaram-se dois canos, tornando mais eficiente a distribuição da água. Em seguida, foram cobertos com telhas de cerâmica e, também, foi acoplado uma área de carga de água, com canos de 50 mm, em uma das extremidades do canteiro (Figura 09).

Figura 9: A) preparação dos canteiros; B) nivelamento dos canteiros e C) instalação.



Fonte: Autoria própria (2021).

Implantação e manejo de áreas para fins apícolas

Como o grupo de polinizadores mais importante do mundo, as abelhas têm uma função crucial na produção agrícola e no funcionamento dos ecossistemas naturais. As estratégias de segurança alimentar em todo o mundo poderiam se beneficiar da inclusão da polinização trazendo expressivos ganhos às populações (GARIBALDI *et al.*, 2016). A utilização de abelhas constitui-se em um recurso de desenvolvimento sustentável,

pesquisa e preservação visando repovoar espécies vegetais pouco numerosas em determinado lugar. À medida que as abelhas promovem a flora, elas são beneficiadas por utilizarem diretamente as cavidades pré-existentes em troncos ou galhos de árvores ou, indiretamente, em cavidades de cupinzeiros presentes em espécies vegetais (FERREIRA *et al.*, 2021).

Sabendo da importância das abelhas para o desenvolvimento sustentável do semiárido, o Instituto Nacional do Semiárido está iniciando um projeto de criação de abelhas Canudo, Jandaíra, Manduri e Cupira. As abelhas Canudo são abelhas bastante defensivas e possuem a entrada da colmeia em forma de canudo que dá o nome popular a *Scaptotrigona depilis*. Possuem como característica marcante a sua defensividade. Portanto, para o manejo desta abelha deve se proteger com roupas apropriadas, principalmente, a região da cabeça. O mel produzido é muito saboroso e rico em propriedades medicinais, por isso, essas possuem uma ótima produção de mel. A abelha Jandaíra (*Melipona subnitida*) se distribui em estados que abrigam o bioma Caatinga, a região do Pantanal e, também, manchas da Mata Atlântica. A espécie não possui ferrão e, por isso, é dócil e pode ser criada em jardins, sem a necessidade de um manejo complexo, que dispensa o uso de macacões, fumegadores e outros equipamentos (CPT, 2021).

As abelhas Manduri são conhecidas por serem uma das menores abelhas do gênero *Melipona* e, também, por serem um pouco agressivas e produzirem um mel muito saboroso. A Manduri habita naturalmente regiões da caatinga brasileira, é uma abelha sem ferrão, considerada como uma das mais sensíveis aos processos de degradação e descontinuação dos habitats. A Cupira (*Partamona cupira*) é uma das espécies de abelhas nativas presentes no bioma Caatinga, adaptada ao semiárido. Essas abelhas são conhecidas como os melhores indicadores ambientais por necessitarem das plantas tanto para a alimentação quanto para a construção de seus ninhos (FERREIRA *et al.*, 2021). A implantação das áreas apícolas está em andamento, mas na Figura 10 pode-se verificar o andamento desta atividade.

Figura 10: Implantação de áreas para fins apícolas.



Fonte: Autoria própria (2021).

Manutenção do Cactário Guimarães Duque

Considerado como referência para o desenvolvimento dos projetos de pesquisa do núcleo de Biodiversidade Vegetal e também como sendo a principal estratégia de conservação *ex situ* da diversidade de Cactaceae, o Cactário Guimarães Duque, criado em 2014, nasceu da iniciativa do Instituto Nacional do Semiárido (INSA/MCTIC), em fortalecer os estudos sobre as cactáceas e garantir sua conservação. Desde o seu surgimento, foram realizadas coletas em diversos estados do semiárido brasileiro (SAB), e hoje o Cactário possui um grande acervo de espécies de cactos e outras suculentas, sendo em sua maioria, nativas da região (Figura 11).

O Cactário Guimarães Duque atua na garantia da sobrevivência das espécies vegetais, especialmente da Caatinga, e no suporte às áreas de pesquisa do INSA, pois possibilita testar e ajustar novas estratégias de manutenção do acervo vivo, com todos os critérios estabelecidos pela experimentação agrícola.

Figura 11: Manutenção do Cactário Guimarães Duque.



Fonte: Autoria própria (2021).

Na manutenção do cactário foram adotadas técnicas agrônômicas e agroecológicas relacionadas à adubação e fertilidade do solo, manejo fitopatológico, propagação e irrigação, com os devidos ajustes, de acordo com a fisiologia das plantas e as condições ambientais locais. Essas práticas proporcionam as melhores condições para o crescimento e desenvolvimento das plantas, portanto, é necessária a execução de diversos tratamentos culturais já que são necessários para que a cultura possa manifestar o seu potencial de produção, produtividade. Os tratamentos culturais adotados durante o manejo do cactário são práticas que proporcionam melhores condições para o crescimento e desenvolvimento das plantas. Em períodos de temperatura elevada, principalmente, quando se realiza a adubação de cobertura e a irrigação com maior frequência, as plantas têm crescimento acelerado e cobrem rapidamente o solo. O manejo adequado é necessário para manter o terreno como um meio adequado ao crescimento e desenvolvimento das plantas, porém, está associado às condições ambientais, principalmente, os fatores climáticos.

Considerações Finais

O manejo agrícola adotado com aplicação de tratamentos culturais visando à manutenção do cactário é essencial para que as plantas se desenvolvam melhor e assim seja possível conservar as espécies de importância para o bioma Caatinga. Esse bioma

que tem uma importância fundamental para a biodiversidade do planeta, pois 33% de sua vegetação e 15% de seus animais são espécies exclusivas (endêmicas), que não existem em nenhuma outra parte do mundo. Dessa forma, destaca-se a importância dos trabalhos e serviços desenvolvidos pelo Instituto Nacional do Semiárido para conservação dos recursos vegetais do semiárido brasileiro.

Foi possível uma troca significativa de conhecimentos práticos e teóricos dentro da instituição (INSA), favorecendo para um ótimo desempenho das atividades previstas no estágio supervisionado, como também, das não previstas. Além do aprendizado técnico-científico e prático, também foi possível um crescimento do caráter profissional e pessoal de grande valia para abertura de novas experiências.

Referências

ALVES, L. I. F.; SILVA, M. M. P.; VASCONCELOS, K. J. C. Visão de comunidades rurais em Juazeirinho/PB referente à extinção da biodiversidade da caatinga. **Revista Caatinga**, v. 22, n. 1, p. 180-186, 2009.

BARBOSA, E. S. **Uso de enraizadores naturais caseiros na produção de mudas de *Hibiscus spp.*** 2019. 21. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2019.

CAMARGO, A. L. B. **Desenvolvimento sustentável: Dimensões e desafios.** Campinas, SP: Papyrus, 2003.

CPT. Centro de Produções Técnicas. **Abelhas sem ferrão.** Disponível em: <https://www.cpt.com.br/cursos-criacaodeabelhas/artigos/abelhas-sem-ferrao-manduri-melipona-marginata>. Acesso em: 01 out. 2021.

FERREIRA, R. C. C.; AQUINO, I. S.; VITAL, A. F. M.; SILVA, A. B. C.; BARBOSA, A. S. Observações preliminares sobre a nidificação da abelha cupira (*Partamona cupira* Smith) no bioma Caatinga. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 7, p. e58610716956, 2021.

GARIBALDI, L.; CARVALHEIRO, L. G.; VAISSIÈRE, B. E.; ZHANG, H. Mutually beneficial pollinator diversity and crop yield outcomes in small and large farms. **Science**, v. 351, n. 6271, p. 388-391, 2016.

INSA. Instituto Nacional do Semiárido. **Sobre o INSA.** Disponível em: <https://www.gov.br/mcti/pt-br/rede-mcti/insa>. Acesso em: 25 set. 2021.

MENEZES, R.; SOUZA, B. I. Manejo Sustentável dos recursos naturais em uma comunidade rural do semi-árido nordestino. **Cadernos do Logepa**, v. 6, n. 1, p. 41-57, 2011.

OLIVEIRA FILHO, F. S.; CASSIMIRO, C. A. L.; SILVA, V.; ALENCAR, L. V. C.; SANTOS, P. A.; SIQUEIRA, E. C.; SANTOS, S.F.; MELO, W. F. Canteiros econômicos em água para o cultivo de hortaliças: Uma estratégia de terapia ocupacional e de segurança alimentar no abrigo de idosos (as) 'A Casa do Caminho'. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, p. 4566-4576, 2020.

PEIXOTO, A. L.; BARBOSA M. R. V.; MENEZES, M.; MAIA L. C. (Org.). **Diretrizes e Estratégias para a modernização de coleções biológicas brasileiras e a consolidação de sistemas integrados de informação sobre biodiversidade**. Brasília: Centro de Gestão e Estudos Estratégicos/Ministério da Ciência e Tecnologia, 2006. 324p.

PEIXOTO, A. L.; LUZ, J. R. P.; BRITO, M. A. **Conhecendo a Biodiversidade**. Brasília: MCTIC, CNPq, PPBio, 2016, p.102.

PEREIRA NETO, J. T. **Manual de Compostagem**. Belo Horizonte. UNICEF. 1996. 56 p.

VILELA, E. F.; CALLEGARO, G. M.; FERNANDES, G. W. **Biomass e agricultura: oportunidades e desafios**. Rio de Janeiro: Vertente edições, 2019. 304p.

CAPÍTULO 4

UTILIZAÇÃO DOS REMINERALIZADORES NA AGRICULTURA

USE OF REMINERALIZERS IN AGRICULTURE

Rodrigo de Moraes Galarza

Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS

<http://lattes.cnpq.br/2651282984536399>

Gustavo Kruger Gonçalves

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Santana do Livramento-RS

<http://lattes.cnpq.br/1351965233555858>

Marco Aurelio Torres Rodrigues

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Santana do Livramento-RS

<http://lattes.cnpq.br/6189509529790884>

Paulo Elias Borges Rodrigues

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Santana do Livramento-RS

<http://lattes.cnpq.br/3459486918715145>

Michelle da Luz Munhoz

Universidade Federal de Pelotas, Pelotas-RS

<http://lattes.cnpq.br/5126070910721793>

Vitor Birck

Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS

<http://lattes.cnpq.br/1596193176899680>

Lenize Dornelles Gomes

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Santana do Livramento-RS

<http://lattes.cnpq.br/3577673963205140>

Francielly Baroni Mendes

Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS

<http://lattes.cnpq.br/3476646140724095>

Emilio Mateus Schüller

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Santana do Livramento-RS

<http://lattes.cnpq.br/697259943534875527>

Meline Schüller

Universidade Estadual do Rio Grande do Sul, Santana do Livramento-RS

<http://lattes.cnpq.br/5571591156462708>

Resumo

O elevado preço dos fertilizantes químicos convencionais tem aumentado a procura de fontes alternativas de nutrientes. Dentre essas fontes, destaca-se a utilização de remineralizadores do solo, os quais promovem melhoria nas características químicas, físicas e biológicas do solo. Em função do exposto, foi realizado um curso de extensão sobre a utilização de remineralizadores na agricultura com o objetivo de difundir o seu conhecimento para alunos e a sociedade no meio rural. O curso constitui-se de aulas teóricas sobre a utilização de remineralizadores na agricultura e aulas práticas com a visita ao banco geológico da UERGS em Santana do Livramento. No final do curso foi aplicado um questionário para avaliar a satisfação do curso. Essa avaliação, compreendeu cinco graus de resposta em relação às seguintes questões indicadoras avaliadas (ia): 1) Conhecimento do ministrante sobre o assunto, 2) Qualidade do Material didático utilizado, 3) Emprego do material didático, 4) Expectativa atingida ao final do curso e 5) Recomendação do curso para outras pessoas. Os resultados demonstraram que a maioria considerou excelente os indicadores avaliados. Conclui-se que o curso de extensão atingiu os objetivos pois possibilitou demonstrar e aumentar o conhecimento da utilização dos remineralizadores na agricultura.

Palavras-Chave: Rochas. Minerais. Adubação.

Abstract

The high price of conventional chemical fertilizers has increased the demand for alternative sources of nutrients. Among these sources, there is the use of soil remineralizers, which promote improvements in the chemical, physical and biological characteristics of the soil. An extension course was held on the use of remineralizers in agriculture with the aim of spreading their knowledge to students and society in rural areas. The course consists of theoretical classes on the use of remineralizers in agriculture and practical classes with a visit to the UERGS geological bank in Santana do Livramento. At the end of the course, a questionnaire was applied to assess the satisfaction of the course. This assessment comprised five degrees of response to the following indicator questions evaluated (ia): 1) Teacher's knowledge of the subject, 2) Quality of teaching material used, 3) Use of teaching material, 4) Expectation reached at the end of the course and 5) Recommendation of the course to other people. The results showed that the majority considered the evaluated indicators excellent. It is concluded that the extension course achieved the objectives as it made it possible to demonstrate and increase the knowledge of the use of remineralizers in agriculture.

Keywords: Rock. Minerals. Fertilization.

Introdução

O Brasil é um dos maiores produtores de alimentos, biocombustíveis e fibras do mundo. Porém, ao mesmo tempo, é altamente dependente da importação de matérias-primas para a formulação de fertilizantes químicos.

A necessidade de preservar o meio ambiente tem estimulado o aproveitamento, como fertilizantes e/ou condicionadores de solo, dos mais variados tipos de resíduos gerados em atividades agroindustriais ou urbanas, proporcionando também retornos econômicos e melhoria na qualidade física, química e microbiológica do solo (TEDESCO *et al.*, 1999; PILON 2016).

Desde o início da década de 1970, Leonardos *et al.* (1976) já sugeriam o uso de rochas para remineralizar os solos agrícolas e conseqüentemente reduzir o consumo de fertilizantes industriais.

O uso de rochas moídas como fertilizantes é amplamente difundido na agricultura agroecológica, ou natural, pelo fato de ser um produto natural, que apresenta minerais de dissolução lenta, os quais podem contribuir com quantidades expressivas de nutrientes para as plantas e servir como condicionadores de solo, promovendo melhorias nas suas propriedades físicas ou físico-químicas, facilitando o desenvolvimento e a nutrição das plantas (ERHART, 2009).

O uso de rochas moídas como fonte mineral com fins de fertilização do solo recebeu várias denominações como pó de rocha, rochagem, agrominerais e “agrogeology” (VAN STRAATEN, 2010).

Os pós de rochas foram incluídos apenas recentemente na legislação brasileira dos fertilizantes, pela lei nº 12.890, 10 de dezembro de 2013. A terminologia remineralizador foi conceituado como um material de origem mineral que tenha sofrido apenas redução e classificação de tamanho por processos mecânicos e que altere os índices de fertilidade do solo por meio da adição de macro e micronutrientes para as plantas, promovendo a melhoria das propriedades físicas ou físico-químicas ou da atividade biológica do solo (BRASIL, 2013).

Os remineralizadores podem ser oriundos de rochas de diversas origens e composições. Para que seja assegurada a funcionalidade e tenha-se parâmetro de garantia, tais materiais deverão apresentar as seguintes características mínimas e máximas: mínimo de 9% de soma de bases e 1% de óxido de potássio; máximo de 25% de SiO₂ livre presente no produto, 15 mg kg⁻¹ de As, 10 mg kg⁻¹ de Cd, 0,1 mg kg⁻¹ de Hg e 200 mg kg⁻¹ de Pb. Outro fator importante é a comprovação da eficiência agrônômica através de testes e pesquisas (BRASIL, 2016).

A dissolução dos pós de rocha é um processo muito lento e complexo. Depende de fatores como a composição química e mineralógica da rocha, da granulometria do material, do tempo de reação, e de fatores do solo como o pH e a atividade biológica (VAN STRAATEN, 2010).

A eficácia do pó de rocha como fonte de nutrientes para o solo é questionada devido à baixa solubilidade e pela necessidade de aplicar grandes quantidades de pó de rocha ao solo para se obter respostas positivas (BOLLAND, BAKER, 2000).

Para que ocorra a liberação dos elementos que compõem as rochas, elas devem ser submetidas às alterações físicas e químicas. O intemperismo físico corresponde a uma desagregação da estrutura da rocha sem haver mudança na composição química, já a alteração química ocorre quando a estrutura dos minerais pertencentes às rochas é quebrada devido às substâncias ácidas do solo ou produzidas por microrganismos acelerando sua decomposição e liberando seus nutrientes minerais (LUCHESE *et al.*, 2002).

As pesquisas sobre a utilização de remineralizadores demonstram seus efeitos na correção da acidez do solo, na redução da adsorção de fósforo, no aumento da disponibilidade de fósforo, no aumento da capacidade de troca de cátions e no aumento da resistência a doenças.

A utilização do calcário como dolomita ou calcita tem como objetivo a correção do solo, objetivando a eliminação do alumínio tóxico em solos ácidos bem como o fornecimento de cálcio e magnésio no solo (TISDALE *et al.*, 1985).

Rochas consideradas básicas, como os basaltos, têm maior efeito alcalinizante, comparadas a rochas ácidas, como os granitos (CAMPBELL, 2009). No trabalho realizado por Batista (2013), foi observado uma regressão linear negativa, ou seja, de acordo que ocorreu o aumento da dose de pó de basalto o Alumínio trocável diminuiu. O fonólito, rocha silicática de origem vulcânica, apresenta também poder alcalinizante conforme observado (WILPERT *et al.*, 2003).

Em várias partes do mundo, é comum a aplicação de silicato na forma de escórias antes da fosfatagem, visando entre outros benefícios corrigir a acidez do solo e promover a competição entre fósforo e silício com o intuito de melhorar a disponibilidade de fósforo para as plantas (ROY *et al.*, 1971; CARVALHO *et al.* 2001; MUAD *et al.*, 2003; MELO, 2005; POZZA *et al.*, 2007).

A utilização de pó da rocha fosfatada “apatita” rica em fosfato de cálcio tem sido pesquisada em vários estudos no Brasil e no mundo (CHIEN; MENON, 1995; RAJAN *et al.*, 2004; HOROWITZ; MEURER, 2003; CORREA *et al.* 2005; GOMES *et al.* 2005; GONCALVES *et al.* 2008). Os resultados demonstram que a disponibilidade de fósforo às plantas é dependente da taxa de dissolução da rocha fosfatada. A dissolução é dependente da reação das partículas de fosfatos naturais com as substâncias ácidas do solo, da baixa disponibilidade de fósforo e cálcio no solo e da alta capacidade de absorção de cálcio e fósforo pela planta (KAMINSKI; PERUZZO, 1997; NOVAIS, SMYTH, 1999).

Uma das maiores vantagens do pó de rocha e a disponibilidade em abundância e o baixo custo, além do aumento da capacidade de troca de cátions (CTC), estudos feitos em solos tropicais mostram que a utilização de pó de rocha leva a um enriquecimento gradual dos solos, elevando a CTC.

No estudo feito por Gillman (1980) incubou por 12 meses pó de basalto no solo e observou aumento significativo no pH e na capacidade de troca de cátions, constatando que o efeito foi mais pronunciado com a diminuição da granulometria e o aumento do tempo de contato entre o material e o solo. Gillman *et al.* (2002) avaliaram o comportamento de sete solos de Queensland, na Austrália, incubados com doses crescentes de pó de basalto (0, 1, 5, 25 e 50 T ha⁻¹), tendo observado aumento no pH, na CTC e nos teores de cátions básicos.

O efeito do pó moído de basalto foi estudado por Escosteguy *et al.*, (1998) nas propriedades químicas de um Latossolo Vermelho escuro e Argissolo Vermelho Amarelo no RS. As doses utilizadas (0, 5, 10, 25, 50, 100 T ha⁻¹) foram incubadas e analisadas aos 30, 150 e 300 dias de incubação. As doses de 50 e de 100 t ha⁻¹ de basalto moído proporcionaram maiores aumentos nas concentrações de K, de Ca e de Mg dos solos estudados.

Estudos conduzidos por Melo *et al.* (2012) sobre o efeito das doses de basalto moído em propriedades químicas de um Latossolo Amarelo em Roraima. As doses utilizadas (0, 12, 24, 48 e 96 T ha⁻¹) foram incubadas por 180 dias. As doses de basalto apresentaram alta eficiência para a neutralização da acidez potencial. A adição do basalto moído proporcionou incremento nos teores de Zn, Fe e Cu no solo com o tempo de incubação.

A utilização de granodiorito como fonte de potássio para as plantas já foi estudada por vários pesquisadores. GONCALVES *et al.* (2016) avaliaram o efeito da aplicação superficial de 6 T ha⁻¹ de granodiorito no campo nativo no RS, os resultados demonstraram que não houve resposta a utilização do granodiorito na produção de massa seca e nos teores de potássio da parte aérea.

Os microrganismos do solo, como fungos e bactérias, também são alvos de pesquisas, devido ao potencial que apresentam no processo de solubilização das rochas e liberação de nutrientes, interferência da rizosfera e outras atividades biológicas podem aumentar a dissolução de minerais por meio da liberação de íons de hidrogênio (H⁺) e da complexação realizada por compostos orgânicos que reagem com as superfícies dos minerais (KÄMPF *et al.*, 2009).

Além disso, a adição de rochas ou minerais silicatados contribui com aumento da resistência a pragas e doenças. Isso se deve ao aumento nos teores de silício nas folhas, o qual forma uma camada de silício abaixo da epiderme da folha, aumentando a resistência à introdução do aparelho bucal das pragas e a infecção de fungos (CAI *et al.* 2008; NERI, 2006; NOLLA, *et al.* 2006).

Em função do exposto, foi realizado um curso de extensão sobre a utilização de remineralizadores na agricultura com o objetivo de difundir o seu conhecimento para alunos e a sociedade no meio rural.

Metodologia

O curso de extensão teve como público-alvo os produtores agrícolas da comunidade rural e os alunos do curso de Agronomia e Desenvolvimento Rural da UERGS em Santana do Livramento, RS.

O curso constitui-se de aulas teóricas sobre a utilização de remineralizadores na agricultura e aulas práticas com a visita ao banco geológico da UERGS em Santana do Livramento, totalizando 32 horas. Além disso, algumas rochas foram observadas em microscópio.

Os conteúdos teóricos abordados foram os seguintes: a) Origem e tipos de rochas; b) Minerais; c) Minerais do Solo; d) Intemperização; e) Fatores de Formação; f) Processos Pedogenéticos; g) Utilização dos Remineralizadores na Agricultura.

Em relação ao banco geológico, os alunos realizaram um trabalho objetivando identificar e classificar as rochas do acervo.

No final do curso foi aplicado um questionário para avaliar a satisfação do curso. Essa avaliação, compreendeu cinco graus de resposta em relação às seguintes questões indicadoras avaliadas (ia): 1) Conhecimento do ministrante sobre o assunto, 2) Qualidade do Material didático utilizado, 3) Emprego do material didático, 4) Expectativa atingida ao final do curso e 5) Recomendação do curso para outras pessoas.

Resultados e Discussão

As principais rochas remineralizadoras que foram observadas nas aulas prática foram o basalto, granito, riolito, calcário e folhelho betuminoso (Figura 1 a 5).

O basalto é uma rocha magmática extrusiva, sendo encontrada na porção nordeste do Rio Grande do Sul a altitudes de até 1000m, gradualmente caindo até menos de 100m na porção oeste do estado, na zona da campanha (STRECK *et al.* 2008).

O basalto apresenta textura afanítica (com minerais pequenos não reconhecíveis a olho nu). Os principais minerais presentes são a olivina, piroxênio e plágioclásio, os quais são chamados de ferro-magnesianos. (BRANCO, 2015). O basalto é muito utilizado para produção de brita e paralelepípedos para a construção civil. Além disso, são resíduos gerados do processo de extração das pedras preciosas cujas gemas encontram-se nos municípios de Aceguá e Ametista do Sul, RS. Devido a sua constituição química, o basalto pode ser utilizado como remineralizadores do solo.

Figura 1: Basalto.



Fonte: O autor (2021).

O granito é uma rocha magmática intrusiva, apresentando textura fanerítica (minerais visíveis a olho nu). Essa rocha encontra-se em grande abundância no Escudo Sul-Rio-Grandense, localizado na parte centro-sul do estado (STRECK *et al.* 2018). Os minerais presentes são o quartzo, a mica e o feldspato potássico (LEIZ; AMARAL, 1978). O granito pode ser utilizado como remineralizadores, já que são uma fonte de potássio (4% K_2O).

Figura 2. Granito.



Fonte: O autor (2021).

O Riolito é uma rocha magmática extrusiva encontrado principalmente na região do planalto gaúcho. Apresenta textura afanítica (minerais não visíveis a olho nú). Os minerais presentes são o quartzo e o feldspato Na-Ca. Os solos oriundos de Riolito apresentam textura argilosa, com CTC média a alta (STRECK *et al.* 2008),

Figura 3. Riolito.



Fonte: O autor (2021).

O calcário é classificado como rocha sedimentar química, pois é resultado da precipitação de soluções ricas em cálcio e magnésio que resulta na formação dos minerais calcita e dolomita. Essa rocha encontra-se em abundância no escudo sul-riograndense, onde encontra-se a presença de várias indústrias de calcário no município de Caçapava do Sul, RS.

O calcário é utilizado na agricultura com objetivo principal de corrigir a acidez do solo e a presença do alumínio tóxico, o que permite um melhor desempenho das espécies de plantas (TISDALE, 1985).

Figura 4. Calcário.



Fonte: O autor (2021).

O folhelho betuminoso é classificado como rocha sedimentar orgânica, sendo formada pela acumulação de restos orgânicos. É constituída por hidrocarbonetos.

O folhelho betuminoso ou mais conhecido por xisto betuminoso vem sendo explorado para obtenção de gás e água principalmente em São Matheus do Sul no Paraná (PETROBRAS 2010). Recentemente, foram descobertas jazidas na região da Campanha Gaúcha.

Os rejeitos economicamente aproveitáveis após a mineração do xisto para serem utilizados na agricultura são os seguintes: Calxisto: rocha carbonatada, denominada marga dolomítica, empregada na agricultura para corrigir a acidez do solo e fornecimento de nutrientes. Água de retortagem: utilizada na produção de adubo foliares e defensivos agrícolas.

Figura 5. Folhelho betuminoso.

Fonte: O autor (2021).

Os resultados sobre a pesquisa de satisfação do curso de remineralizadores e do banco geológico são encontrados na Tabela 1.

Tabela 1. Resultado da pesquisa de satisfação dos alunos que participaram do curso sobre remineralizadores. Indicador Avaliativo (IA). Resultados estão em percentagem.

	Péssimo	Ruim	Médio	Bom	Excelente
IA (1)				5	95
IA (2)				3	97
IA (3)				2	98
IA (4)					100
IA (5)					100

Em relação ao questionamento sobre o conhecimento do ministrante sobre o assunto (IA1), 95% dos participantes acharam excelente e 5% disseram que foi bom. Segundo Pimenta *et al.* (2005) os saberes didáticos são imprescindíveis para o ensino, a presença do banco geológico e dos remineralizadores na forma de basalto e granodiorito gnaissico contribuiu para a formação do saber.

O segundo indicador abordado foi em relação à qualidade do material didático utilizado (IA2), onde 97% dos participantes acharam que a qualidade do material utilizado foi excelente. Esse material faz parte da disciplina de Introdução à Ciência do Solo ofertada no curso de Agronomia e vem sendo revisado ao longo dos anos, resultando numa melhoria ao longo do tempo. A disponibilidade e a qualidade do material didático podem estabelecer condições ideais para a ativação do processo da aprendizagem (D'Ávila, 2012).

O terceiro indicador refere-se ao emprego do material didático (IA3), onde 98% dos participantes acharam excelente. Assim como a qualidade do material didático, a utilização do mesmo vem sendo aperfeiçoada ao longo do curso de Agronomia. Evidenciou-se também que em alguns momentos a necessidade de praticar a sugestão de Brauer (2012) de que “É importante ‘recapturar’ a atenção dos participantes a cada 15 ou 20 minutos”. Apesar de trocar várias vezes o foco do curso entre material digital e material físico, em algum momento pode-se notar que alguns participantes perdiam a atenção por alguns instantes.

O quarto indicador refere-se a expectativa atingida ao final do curso, onde 100% dos participantes acharam excelente. Isso pode ser atribuído ao ministrante do curso que pode atuar como mediador na construção do conhecimento (Rodrigues *et. al* 2012). Além disso, deve-se considerar o interesse e a interação dos participantes durante as aulas do curso.

O quinto indicador refere-se a indicação do curso para outras pessoas, onde 100% dos participantes recomendam que indicariam o curso. Entretanto, o ministrante deve buscar novos conhecimentos práticos e teóricos objetivando a melhoria do curso.

Considerações Finais

O curso sobre a utilização de remineralizadores na agricultura teve excelente satisfação pelo público presente.

Espera-se que o aprendizado realizado no curso possa promover a adoção dos remineralizadores na comunidade rural bem como incentivar a realização de pesquisas sobre os remineralizadores na agricultura.

Referências

BATISTA, N. T. F. **Atributos químicos do solo e componentes agronômicos na cultura da soja pelo uso da rochagem.** Dissertação de mestrado. Programa de pós-graduação em Produção Vegetal. Universidade Federal de Goiás – UFG, Campus Jataí, 2013.

BRASIL. **Lei nº 12890**, de 10 de dezembro de 2013. Altera a Lei no 6.894, de 16 de dezembro de 1980, para incluir os remineralizadores como uma categoria de insumo destinado a agricultura. Lei de Remineralizadores.

BRASIL. **Instrução Normativa nº 5**, de 10 de março de 2016. Remineralizadores e Substratos: MAPA. Seção 1, p. 10-11.

BRAUER, Markus. **Ensinar na universidade: conselhos práticos, dicas, métodos pedagógicos**. Tradução de Marcos Marcionilo. São Paulo: Parábola Editorial, 2012.

CAI, K.; GAO, D.; LUO, S.M.; ZENG, R.; YANG, J.Y.; ZHU, X.Y. Physiological and cytological mechanisms of silicon-induced resistance in rice against blast disease. **Physiologia Plantarum**, v.134, p.324-333, 2008.

CAMPBELL, N. S. **The use of rockdust and composted materials as soil fertility amendments**. 2009. 402 p. Thesis (Ph.D. in Philosophy) - University of Glasgow, Glasgow, 2009.

CARVALHO, R.; FURTINI NETO, A. E.; SANTOS, C. D.; FERNANDES, L. A.; CURI, N.; RODRIGUES, D. C. Interações silício fósforo em solos cultivados com eucalipto em casa de vegetação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, DF**, v.36, p.557-565, 2001.

CHIEN, S.H.; MENON, R.G. Factors affecting the agronomic effectiveness of phosphate rock for direct application. **Fert. Res.**, v.41, p. 227-234, 1995.

CORRÊA, R.M.; NASCIMENTO, C.W.A. do; SOUZA, S.K. de S; FREIRE, F.J.; SILVA, G.B. da. Gafsa rock phosphate and triple superphosphate for dry matter production and P uptake by corn. **Scientia Agricola**, v.62, p.159-164, 2005.

D'ÁVILA, C. M. Didática: a arte de formar professores no contexto universitário. In: D'ÁVILA, C. M; VEIGA, I. P. A. (org.). **Didática e docência na educação superior: implicações para a formação de professores**. Campinas: Papirus, 2012.

ESCOSTEGUY, P.A.V.; KLANT, E. Basalto moído como fonte de nutrientes, **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v.22, p. 11-20, 1998.

ERHART, J. 2009. **Efeito do pó de basalto nas propriedades químicas do Solo e nutrição da videira Cabernet sauvignon**. Lages SC. (Dissertação Mestrado) - Centro de Ciências Agroveterinárias / UDESC 71p.

GOMES, A. Da S.; FERREIRA, L.H.G.; BENDER, R.R. **Uso de fosfato natural no cultivo de arroz, soja e milho em rotação, no sistema plantio direto**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. 35p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 20).

GONCALVES, G.K.; SOUSA, R.O. de.; BORTOLON, L. Solubilização dos fosfatos naturais Patos de Minas e Arad em dois solos alagados. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, v..32, p.2157-2164, 2008.

GONÇALVES, G.K.; DAMBROS, E.; POZZEBON, N.J.; GUEDES, K. Dos S. BARONI, F.M.; CALEFFI, H.V.; AGUER, J.L.T.; MENEZES, L. De M. JACOBSEN, F.L. Melhoramento do campo nativo com a utilização da rochagem. In: Congresso Brasileiro de Rochagem, 3, 2016, Pelotas. **Anais**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado; Brasília, DF: Embrapa Cerrados; Assis, SP: Triunfal, 2017. p. 275-280.

GILLMAN, G.P. The effect of crushed basalt scoria on the cation exchange properties of a highly weathered soil. **Soil Sci. Soc. Am. J.**, 44:465-468, 1980.

GILLMAN G.P. Burkett D.C. Coventry R.J. 2002. Amending highly weathered soils with finely ground basalt rock. **Applied Geochem**, 17:987-1001.

PILON, C.N. Dos pós de rocha aos remineralizadores: passado, presente e desafios. In: Congresso Brasileiro de Rochagem, 3, 2016, Pelotas. **Anais**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado; Brasília, DF: Embrapa Cerrados; Assis, SP: Triunfal, 2017. p. 15-22.

HOROWITZ, N.; MEURER, E. J. Eficiência de dois fosfatos naturais farelados em função do tamanho da partícula. **Ciência Rural**, v. 33, p.41-47, 2003

KAMINSKI, J.; PERUZZO, G. **Eficácia de fosfatos naturais reativos em sistemas de cultivo**. Santa Maria: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 1997. 31p. (Boletim Técnico, 3).

KÄMPF, N.; CURI, N.; MARQUES, J. J. Intemperismo e ocorrência de minerais no ambiente do solo. In: MELO, V. F.; ALLEONI, L. R. F. (Ed.). **Química e mineralogia do solo: conceitos básicos**. Viçosa, MG: SBCS, 2009. v. 1, p. 333-379.

MELO, V.F.; UCHOA, S.C.P.; DIAS, F.de O.; BARBOSA, G.P. Doses de basalto moído nas propriedades químicas de um Latossolo Amarelo distrófico da savana de Roraima. **Acta Amazônica**, v. 41, p. 471-476, 2012.

MUAD, M.; GRASSI FILHO, H.; CRUSSIOL, C. A. C.; CORRÊA, J. C. Teores de silício no solo e na planta de arroz de terras altas com diferentes doses de adubação silicatada e nitrogenada. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, MG, v. 27, n. 5, p. 867-873. 2003.

LEINZ, V.; AMARAL, S.E. **Geologia Geral**. 11ª ed. São Paulo: Editora Nacional, 1989. 399p.

LEONARDOS, O. H.; FYFE, W. S.; KROMBERG, B. Rochagem: método de aumento de fertilidade em solos lixiviados e arenosos. Congr. Bras. Geol. Ouro Preto. **Anais**. SBG. p. 137-145, 1976.

LUCHESE, E. B.; FAVERO, L. O. B.; LENZI, E. **Fundamentos da química do solo, teoria e prática**. 2ed. Rio de Janeiro: Freitas Bastos, 2002. 182 p.

MELO, V.F.; UCHOA, S.C.P.; DIAS, F.de O.; BARBOSA, G.P. Doses de basalto moído nas propriedades químicas de um Latossolo Amarelo distrófico da savana de Roraima. **Acta Amazônica**, v. 41, p. 471-476, 2012.

NERI, D. K. P. **Efeito do silício na resistência de plantas de milho a *Rhopalosiphum maidis* (Fich.) (Hemiptera: Aphididae) e sua interação com inseticida no controle de *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae)**. 2006. 68 p. (Tese Doutorado) em Agronomia/Entomologia - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

NOLLA A, KORNDÖRFER GH, COELHO L. Efficiency of calcium silicate and carbonate in soybean disease control. **Journal of Plant Nutrition**, v.29, p. 2049- 2061, 2006.

NOVAIS, R. F.; SMITH, T. J. **Fósforo em condições tropicais**. Viçosa, MG: UFV, 1999. 399 p.

POZZA, A. A. A.; CURI, N.; COSTA, E. T. de S.; GUILHERME, L. R. G.; MARQUES, J. J. G. de S. e M.; MOTTA, P. E. F. da. Retenção e dessorção competitiva de ânions inorgânicos em gibbsita natural de solo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, vol.42, n. 11, 2007.

PETROBRAS. **SIX: Unidade de Negócio da Industrialização do Xisto**. Disponível em: www.petrobras.com.br/minisite/refinarias/petrosix/index.asp. Acesso em: 12 out. 2010.

PIMENTA, S. G.; ANASTASIOU, L. G. C. **Docência no ensino superior**. São Paulo: Cortez, 2005.

RAJAN, S.S.S.; CASANOVA, E. & TRUONG, B. Factors affecting the agronomic effectiveness of phosphate rocks, with a case-study analysis. In: ZAPATA, F. & ROY, R.N., eds. **Use of phosphate rocks for sustainable agriculture**. Roma, FAO, 2004. p.41-57.

ROY, A. C.; ALI, M. V.; FOX, R. L.; SILVA, J. A. Influence of calcium silicate on phosphate solubility and availability in Hawaiian latossols. In: **SYMPOSIUM ON SOIL FERTILITY AND EVALUATION, 1971**, Honolulu. Proceedings... New Delhi: University of Hawaii, 1971. p. 756-765.

STRECK, E. V. *et al.* **Solos do Rio Grande do Sul**. 3ª Edição - Porto Alegre, RS: Emater/RS-Ascar, 2018.

TEDESCO, M. J. *et al.* Resíduos orgânicos no solo e impactos nos ambientes. In: SANTOS, G.A. & CAMARGO, F.A.O., eds. **Fundamentos da matéria orgânica do solo**. Porto Alegre, Geneses, 1999. p.159-192.

TISDALE, S. L.; NELSON, W. L.; BEATON, D. J. **Soil fertility and fertilizers**. 4. ed. New York: MacMillan, 1985. 754p.

Van STRAATEN, P. (2010). Rochas e Minerais como Fertilizantes Alternativos na Agricultura: Uma Experiência Internacional. In: **Agrominerais para o Brasil**; Francisco Fernandes, Adão B. Luz e Zuleica C. Castilhos (Editores), CETEM/MCT, 2010.

WILPERT, K. V.; LUKES, M. Ecochemical effects of phonolite rock powder, dolomite and potassium sulfate in a spruce stand on an acidified glacial loam. **Nutrient Cycling in Agroecosystems**, Dordrecht, v. 65, n. 1, p. 115-127, Feb. 2003.

CAPÍTULO 5

DIVERSIDADE GENÉTICA EM CÂRTAMO (*Carthamus tinctorius* L.) POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES ISSR

GENETIC DIVERSITY IN SAFFLOWER (*Carthamus tinctorius* L.) BY MEANS OF ISSR MOLECULAR MARKERS

Demerson Arruda Sanglard

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7417873079167401>

Andressa Layane Ferreira Linhares

Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão, CCA, Imperatriz-MA

<http://lattes.cnpq.br/0487448213901007>

Ana Carolina Ataíde Silveira

Universidade Estadual de Montes Claros, Hospital Unversitário, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/2466104732305153>

Leandro Silva de Oliveira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7112647732774200>

Leonardo Máximo da Silva

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8554896027699899>

Claudinéia Ferreira Nunes

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8189644314305172>

Thiago Oliveira de Souza

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/4557910430374804>

Flávia Echila Ribeiro Batista

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/9175849604614635>

Ariane da Silva Nogueira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8247585524843586>

Maria Betânia Fonseca

Universidade Estadual de Montes Claros, PPGB, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/3614739537291794>

Resumo

Este estudo avaliou a diversidade genética de 24 acessos de cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) utilizando marcadores moleculares ISSR. Os DNAs extraídos apresentaram concentrações superiores a 10 ng/μL e razões A260/A280 variando de 1,28 a 2,02, atendendo aos padrões de qualidade recomendados para análises moleculares. Foram testados 45 primers ISSR, dos quais 23 geraram fragmentos amplificados em temperaturas de anelamento entre 46°C e 59°C. No total, 92 fragmentos foram amplificados, sendo 95,65% deles polimórficos. A média de fragmentos polimórficos por primer foi de 3,83, destacando o potencial dos ISSRs em discriminar diferenças genéticas. Os índices de conteúdo de informação polimórfica (PIC) variaram entre 0,1314 e 0,3554, refletindo a alta eficiência discriminatória dos primers. A matriz de dissimilaridade genética, baseada no complemento do índice de 'Nei e Li', revelou distâncias superiores a 20% em 35 pares de acessos, indicando significativa diversidade genética na população. Além disso, foram escolhidas oito combinações varietais promissoras, baseadas nas maiores distâncias genéticas (26% a 30%), com potenciais para aplicações em programas de melhoramento genético. Híbridizações a partir destes genótipos podem maximizar efeitos heteróticos, o que contribui para identificar materiais superlativos durante o avanço de populações segregantes.

Palavras-Chave: cártamo, dissimilaridade, heterose, ISSR, polimorfismo

Abstract

This study evaluated the genetic diversity of 24 safflower (*Carthamus tinctorius* L.) accessions using ISSR molecular markers. The extracted DNAs showed concentrations higher than 10 ng/μL and A260/A280 ratios ranging from 1.28 to 2.02, meeting the quality standards recommended for molecular analyses. Forty-five ISSR primers were tested, of which 23 generated amplified fragments at annealing temperatures between 46°C and 59°C. In total, 92 fragments were amplified, 95.65% of which were polymorphic. The average number of polymorphic fragments per primer was 3.83, highlighting the potential of ISSRs to discriminate genetic differences. The polymorphic information content (PIC) indexes ranged from 0.1314 to 0.3554, reflecting the high discriminatory efficiency of the primers. The genetic dissimilarity matrix, based on the complement of the 'Nei and Li' index, revealed distances greater than 20% in 35 pairs of accessions, indicating significant genetic diversity in the population. In addition, eight promising varietal combinations were selected, based on the largest genetic distances (26% to 30%), with potential for applications in genetic improvement programs. Hybridizations from these genotypes can maximize heterotic effects, which contributes to identifying superlative materials during the advancement of segregating populations.

Keywords: safflower, dissimilarity, heterosis, ISSR, polymorphism

Introdução

O cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) é uma planta oleaginosa pertencente à família Asteraceae, amplamente conhecida por suas múltiplas utilidades na agricultura, na indústria alimentícia e na medicina tradicional. Suas sementes produzem um óleo de

alta qualidade, rico em ácidos graxos poli-insaturados, como o ácido linoleico, que é amplamente utilizado tanto para consumo humano quanto na fabricação de produtos industriais, como biodiesel, cosméticos e tintas (Melo *et al.*, 2019). Além disso, as flores do cârtamo são empregadas na obtenção de corantes naturais, amplamente utilizados nas indústrias têxtil e alimentícia (Costa *et al.*, 2019).

Outra aplicação relevante do cârtamo está na sua utilização como cultura alternativa em sistemas agrícolas de regiões áridas e semiáridas. A planta apresenta características fisiológicas que a tornam altamente tolerante à seca, sendo uma opção viável para a diversificação de cultivos em áreas com recursos hídricos limitados (Dantas *et al.*, 2011). Sua rusticidade e capacidade de adaptação a diferentes condições climáticas e tipos de solo têm atraído o interesse de agricultores e pesquisadores, especialmente em contextos de mudanças climáticas e crescente demanda por sistemas agrícolas sustentáveis (Oliveira, 2021).

Além do seu potencial econômico e ecológico, o cârtamo é uma espécie com valor medicinal reconhecido em diversas culturas tradicionais. Suas flores e sementes são utilizadas na preparação de compostos terapêuticos associados à redução do colesterol, ao controle da pressão arterial e ao tratamento de doenças cardiovasculares (Izar *et al.*, 2021). Esse amplo espectro de aplicações torna o cârtamo uma cultura promissora tanto para mercados locais quanto internacionais.

Com o objetivo de maximizar o potencial do cârtamo, a análise da diversidade genética da espécie é essencial (Cruz *et al.*, 2011), pois fornece informações valiosas para programas de melhoramento genético voltados ao aumento da produtividade, resistência a estresses ambientais e ao aprimoramento de qualidades específicas, como teor de óleo e composição de ácidos graxos (Melo *et al.*, 2019). O uso de marcadores moleculares, como os oligonucleotídeos (primers) ISSRs (Inter Simple Sequences Repeats), tem se mostrado uma abordagem eficaz para identificar variabilidade genética e gerar subsídios para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às necessidades de mercado e às condições de cultivo locais (Polido *et al.*, 2020; Silva Oliveira *et al.*, 2020).

Este capítulo objetivou abordar estratégias de melhoramento genético enfatizando a cultura do cârtamo, com destaque na diversidade genética aplicada à escolha de genitores e obtenção de populações segregantes. Além disso, aborda-se o uso de marcadores moleculares ISSRs como ferramentas eficazes para caracterizações genéticas, com base em estudos recentes que ilustram sua aplicabilidade na agricultura moderna.

Metodologia

Material genético

Foram avaliados 24 acessos do Banco Ativo de Germoplasma Norte-Americano WRPIS (Western Regional Plant Introduction Station), obtidos por intermédio do IMA-MT (Instituto Mato-Grossense do Algodão), os quais foram remetidos ao Laboratório de Biotecnologia do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais, *campus* Montes Claros (Tabela 1), para estudos de diversidade genética em n

Tabela 1: Material genético (acessos) de cârtamo (*Carthamus tinctorius* L.) utilizado nos estudos de diversidade por meio de primers ISSRs.

Nº	CÓDIGO DO ACESSO ^a	CÓDIGO DO ACESSO ^b	PAÍS DE ORIGEM
1	IMA 13	PI 183890	Etiópia
2	IMA 22	PI 186346	Índia
3	IMA 46	PI 195743	Etiópia
4	IMA 73	PI 199909	Índia
5	IMA 117	PI 209289	Desconhecido
6	IMA 118	PI 209290	Egito
7	IMA 124	PI 210456	Etiópia
8	IMA 129	PI 211700	Etiópia
9	IMA 133	PI 212979	Índia
10	IMA 164	PI 237880	Etiópia
11	IMA 193	PI 248375	Índia
12	IMA 195	PI 248378	Índia
13	IMA 209	PI 248416	Paquistão
14	IMA 211	PI 248628	Paquistão
15	IMA 217	PI 248995	Etiópia
16	IMA 287	PI 249008	Paquistão
17	IMA 312	PI 249122	Etiópia
18	IMA 338	PI 249709	México
19	IMA 340	PI 250200	Paquistão
20	NOVO 202	PI 250062	México

21	NOVO 213	PI 250073	Argentina
22	NOVO 338	PI 250198	Paquistão
23	NOVO 343	PI 250203	Paquistão
24	NOVO 356	PI 251712	Paquistão

Nº: Código ordinal usado do Laboratório de Biotecnologia do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais (ICA/UFMG) (Destacados em azul). ^aCódigo utilizado pelo IMA (Instituto Mato-Grossense do Algodão), Brasil. ^bCódigo utilizado pelo WRPIS (Western Regional Plant Introduction Station), Estados Unidos da América.

Fonte: Elaborado pelos autores.

Extrações de DNA

As extrações de DNA seguiram os procedimentos adaptados de Doyle e Doyle (1990). Fragmentos de folhas de cârtamo de cada um dos 24 acessos tirados foram macerados em microtubos de 1,5 mL, com o auxílio de um disruptor / homogeneizador de amostras biológicas (Equipamento da marca Dremel, modelo 4000), sob capela de exaustão de gases.

Durante o procedimento de maceração, em cada microtubo, houve a adição de 750 uL do tampão de extração [PVP 2% (m/v); Tris-HCl 100 mM pH 8,0; EDTA 20 mM pH 8,0; NaCl 1,4 M; β -mercaptoetanol 0,2 % (v/v) e CTAB 2% (m/v)]. Em seguida, os microtubos foram incubados em banho-maria a 65°C por 45 minutos e, depois disso, adicionaram-se neles 750 μ L de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1).

Em seguida, para melhor efetividade do clorofórmio, foram efetuadas inversões suaves durante cinco minutos, sendo os microtubos centrifugados por 8 minutos (10.000 x g) – (Equipamento Hettich Zentrifugen, modelo Mikro 120). Os sobrenadantes foram transferidos para novos microtubos, com a adição de 600 μ L de isopropanol gelado, ficando em repouso durante 12 horas sob refrigeração (4°C).

Após esse período, foram centrifugados novamente por 8 minutos (10.000 x g), de modo a formar pellets, sendo o isopropanol (sobrenadante) descartado. Então, foram executadas as lavagens dos pellets com 300 uL de etanol PA (70%), durante três repetições.

Após o descarte do etanol na terceira lavagem, os pellets foram ressuspensos com 300 uL de TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM pH 8,0), contendo Ribonuclease A e Proteinase K, ambas na concentração de 40 ug/mL.

As ressuspensões ocorreram por incubação em banho-maria a 37°C, durante 45 minutos. Após isso, foram acrescentados, a cada microtubo, 30 μ L de NaCl 5M e 220 uL

de isopropanol, mantendo-os refrigerados (4°C) por outras 12 horas. Após esse período, foi realizada uma nova centrifugação por 8 minutos (10.000 x g), para a precipitação de pellets.

Novamente, procedeu-se às lavagens dos pellets com 300 uL de etanol PA (70%), durante três repetições. Após o descarte do etanol na terceira lavagem, os pellets foram ressuspensos, em definitivo, com 300 µL de TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM pH 8,0).

As concentrações de DNA das amostras foram quantificadas em espectrofotômetro (Espectrofotômetro TECAN, modelo Infinite M Plex), por leitura da absorbância a 260 nm, sendo cada unidade de absorbância correspondente à concentração de 50 ng/mL de DNA fita dupla (Sambrook *et al.*, 1989).

Testes de gradientes de temperaturas de anelamento

Antes das execuções das ampliações propriamente, foram realizados testes de gradientes de temperaturas de anelamento (Carvalho *et al.*, 2019), por meio de termocicladores com esse recurso (Equipamentos da marca Eppendorf, modelo Nexus Gradient). As máquinas foram configuradas para o espectro de 45°C a 65°C, sendo utilizados DNAs de dois indivíduos aleatórios da população.

Condições de amplificação via PCR

Foram testados 45 primers ISSRs nos procedimentos de ampliações via PCR (Polymerase Chain Reaction) dos acessos, cujas condições estão descritas na Tabela 2.

Tabela 2: Condições de amplificação via PCR para primers ISSRs, envolvendo testes com 24 acessos de cártamo (*Carthamus tinctorius* L.).

REAGENTES	CONCENTRAÇÕES ESTOQUE	CONCENTRAÇÕES DE TRABALHO	VOLUMES / REAÇÃO
H ₂ O ultrapura	-	-	12,4 uL
MgCl ₂	20,0 Mm	2,8 Mm	3,5 uL
Tris / KCl pH 8,0	100 mM / 500 mM	10 mM / 50 mM	2,5 uL
d'NTP (A, T, C, G)	2,5 mM (cada)	0,1 mM (cada)	1,0 uL
Pimer ISSR	4,0 uM	0,4 uM	2,5 uL
<i>Taq</i> polymerase	1,0 un/uL	1,0 uM	0,1 uL
DNA	10 ng/uL	30 ng	3,0 uL
TOTAL			25,0 uL

Fonte: Elaborado pelos autores.

As reações foram programadas em uma fase inicial de desnaturação a 94°C por 5 minutos; seguida por 35 ciclos de [desnaturação (94°C / 1 minuto), anelamento (46°C a

59°C / 1 minuto) e extensão (72°C / 2 minutos)]; e uma fase de extensão final de 72°C por 7 minutos. Logo após o término das ciclagens, o aparelho conservou as reações a 4°C, até a retirada das amostras. Os primers ISSRs utilizados para as amplificações compõem uma coleção da desenvolvidos pela University of British Columbia (UBC primer set #9, Vancouver, Canada) (Costa *et al.*, 2015).

Eletroforese e fotodocumentação

Os produtos resultantes das amplificações foram separados por eletroforese horizontal com géis de agarose 1,2% (m/v), imersos em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM), seguindo procedimentos adaptados de Sambrook *et al.* (1989). No momento da aplicação, foram adicionados, a cada amostra, 3 µL do corante tipo IV [0,125% (m/v) de azul-de-bromofenol e 10% (m/v) de sacarose] e 5 uL de GelRed™. Os géis foram submetidos a uma carga de 120 V, por 3 horas. Findadas as eletroforeses, os géis foram analisados por meio de um sistema de fotodocumentação (Equipamento Locus Biotecnologia, modelo L-PIX), conforme adaptado de Sambrook *et al.* (1989).

Biometria de dados moleculares

Os dados foram analisados por meio de matrizes de dados binários, considerando-se a presença (1) e a ausência (0) de bandas aferidas durante as fotodocumentações. O coeficientes para o cálculo da matriz de dissimilaridades genéticas foi o complemento aritmético do índice de "Nei e Li" ($S_{NL} = [2a / (2a + b + c)]$); tal que "a" = número de coincidências do tipo (1)-(1) para cada par de acessos; "b" = número de discordâncias do tipo (1)-(0) para cada par de acessos; "c" = número de discordâncias do tipo (0)-(1) para cada par de acessos; "d" = número de coincidências do tipo (0)-(0) para cada par de acessos. Os dados foram analisados por meio do programa GENES (Cruz, 2016).

Resultados e Discussão

Análises moleculares

De acordo com a Tabela 3, todas as amostras de DNA alcançaram concentrações acima de 10 ng/uL, valor recomendado de padronização visando amplificações com primers ISSRs (Gordwin *et al.*, 1997). A leitura de absorvância em 260 nm reflete a quantidade de ácidos nucleicos na amostra, uma vez que os DNAs têm picos de absorção nesta faixa. Já a absorção a 280 nm é geralmente associada à presença de proteínas, que possuem resíduos de triptofano, tirosina e outros polissacarídeos (Antunes *et al.*, 2021). Dessa forma, a razão entre esses comprimentos de onda fornece uma estimativa da pureza

da amostra, diminuindo possíveis contaminações que comprometam análises subsequentes. Recomendam-se razões de A260 (nm) / A280 (nm) na faixa de 1,2 a 2,2.

Tabela 3: Resultados de quantificações de DNAs de acessos de cârtamo (*Carthamus tinctorius* L.) via espectrofotometria.

Nº	CÓDIGO DO ACESSO	A260 (nm)	A280 (nm)	A260 (nm) / A280 (nm)	[DNA] (ng/uL)
1	IMA 13	0,0635	0,0321	1,98	37,7
2	IMA 22	0,0452	0,0245	1,84	43,2
3	IMA 46	0,1212	0,0799	1,52	63,5
4	IMA 73	0,0417	0,0206	2,02	21,2
5	IMA 117	0,0700	0,0366	1,91	50,0
6	IMA 118	0,0367	0,0287	1,28	46,4
7	IMA 124	0,0414	0,0287	1,44	39,4
8	IMA 129	0,0394	0,0237	1,66	36,1
9	IMA 133	0,0273	0,0144	1,89	18,9
10	IMA 164	0,1223	0,0629	1,94	199,4
11	IMA 193	0,0482	0,0248	1,94	171,2
12	IMA 195	0,0189	0,0104	1,82	55,2
13	IMA 209	0,0488	0,0325	1,50	80,4
14	IMA 211	0,0273	0,0144	1,89	18,9
15	IMA 217	0,1223	0,0629	1,94	199,4
16	IMA 287	0,0700	0,0366	1,91	50,0
17	IMA 312	0,0414	0,0287	1,44	46,4
18	IMA 338	0,0414	0,0287	1,44	39,4
19	IMA 340	0,0394	0,0237	1,66	36,1
20	NOVO 202	0,0358	0,0244	1,47	44,7
21	NOVO 213	0,1361	0,0855	1,59	166,3
22	NOVO 338	0,0769	0,0407	1,89	83,3
23	NOVO 343	0,1447	0,0729	1,98	107,8
24	NOVO 356	0,0406	0,0227	1,79	122,3

Nº: Acessos de cârtamo (azul).

Fonte: elaborado pelos autores.

Após a amplificação dos DNAs, foram executados os testes de temperaturas de gradientes anelamentos, intervaladas entre 45°C e 65°C, conforme recurso de randomização do próprio aparelho termociclador (Eppendorf, Nexus Gradient). Durante

a execução das análises moleculares, foram testados 45 primers ISSRs (codificados em vermelho), cujos resultados são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4: Resultados dos testes de gradiente de temperaturas de anelamento, envolvendo DNAs de cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) testados com primersos ISSRs.

Nº	PRIMERS ISSRs - UBC: UNIVERSITY	ANELAMENTO
	COLUMBIA BRITANICA (5' → 3')	Ta (°C)
1	UBC803 (ATA TAT ATA TAT ATA TC)	Não amplifica
2	UBC805 (TAT ATA TAT ATA TAT AC)	Não amplifica
3	UBC807 (AGA GAG AGA GAG AGA GT)	54°C
4	UBC808 (AGA GAG AGA GAG AGA GC)	47°C
5	UBC810 (GAG AGA GAG AGA GAG AT)	47°C
6	UBC812 (GAG AGA GAG AGA GAG AA)	47°C
7	UBC814 (CTC TCT CTC TCT CTC TA)	Monomórfico
8	UBC820 (GTG TGT GTG TGT GTG TC)	46°C
9	UBC821 (GTG TGT GTG TGT GTG TT)	Monomórfico
10	UBC823 (TCT CTC TCT CTC TCT CC)	46°C
11	UBC825 (ACA CAC ACA CAC ACA CT)	46°C
12	UBC827 (ACA CAC ACA CAC ACA CG)	52°C
13	UBC828 (TGT GTG TGT GTG TGT GA)	46°C
14	UBC830 (TGT GTG TGT GTG TGT GG)	54°C
15	UBC832 (ATA TAT ATA TAT ATA TYC)	Monomórfico
16	UBC836 (AGA GAG AGA GAG AGA GYA)	46°C
17	UBC838 (TAT ATA TAT ATA TAT ARC)	Não amplifica
18	UBC842 (GAG AGA GAG AGA GAG AYG)	56°C
19	UBC843 (CTC TCT CTC TCT CTC TRA)	Não amplifica
20	UBC844 (CTC TCT CTC TCT CTC TRC)	Não amplifica
21	UBC847 (CAC ACA CAC ACA CAC ARC)	48°C
22	UBC848 (CAC ACA CAC ACA CAC ARG)	46°C
23	UBC849 (GTG TGT GTG TGT GTG TYA)	46°C
24	UBC850 (GTG TGT GTG TGT GTG TYC)	46°C
25	UBC 853 TCT CTC TCT CTC TCT CRT)	Monomórfico

26	UBC 855 (ACA CAC ACA CAC ACA CYT)	48°C
27	UBC856 (ACA CAC ACA CAC ACA CYA)	56°C
28	UBC863 (AGT AGT AGT AGT AGT AGT)	Não amplifica
29	UBC866 (CTC CTC CTC CTC CTC CTC)	56°C
30	UBC867 (GGC GGC GGC GGC GGC GGC)	59°C
31	UBC870 (TGC TGC TGC TGC TGC TGC)	Não amplifica
32	UBC876 (GAT AGA TAG ACA GAC A)	48°C
33	UBC877 (TGC ATG CAT GCA TGC A)	Monomórfico
34	UBC879 (CTT CAC TTC ACT TCA)	Monomórfico
35	UBC883 (BVB TAT ATA TAT ATA TA)	Não amplifica
36	UBC884 (HBH AGA GAG AGA GAG AG)	46°C
37	UBC886 (VDV CTC TCT CTC TCT CT)	51°C
38	UBC888 (BDB CAC ACA CAC ACA CA)	Monomórfico
39	UBC889 (DBD ACA CAC ACA CAC AC)	Monomórfico
40	UBC891 (HVH TGT GTG TGT GTG TG)	Monomórfico
41	UBC892 (TAG ATC TGA TAT CTG AAT TCC C)	Não amplifica
42	UBC895 (AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC)	Não amplifica
43	UBC896 (AGG TCG CGG CCG CNN NNN NAT G)	Monomórfico
44	UBC897 (CCG ACT CGA GNN NNN NAT GTG G)	Não amplifica
45	UBC900 (ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA)	Não amplifica

Nº: 45 primers testados (Códigos foram verdes selecionados). N: (A, G, C, T). R: (A, G); Y: (C, T). B: (C, G, T) (I. e. not A). D: (A, G, T) (I. e. not C). H: (A, C, T) (I. e. not G). V: (A, C, G) (I. e. not T). Ta (°C): Temperatura de anelamento na PCR em graus Celsius.

Fonte: Elaborado pelos autores.

Os 23 primers ISSRs selecionados nos testes de gradientes de temperaturas de anelamentos foram utilizados na análise de diversidade genética, envolvendo os 24 acessos de cârtamo. As reações efetuadas proporcionaram 92 fragmentos amplificados, dos quais 88 foram polimórficos (95,65%) (Tabela 5). Verifica-se que o número de fragmentos utilizados variou de dois (UBC808, UBC830, UBC867 e UBC886) a seis (UBC850), sendo que, do total de 23 oligonucleotídeos, 14 geraram pelo menos quatro fragmentos (60,8%). Embora UBC 850 tenha gerado maior número de fragmentos, seu PIC_{oligo} foi relativamente baixo. É preciso levar em conta a frequência dos alelos

analisados. O valor de PIC_{oligo} é uma medida importante, pois fornece uma estimativa do poder discriminatório do marcador, por considerar não somente o número de alelos por loco, mas também a frequência relativa desses alelos (Jiao *et al.*, 2010).

Tabela 5: Resultados das ampliações via PCR envolvendo 24 acessos de cârtamo (*Carthamus tinctorius* L.) amplificados com 23 primers ISSRs.

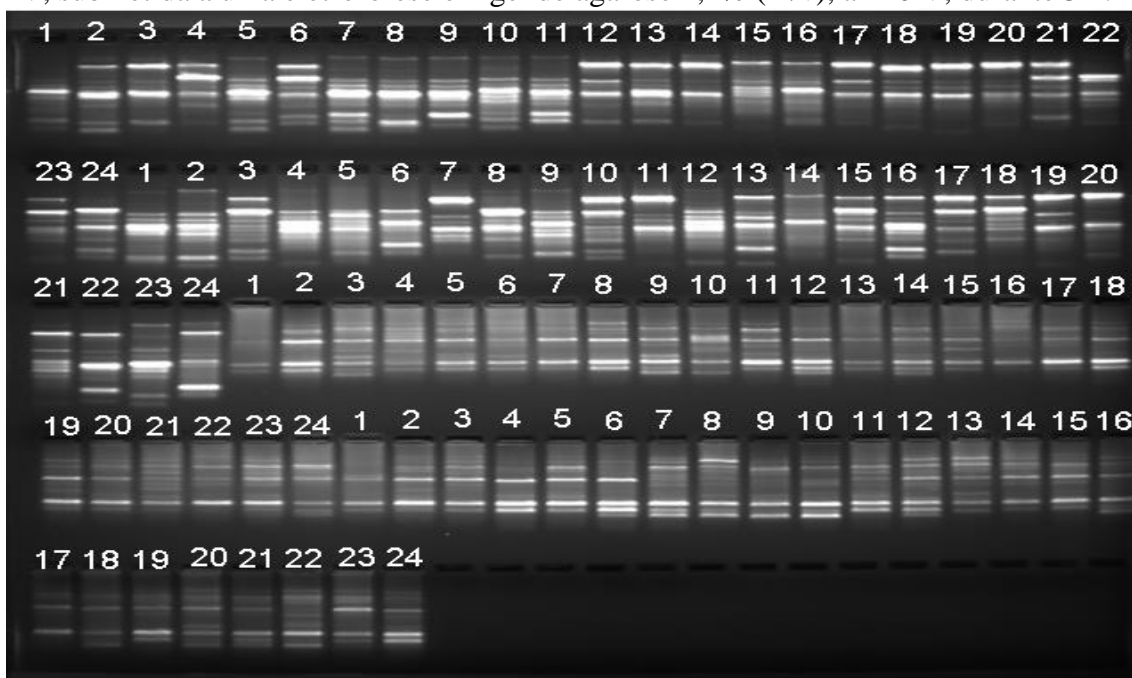
PRIMERS ISSRs (5' → 3')	TF	FM	FP	H _{Oligo}	PIC _{Oligo}
UBC807 (AGA GAG AGA GAG AGA GT)	4	0	4	0,3985	0,3174
UBC808 (AGA GAG AGA GAG AGA GC)	2	0	2	0,4065	0,3210
UBC810 (GAG AGA GAG AGA GAG AT)	3	0	3	0,3407	0,2772
UBC812 (GAG AGA GAG AGA GAG AA)	4	0	4	0,3420	0,2731
UBC820 (GTG TGT GTG TGT GTG TC)	4	0	4	0,2321	0,1939
UBC823 (TCT CTC TCT CTC TCT CC)	5	0	5	0,4553	0,3505
UBC825 (ACA CAC ACA CAC ACA CT)	4	0	4	0,3574	0,2872
UBC827 (ACA CAC ACA CAC ACA CG)	4	0	4	0,2563	0,2194
UBC828 (TGT GTG TGT GTG TGT GA)	5	0	5	0,3942	0,3101
UBC830 (TGT GTG TGT GTG TGT GG)	5	3	2	0,1674	0,1314
UBC836 (AGA GAG AGA GAG AGA GYA)	5	0	5	0,2696	0,2259
UBC842 (GAG AGA GAG AGA GAG AYG)	3	0	3	0,3783	0,3016
UBC847 (CAC ACA CAC ACA CAC ARC)	5	0	5	0,3893	0,3090
UBC848 (CAC ACA CAC ACA CAC ARG)	3	0	3	0,3179	0,2615
UBC849 (GTG TGT GTG TGT GTG TYA)	5	0	5	0,3030	0,2457
UBC850 (GTG TGT GTG TGT GTG TYC)	6	0	6	0,2328	0,2038
UBC855 (ACA CAC ACA CAC ACA CYT)	3	0	3	0,4466	0,3466
UBC856 (ACA CAC ACA CAC ACA CYA)	5	0	5	0,3039	0,2554
UBC866 (CTC CTC CTC CTC CTC CTC)	5	0	5	0,3028	0,2447
UBC867 (GGC GGC GGC GGC GGC GGC)	2	0	2	0,3963	0,3132
UBC876 (GAT AGA TAG ACA GAC A)	4	0	4	0,4640	0,3554
UBC884 (HBH AGA GAG AGA GAG AG)	3	0	3	0,3795	0,3075
UBC886 (VDV CTC TCT CTC TCT CT)	3	1	2	0,2809	0,2205
TOTAIS	92	4	88	-	-
MÉDIAS	4	0,17	3,83	0,3397	0,2770

UBC: University of British Columbia. TF: Total de Fragmentos. FM: Fragmentos Monomórficos. FP: Fragmentos Polimórficos. H_{Oligo}: Heterozigiosidade dos primers ISSR. PIC_{Oligo}: Conteúdo de Informação Polimórfica (Polymorphism Information Content) dos primers ISSRs.

Fonte: Elaborado pelos autores.

De maneira geral, os valores de PIC_{oligo} foram inferiores aos obtidos para H_{oligo} neste estudo, sendo que a média de fragmentos polimórficos dos primers foi estimada em 3,83 (Tabela 5). Comparada a outros trabalhos sobre diversidade com a mesma coleção de primers desenvolvidos pela University of British Columbia (UBC primer set #9, Vancouver, Canada) (Chagas *et al.*, 2015), tem-se que a média deste foi relativamente inferior. Uma possível explicação seria o fato de este estudo contabilizar apenas os fragmentos com excelentes nitidezes e separações verticais nos géis, conforme ilustrado na Figura 2.

Figura 2: Amplificação via PCR dos genomas de 24 acessos de cârtamo. As seqüências ordinais (1 a 24) referem-se aos produtos eletroforéticos sequenciais das amplificações com os primers ISSRs UBC825, UBC848, UBC849, UBC850, respectivamente. Cada uma das amostras continha 25 uL de mix-PCR, 5 uL de GelRedTM e 3 uL de corante tipo IV, submetida a uma eletroforese em gel de agarose 1,4% (m/v), a 120 V, durante 3 h.



Fonte: Elaborado pelos autores.

Outra questão refere-se à natureza dos primers ISSRs, os quais são classificados como dominantes. Embora não realizem a discriminação multialélica, foram pertinentes para a obtenção das estimativas de dissimilaridades, uma vez que não demandam conhecimento prévio do genoma ao qual sejam aplicados (Jiao *et al.*, 2010). Além disso, ao serem utilizados 23 primers, alcançou-se um número expressivo de fragmentos como modo de contrapeso aos potenciais discriminantes dos tipos codominantes, sobretudo pelo elevado grau de polimorfismos encontrados dos primeiros (Nadeem *et al.*, 2018).

A Tabela 6 apresenta a matriz de de dissimilaridade (distâncias genéticas relativas) para os 24 acessos de cártamos estudados, estimada pelo complemento aritmético do índice de ‘Nei e Li’ (Cruz *et al.*, 2011).

Tabela 6: Matriz de dissimilaridade genética (%) (índice de ‘Nei e Li’) entre 24 acessos de cártamo (*Carthamus tinctorius* L.), estimada com base em 92 fragmentos (locos), a partir de 23 primers ISSRs previamente caracterizados como sendo polimórficos.

Nº	01	02	03	04	05	06	07	08	09	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
01	0																								
02	18	0																							
03	19	08	0																						
04	12	12	14	0																					
05	13	14	17	14	0																				
06	23	09	19	17	15	0																			
07	15	21	15	19	15	17	0																		
08	19	11	11	15	19	19	15	0																	
09	18	19	23	11	24	18	17	10	0																
10	11	22	12	23	22	11	18	16	11	0															
11	19	14	12	12	23	19	18	19	28	16	0														
12	10	17	13	12	18	10	10	17	27	15	17	0													
13	11	19	11	16	12	11	21	12	10	18	13	11	0												
14	10	17	16	16	21	10	11	23	28	22	12	19	17	0											
15	12	11	18	17	13	12	17	14	18	15	12	12	12	15	0										
16	16	23	17	16	23	13	14	18	10	10	13	13	12	13	10	0									
17	16	12	13	14	15	16	19	17	24	10	23	17	19	16	13	22	0								
18	15	12	11	16	19	18	19	16	10	16	17	16	16	10	14	11	21	0							
19	17	11	11	12	18	11	17	11	28	12	18	11	17	11	11	12	18	11	0						
20	16	11	12	12	11	19	11	19	18	11	23	11	24	18	19	10	16	20	18	0					
21	14	13	11	16	19	10	11	13	18	19	14	12	12	13	19	18	19	18	16	19	0				
22	16	16	19	25	21	30	12	11	10	13	10	15	19	15	11	18	17	14	15	11	20	0			
23	12	12	18	17	28	10	18	11	17	14	13	11	16	19	10	11	13	18	14	13	11	26	0		
24	12	19	23	16	13	12	11	19	18	18	21	23	11	24	18	18	15	13	11	14	18	18	15	0	

Nº: Números em azul referem-se aos 24 acessos estudados. Valores grifados referem-se às 08 (oito) combinações varietais obtidas, o quão mais divergentes entre si (maiores dissimilarimilares genéticas em porcentagem).

Fonte: Adaptado dos dados gerados pelo Programa GENES (Cruz, 2016).

Ao analisar-se as distâncias genéticas relativas (%) entre pares de acessos, 35 apresentaram valores superiores a 20% (Tabela 6). Considerando que a ploidia da espécie *Carthamus tinctorius* L. é de $2n = 24$, ou seja, possui nº básico $X = 12$ (Ekin, 2005), tem-se uma média hipotética de 7,67 locos amostrados por cromossomo, levando-se em conta os 92 fragmentos (locos) utilizados na geração da matriz. O uso de primers ISSRs em estudos de diversidade tem sido eficaz para diferentes espécies, devido à sua capacidade de amplificar regiões polimórficas do genoma sem a necessidade de sequências conhecidas (Godwin *et al.*, 1997; Souframanien e Gopalakrishna, 2004; Mir *et al.*, 2021). De acordo com (Ng e Tan, 2015), os ISSRs são específicos para regiões intervaladas ricas em microssatélites, que ocorrem em praticamente todos os organismos e apresentam altas taxas de variabilidade, tornando-os altamente informativos.

Considerações Finais

A partir dos dados moleculares, foram realizadas hibridações entre os acessos que resultaram nas dez maiores porcentagens de dissimilaridades genéticas (%) entre si, subsidiando o início de programa de melhoramento desta cultura. O processo inicial de avaliação da diversidade genética, ora executado neste trabalho, potencializa as chances de identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maiores efeitos heteróticos, quais sejam os caracteres de interesse (maiores vigores híbridos). Não obstante, tal estratégia potencializa significativamente as perspectivas de eventos recombinantes em gerações subsequentes, aumentando as probabilidades de genótipos superiores durante a condução de populações segregantes.

Agradecimentos

Nossos agradecimentos pelo fomento concedido ao projeto “Diversidade genética em cârtamo visando a obtenção de populações de melhoramento para o Norte de Minas Gerais” (FAPEMIG APQ-01105-14), o qual foi apoiado pelas infraestruturas e equipe pertinentes ao Laboratório de Biotecnologia (*Campus* Montes Claros da UFMG).

Referências

- ANTUNES, D. A. *et al.* **Práticas e protocolos básicos de biologia molecular**. 1. ed. São Paulo: Blucher, 2021. v. 1. 276 p.
- CARVALHO, M. S. *et al.* High-quality DNA isolated from the cortex of *Euterpe edulis* Mart. (Arecaceae). *Ciência Florestal*, v. 29, p. 396-402, 2019.

- CHAGAS, K. P. T.; SOUSA, R. F.; FAJARDO, C. G.; VIEIRA, F. A. Seleção de marcadores ISSR e diversidade genética em uma população de *Elaeis guineensis*. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 10, n. 1, p. 147-152, 2015.
- COSTA, C. D. S. *et al.* Genetic divergence among safflower genotypes (*Carthamus tinctorius* L.) by multivariate analyzes. *Journal of Agricultural Science*, v. 11, n. 6, p. 363, 2019.
- COSTA, D. F. D.; VIEIRA, F. D. A.; FAJARDO, C. G.; CHAGAS, K. P. T. D. Diversidade genética e seleção de iniciadores ISSR em uma população natural de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) (Apocynaceae). *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 37, n. 4, p. 970-976, 2015.
- CRUZ, C. D. Programa Genes - Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 38, p. 547-552, 2016.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2011. 620 p.
- DANTAS, C. V. S. *et al.* Influência da sanidade e déficit hídrico na germinação de sementes de *Carthamus tinctorius* L. *Revista Brasileira de Sementes*, v. 33, p. 574-582, 2011.
- DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, v. 12, p. 13-15, 1990.
- EKIN, Z. Resurgence of safflower (*Carthamus tinctorius* L.) utilization: A global view. *Journal of Agronomy*, v. 4, n. 2, p. 83-87, 2005.
- GODWIN, I. D.; AITKEN, E. A.; SMITH, L. W. Application of inter simple sequence repeat (ISSR) markers to plant genetics. *Electrophoresis*, v. 18, n. 9, p. 1524-1528, 1997.
- IZAR, M. C. D. O. *et al.* Posicionamento sobre o consumo de gorduras e saúde cardiovascular–2021. *Arquivos Brasileiros de Cardiologia*, v. 116, n. 1, p. 160-212, 2021.
- MELO, G. G. *et al.* Applications and potentialities of safflower culture (*Carthamus tinctorius* L.) for exploration in Brazil: A brief review. In: RAD, M. R. N. (Org.). *Advances and Trends in Agricultural Sciences*. 2. ed. [s.l.]: [s.n.], 2019. v. 2, p. 1-18.
- MIR, M. A. *et al.* Deciphering genetic diversity analysis of saffron (*Crocus sativus* L.) using RAPD and ISSR markers. *Saudi Journal of Biological Sciences*, v. 28, n. 2, p. 1308-1317, 2021.
- NADEEM, M. A. *et al.* DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, p. 261-285, 2018.
- NG, W. L.; TAN, S. G. Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers: are we doing it right. *ASM Science Journal*, v. 9, n. 1, p. 30-39, 2015.

- OLIVEIRA, A. J. The culture of *Carthamus tinctorius* L.: main uses and genetic variability. ***Research, Society and Development***, v. 10, n. 2, p. e24810212683-e24810212683, 2021.
- POLIDO, P. B. *et al.* ISSR markers are effective for accessing genetic diversity in wheat (*Triticum aestivum*) germplasm. ***Research, Society and Development***, v. 9, n. 12, p. e2991210648-e2991210648, 2020.
- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. ***Molecular cloning: a laboratory manual***. New York: Cold Spring Harbour Labs, 1989. 815 p.
- SILVA OLIVEIRA, J. *et al.* Variability of selected matrices of *Passiflora quadrangularis* L. based on ISSR and RAPD markers. ***Magistra***, v. 31, p. 490-501, 2020.
- SOUFRAMANIEN, J.; GOPALAKRISHNA, T. A comparative analysis of genetic diversity in blackgram genotypes using RAPD and ISSR markers. ***Theoretical and Applied Genetics***, v. 109, p. 1687-1693, 2004.

CAPÍTULO 6

TÉCNICA LAMP (LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION) APLICADA À FISCALIZAÇÃO DE FRAUDES EM PRODUTOS AGRÍCOLAS

LAMP (LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION) TECHNIQUE APPLIED TO THE MONITORING OF FRAUD IN AGRICULTURAL PRODUCTS

Demerson Arruda Sanglard

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7417873079167401>

Adair da Silva Santos Filho

Polícia Rodoviária Federal do Brasil, Norte de Minas Gerais, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/9525936144486035>

Ana Carolina Ataíde Silveira

Universidade Estadual de Montes Claros, Hospital Universitário, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/2466104732305153>

Leandro Silva de Oliveira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7112647732774200>

Claudinéia Ferreira Nunes

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8189644314305172>

Flávia Echila Ribeiro Batista

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/9175849604614635>

Leonardo Máximo da Silva

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8554896027699899>

Ariane da Silva Nogueira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8247585524843586>

Maria Betânia Fonseca

Universidade Estadual de Montes Claros, PPGB, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/3614739537291794>

Thiago Oliveira de Souza

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias,
Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/4557910430374804>

Resumo

A técnica LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification) tem se destacado como uma ferramenta eficaz e versátil para a fiscalização de fraudes em produtos agrícolas, abrangendo diversas aplicações. A técnica é capaz de detectar adulterações em misturas com alta especificidade e em menos de 45 minutos. No caso de produtos oleaginosos e mel, a técnica diferencia amostras puras das adulteradas, garantindo a certificação de produtos orgânicos e com denominação de origem. Para cereais e grãos, a LAMP identifica Organismos Geneticamente Modificados (OGMs) e rotulagens incorretas, oferecendo uma alternativa ágil à PCR convencional. Em carnes e derivados, a técnica assegura a identificação de espécies animais e sua sanidade, mesmo em produtos processados, contribuindo para o controle de qualidade em frigoríficos e mercados. Em produtos à base de frutas, a LAMP detecta adulterações com açúcares ou misturas não declaradas, auxiliando na conformidade de rótulos e auditorias industriais. Além disso, a técnica tem sido aplicada no combate ao desmatamento ilegal e à comercialização de madeiras protegidas, como mogno e jacarandá, permitindo fiscalizações rápidas e eficazes em áreas de fronteira. O desenvolvimento de kits portáteis, compostos por reagentes prontos e métodos de detecção visuais, amplia a aplicabilidade da LAMP em operações de campo, oferecendo uma solução prática e acessível para regiões com infraestrutura limitada. A incorporação da LAMP em políticas públicas promove maior agilidade e confiabilidade na fiscalização, com impactos positivos em segurança alimentar, controle de OGMs, autenticidade de produtos e preservação ambiental, consolidando-se como uma ferramenta estratégica para decisões regulatórias e jurídicas.

Palavras-Chave: amplificação isotérmica, fiscalização de fraudes, segurança alimentar, produtos adulterados, kits portáteis

Abstract

The LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification) technique has emerged as an effective and versatile tool for monitoring fraud in agricultural products, covering a variety of applications. The technique is capable of detecting adulterations in mixtures with high specificity and in less than 45 minutes. In the case of oil products and honey, the technique differentiates pure samples from adulterated ones, ensuring the

certification of organic products with designation of origin. For cereals and grains, LAMP identifies Genetically Modified Organisms (GMOs) and incorrect labeling, offering a fast alternative to conventional PCR. In meat and meat products, the technique ensures the identification of animal species and their health, even in processed products, contributing to quality control in slaughterhouses and markets. In fruit-based products, LAMP detects adulterations with undeclared sugars or mixtures, assisting in label compliance and industrial audits. Furthermore, the technique has been applied to combat illegal deforestation and the commercialization of protected woods, such as mahogany and rosewood, allowing for fast and effective inspections in border areas. The development of portable kits, composed of ready-made reagents and visual detection methods, expands the applicability of LAMP in field operations, offering a practical and affordable solution for regions with limited infrastructure. The incorporation of LAMP into public policies promotes greater agility and reliability in inspection, with positive impacts on food safety, GMO control, product authenticity and environmental preservation, consolidating itself as a strategic tool for regulatory and legal decisions.

Keywords: isothermal amplification, fraud monitoring, food safety, adulterated products, portable kits

Introdução

A segurança alimentar e a autenticidade de produtos agrícolas são temas de crescente importância na atualidade. A globalização do mercado de alimentos e o aumento da demanda por produtos de alta qualidade elevaram as preocupações relacionadas às fraudes nos produtos agrícolas. Essas fraudes podem incluir a substituição de espécies, a falsificação de origens geográficas, a adição de substâncias não declaradas e a adulteração de produtos processados (Becherer *et al.*, 2020; Shibata, 2021).

As consequências das fraudes agrícolas vão além da esfera econômica. Elas representam riscos significativos à saúde pública e podem comprometer a confiança dos consumidores nos sistemas de produção e fiscalização alimentar. Por exemplo, a adulteração de azeites de oliva com óleos mais baratos pode resultar em perdas econômicas substanciais para os produtores legítimos, além de expor os consumidores a possíveis riscos à saúde, como alergias não previstas (Molin *et al.*, 2019; Costa *et al.*, 2020). Nas averiguações conduzidas por Machado *et al.* (2021), casos semelhantes são registrados em cereais, carnes e frutas processadas, onde a detecção rápida de adulterantes ou substituições pode proteger não apenas a economia, mas também a integridade dos consumidores.

Neste contexto, a necessidade de ferramentas rápidas, precisas e acessíveis para verificação da autenticidade de produtos tem impulsionado a pesquisa científica em metodologias moleculares. A técnica LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification) ou "Amplificação Isotérmica Mediada por Laço" tem se destacado como uma solução promissora por sua simplicidade operacional, alta especificidade e custo acessível (Delgado-Ortiz *et al.*, 2019; Soroka *et al.*, 2021).

Os métodos tradicionais de detecção, como cromatografia e a reação em cadeia da polimerase (PCR), são frequentemente eficazes, mas possuem limitações significativas. Estas incluem custos elevados, necessidade de equipamentos sofisticados e demanda por técnicos altamente treinados. Além disso, tais métodos não são facilmente adaptáveis para análises rápidas em campo, o que os torna inadequados para certas operações de fiscalização imediata (Mendoza-Avilés *et al.*, 2021).

As fraudes alimentares não apenas afetam a economia e a confiança do consumidor, mas também representam um desafio ético e regulatório para os setores público e privado (Albres, 2018). Estima-se que as perdas econômicas associadas a fraudes alimentares superem dezenas de bilhões de dólares por ano, sendo que produtos agrícolas como azeite, mel, vinho, carne e cereais estão entre os mais vulneráveis (Correia, 2018; Paiva, 2021). Essas fraudes prejudicam a reputação de cadeias produtivas inteiras e comprometem os esforços de países em fortalecer exportações agrícolas.

A fiscalização de produtos como madeira e derivados também enfrenta desafios similares. O contrabando de espécies florestais e a falsificação de certificados de origem são problemas globais que afetam a conservação ambiental e a economia de países exportadores (Leal *et al.*, 2015). Estudos indicam que uma grande porcentagem de madeiras comercializadas globalmente tem origem ilegal, e a detecção rápida é essencial para combater esse cenário (Waldhoff e Vidal, 2019; Saraiva, 2021; Sousa Júnior *et al.*, 2021).

Nesse contexto, a técnica LAMP justifica-se pela sua capacidade de proporcionar análises rápidas, precisas e independentes de infraestrutura complexa. Ela pode ser aplicada diretamente em amostras alimentares e florestais, oferecendo resultados em menos de uma hora e permitindo respostas ágeis a suspeitas de fraude em produtos agrícolas e florestais (Notomi *et al.*, 2015; Machado *et al.* 2021). O presente capítulo busca explorar o potencial e as aplicações da técnica LAMP na fiscalização destas modalidades de fraudes.

Metodologia

A análise apresentada neste capítulo foi baseada em uma revisão sistemática da literatura, conforme proposto por Galvão e Ricarte (2019), de modo a abranger artigos científicos, dissertações, teses e relatórios técnicos (publicações desde sua proposição teórica no ano 2000, considerando suas aplicações até 2021). Foram consultadas bases de dados como Scopus, Web of Science, PubMed, Google Scholar, Repositórios

Universitários, Comunicados Técnicos de Órgãos de Pesquisas e Mídia (YouTube), tendo como modelos palavras-chave: "Loop-Mediated Isothermal Amplification", "LAMP", "fraudes alimentares", "autenticidade alimentar", "detecção de madeira" e "técnicas moleculares".

Os critérios de inclusão adotados envolveram a seleção de publicações revisadas por pares (Brizola e Fantin, 2016), às quais apresentassem evidências empíricas ou discussões teóricas relevantes sobre a aplicação da LAMP em produtos agrícolas e florestais. Além disso, foram priorizados estudos que abordassem cenários práticos de fiscalização, com foco na detecção de adulterações e autenticidade de produtos alimentícios e madeireiros.

Resultados e Discussão

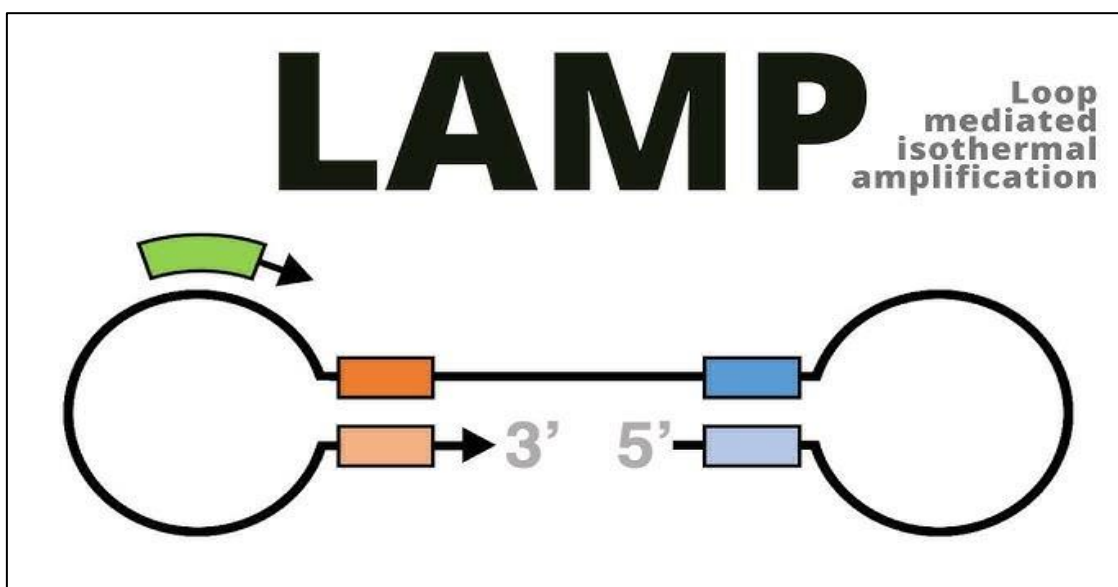
A aplicação da técnica LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification) para a fiscalização de fraudes em produtos agrícolas vem crescendo exponencialmente desde sua introdução em 2000 (Notomi *et al.*, 2000). A LAMP é uma ferramenta robusta que tem se mostrado promissora em diversas aplicações relacionadas à autenticidade de alimentos, fiscalização de madeiras e identificação de produtos adulterados (Wierzbicki *et al.*, 2021). Sua rapidez, especificidade e simplicidade operacional a tornam uma solução viável para fiscalizações em campo, com potencial significativo para implementação em políticas públicas massivas por meio de kits portáteis para órgãos reguladores (Souza Almeida *et al.*, 2016; Ferreira *et al.*, 2018). A evolução da técnica, aliada ao desenvolvimento de dispositivos portáteis, amplia seu alcance, promovendo maior eficiência e agilidade no combate a fraudes (Silva Reis *et al.*, 2020; Wierzbicki *et al.*, 2021).

Avanços tecnológicos e princípios fundamentais da técnica LAMP

A LAMP é uma técnica molecular baseada na amplificação isotérmica de DNA, utilizando quatro a seis oligonucleotídeos (primers) específicos que identificam múltiplas regiões-alvo da sequência de interesse (Figura 1). Esse princípio torna a técnica extremamente precisa e sensível, minimizando a ocorrência de resultados falsos positivos ou negativos. O diferencial mais notável da LAMP em relação à PCR tradicional é a capacidade de operar em temperaturas constantes (geralmente entre 60°C e 65°C), eliminando a necessidade de termocicladores e permitindo amplificação em dispositivos simples e portáteis (Notomi *et al.*, 2000; Droste, 2017; Flauzino, 2021; Wierzbicki *et al.*, 2021).

A reação LAMP é amplificada em alta velocidade pela enzima Bst DNA polimerase, que possui atividade de deslocamento de fita. O resultado é um produto de DNA em grande quantidade, que pode ser visualizado de maneira simples. Métodos de visualização incluem: (i) A precipitação de pirofosfato durante a amplificação torna o meio turvo, visível a olho nu; (ii) A adição de corantes, como SYBR Green, produz mudanças visíveis de cor, e; (iii) A presença de DNA amplificado pode ser detectada por fluorescência, facilitando o uso de sensores ópticos.

Figura 1: Esquema básico de amplificação pela técnica LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification) ou "Amplificação Isotérmica Mediada por Laço".



Fonte: Gomes (2021): <https://www.youtube.com/watch?v=RrFOr1eMI5s>

Essa simplicidade operacional torna a LAMP ideal para locais com infraestrutura limitada, permitindo análises rápidas diretamente no campo (Panno *et al.*, 2020). Ademais, a técnica suporta amostras complexas, como alimentos processados, que frequentemente desafiam métodos tradicionais de detecção (Focke *et al.*, 2013). Portanto, a técnica LAMP tem sido amplamente validada para diversos produtos, destacando seu potencial em fiscalizações complexas e seu papel crucial no combate a fraudes agrícolas.

Deteção de fraudes em azeites e óleos vegetais

A adulteração de azeite de oliva é uma das fraudes mais frequentes e prejudiciais ao consumidor. Estudos recentes demonstraram que a técnica LAMP pode identificar com precisão a presença de DNA de óleos adulterantes, como canola e soja, mesmo em misturas extremamente diluídas. Nogueira *et al.* (2019) e Gois (2021) relatam que a

detecção pode ser realizada em menos de 45 minutos, com alta especificidade e sensibilidade: (i) A aplicação em barreiras alfandegárias permite fiscalizações rápidas durante importação e exportação; (ii) Kits portáteis desenvolvidos para azeite podem ser utilizados diretamente em mercados para garantir a conformidade dos produtos expostos, e; (iii) A técnica pode ser integrada com dispositivos móveis para envio imediato dos resultados a bases de dados centrais.

Identificação de adulteração em mel

O mel é frequentemente adulterado com xaropes artificiais à base de glicose ou frutose. Vazquez Iglesias *et al.* (2020) validaram a LAMP como uma ferramenta eficaz para identificar DNA floral no mel, diferenciando amostras puras das adulteradas de modo que: (i) A LAMP pode ser usada para certificar mel orgânico e com denominação de origem; (ii) Sua aplicação fortalece a rastreabilidade dos produtos em cooperativas e mercados consumidores, e; (iii) Em testes comparativos, a LAMP mostrou-se mais rápida e econômica do que métodos cromatográficos convencionais.

Autenticidade de cereais e grãos

A rotulagem incorreta de grãos e a presença de Organismos Geneticamente Modificados (OGMs) são desafios recorrentes no mercado agrícola. Singh *et al.* (2019) aplicaram a LAMP para a detecção rápida de OGMs (Organismos Geneticamente Modificados) e cultivares adulterados, proporcionando uma alternativa viável e econômica à PCR convencional. Neste caso: (i) Facilita a fiscalização de exportações em portos e fronteiras; (ii) A técnica permite a detecção de misturas em grãos a partir de amostras trituradas, mesmo em pequenas concentrações, e; (iii) Reduz o tempo de análise para menos de uma hora, garantindo maior agilidade em mercados dinâmicos.

Detecção de substituições em carnes e derivados

A substituição de carnes nobres por cortes de menor valor ou por espécies não declaradas é uma fraude comum no mercado de alimentos. Rajagopal *et al.* (2021); Ribeiro *et al.* (2021a) demonstraram que a LAMP pode detectar DNA específico de espécies animais, como bovinos, suínos, aves e peixes, mesmo em produtos altamente processados. Dessa maneira pode-se atuar em: (i) Aplicação em frigoríficos para controle interno de qualidade; (ii) Operações de fiscalização podem realizar análises rápidas em mercados e pontos de distribuição, e; (iii) A LAMP é especialmente útil para combater fraudes em produtos exportados, onde padrões regulatórios são rigorosos.

Produtos processados à base de frutas

A adulteração de sucos e polpas de frutas com açúcares e misturas não declaradas compromete a qualidade e a transparência dos rótulos. Harper *et al.* (2010); Silva *et al.* (2016); Beltran-Beache *et al.* (2021) validaram a técnica LAMP para identificar o DNA em questões fitossanitárias de frutas específicas e produtos processados. Isso tem possibilitado: (i) Aplicação na indústria para controle de qualidade; (ii) Facilitação de auditorias em fábricas de processamento de alimentos, e; (iii) Auxílio no cumprimento de normas de rotulagem, beneficiando o consumidor final.

Fiscalização de madeiras e produtos florestais

A comercialização ilegal de madeiras de espécies protegidas, como mogno e jacarandá, é um problema ambiental global. (Waldhoff e Vidal, 2019; Saraiva, 2021; Sousa Júnior *et al.*, 2021) aplicaram a LAMP para identificar o DNA de espécies florestais em amostras de madeira. A fiscalização é facilitada, pois: (i) A técnica permite verificar rapidamente certificados de origem; (ii) Facilita fiscalizações em áreas de fronteira e operações de combate ao desmatamento ilegal, e; (iii) A LAMP pode ser integrada com dispositivos portáteis em viaturas ambientais.

Desenvolvimento de kits portáteis

Os kits LAMP são projetados para uso direto a campo, com baixo custo e alta praticidade (Neto *et al.*, 2021). São realizadas a identificação de marcadores genéticos relevantes por meio de bancos de dados genômicos, para selecionar genes ou sequências específicas, como aquelas relacionadas a espécies ou fraudes agrícolas. (Naveca *et al.*, 2017). Todas as sequências deverão ser únicas, facilmente amplificáveis e conservadas em diferentes situações, diminuindo a possibilidade de opções cruzadas.

De acordo com Santos e Cunha (2016), a técnica LAMP utiliza quatro a seis primers capazes de reconhecer regiões distintas do gene-alvo, incluindo ‘forward inner primer’ (FIP) e ‘backward inner primer’ (BIP). Ferramentas como ‘Primer Explorer’ ou ‘LAMP Designer’ auxiliam neste processo (Bernadelli *et al.*, 2016). A validação *in silico*, ou seja, as especificidades dos primers, é avaliada usando um software bioinformático, como ‘BLAST’, para garantir que não haja ampliações de sequências sem relação com o alvo da fiscalização (Ribeiro *et al.*, 2021b).

Sua composição inclui: (i) Reagentes prontos para uso, como oligonucleotídeos (primers), enzimas e corantes portáteis em refrigeradores de pequeno porte; (ii) Dispositivos de aquecimento compactos e eficientes (banhos-maria), e; (iii) Métodos de detecção visuais em coloração de turvamento ou fluorescência.

Impactos jurídicos no potencial de implementação de políticas públicas massivas

A LAMP tem potencial para transformar políticas públicas em áreas como segurança alimentar, combate ao desmatamento ilegal e controle de OGMs. Na análise de Naveca *et al.* (2017), sua incorporação em viaturas de fiscalização amplia o alcance das operações, beneficiando a sociedade como um todo.

A adoção da fiscalização LAMP apresenta vantagens jurídicas e operacionais razoáveis em relação ao recolhimento convencional de amostras para análise em laboratório especializado (Tremori, 2018). Em contrapartida, os métodos tradicionais de análise exigem transporte, processamento e tempo prolongado para obtenção de resultados, abrindo espaço para questionamentos sobre a validade temporal da prova (Neves, 2021).

Além disso, a técnica oferece uma resposta eficaz em contextos emergenciais (Dias *et al.*, 2020), como surtos sanitários ou riscos ambientais, onde a rapidez e a precisão são essenciais para embasar decisões imediatas.

Considerações Finais

As perspectivas futuras para a técnica são promissoras e apontam para avanços inovadores na amplificação de DNA e no diagnóstico molecular. A principal característica que impulsiona seu potencial futuro é a simplicidade operacional da técnica, que elimina a necessidade de termocicladores complexos, tornando-o ideal para aplicações em ambientes com infraestrutura limitada (Conceição, 2021). A possibilidade de execução rápida, a alta especificidade e sensibilidade da LAMP levaram ao seu uso crescente em diagnósticos clínicos, veterinários e agrícolas, com foco em doenças infecciosas, detecção de patógenos em alimentos e indiretamente em plantas (Becherer, *et al.*, 2020).

No campo da pesquisa, espera-se um aumento no desenvolvimento de protocolos automatizados e integrados à microfluídica (Durán Álvarez *et al.*, 2021), com dispositivos portáteis que combinam LAMP com biossensores avançados e sistemas de detecção em tempo real (Dinar *et al.*, 2018). Isso permitirá diagnósticos ainda mais rápidos, acessíveis e de baixo custo, ampliando sua aplicabilidade em regiões remotas e em programas de saúde pública (Lacerda *et al.*, 2014; Fontoura, 2016). Além disso, Cao *et al.* (2021) argumentam que a integração com tecnologias digitais, como aplicativos móveis para leitura e análise de resultados, deverá facilitar a interpretação e o monitoramento em larga escala.

Outro ponto de destaque é a expansão da LAMP para estudos genômicos mais complexos, como a identificação de variantes genéticas associadas a doenças hereditárias (Araujo Scapin *et al.*, 2021) e ao melhoramento genético (Agung *et al.*, 2004). Isso inclui sua aplicação em programas de melhoramento molecular (Grabicoski *et al.*, 2020), na seleção assistida e em estudos de diversidade genética, especialmente em setores como agricultura e pecuária. A combinação com ferramentas de edição gênica, como CRISPR-Cas (Bao *et al.*, 2020; Pang *et al.*, 2020; Zhang *et al.*, 2021), também abre caminhos para validações rápidas de alterações genéticas.

Por fim, à medida que novos marcadores moleculares e tecnologias de detecção fluorescente ou colorimétrica se desenvolvam, a técnica LAMP será ainda mais robusta e adaptada às novas demandas científicas e industriais. A redução de custos, a portabilidade e a eficiência tornam o LAMP um pilar essencial na democratização do diagnóstico molecular e na inovação tecnológica global (Yamanaka, 2020). A tendência é que ela continue a ser aperfeiçoada, consolidando-se como uma ferramenta indispensável para enfrentamento de desafios emergentes em saúde (pandemias), segurança alimentar e sustentabilidade.

Agradecimentos

À equipe do Laboratório de Biotecnologia (*Campus* Montes Claros da UFMG) e órgãos fiscalizadores oficiais brasileiros, com destaque para a Polícia Rodoviária Federal.

Referências

AGUNG, B. *et al.* The effects of maturation culture period on the sex ratio of IVF bovine embryos. **Reproduction, Fertility and Development**, v. 17, n. 2, p. 287-288, 2004.

ALBRES, H. M. **Política pública para promoção da integridade corporativa: estudo de caso do Programa Pró-Ética**. Brasília: IPEA, 2018. 139 p.

ARAUJO SCAPIN, B. *et al.* Advances in pre-implantation genetic testing: literature review. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 15, p. e429101523103-e429101523103, 2021.

BAO, Y. *et al.* CUT-LAMP: loop-mediated isothermal amplification without contamination based on CRISPR/Cas9 cleavage. **ACS Sensors**, v. 5, n. 4, p. 1082-1091, 2020.

BECHERER, L. *et al.* Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) – review and classification of methods for sequence-specific detection. **Analytical Methods**, v. 12, n. 6, p. 717-746, 2020.

BELTRAN-BEACHE, M. *et al.* Grapevine red blotch virus: a potential disease in vineyards of Mexico. **Tropical and Subtropical Agroecosystems**, v. 24, n. 3, 2021.

BERNADELLI, C. R. *et al.* Iris Movements: The Best State to Dynamic Biometric Recognition Process. **IEEE Latin America Transactions**, v. 14, n. 5, p. 2440-2445, 2016.

BRIZOLA, J.; FANTIN, N. Revisão da literatura e revisão sistemática da literatura. **Revista de Educação do Vale do Arinos-RELVA**, v. 3, n. 2, 2016.

CAO, L. *et al.* A portable digital loop-mediated isothermal amplification platform based on microgel array and portable reader. **ACS Sensors**, v. 6, n. 10, p. 3564-3574, 2021.

CONCEIÇÃO, R. R. P. **Métodos alternativos para identificação de *Fusarium*, quantificação de fumonisinas e controle de fungos fitopatogênicos**. 2021.

CORREIA, A. M. N. **Fraude Alimentar: fatores de risco e medidas de controle e prevenção**. 2018. Tese (Doutorado em Tecnologia de Alimentos) – Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, 2018.

COSTA, M. J.; TEIXEIRA, P.; MOREIRA, R. **Food defense and food fraud in supply chain integrity: A brief review**. 2020.

DELGADO-ORTIZ, J. C. *et al.* *Candidatus Liberibacter solanacearum* vascular pathogen of solanaceous plants: diagnosis and control. **TIP. Revista especializada en ciencias químico-biológicas**, v. 22, 2019.

DIAS, V. M. C. H. *et al.* Serological tests for COVID-19: interpretation and practical applications. **Journal Infectology Control**, v. 9, n. 2, p. 90-101, 2020.

DINAR, A. M.; ZAIN, A. M.; SALEHUDDIN, F. Insight into CMOS image sensor research in molecular diagnostic/detection: A systematic review. **Opção**, v. 34, n. 85, p. 2737-2753, 2018.

DROSTE, H. M. D. **The next generation of portable in-vitro molecular diagnostic devices for biomarker detection**. 2017. Master's thesis – Egas Moniz School of Health & Science, Portugal, 2017.

DURÁN ÁLVAREZ, J. C.; MARTÍNEZ AVELAR, C.; MEJÍA ALMAGUER, D. The role of nanoscience and nanotechnology in combating the COVID-19 pandemic. **Nanomundo. Revista Interdisciplinar em Nanociências e Nanotecnologia**, v. 14, n. 27, 2021.

FERREIRA, F. *et al.* Detection of *Meloidogyne spp.* in coffee seedlings using loop-mediated isothermal amplification (LAMP). In: **Anais do 35 Congresso Brasileiro de Nematologia**, 2018, p. 90.

FLAUZINO, J. M. R. **Electrochemical biosensors for detection of adulteration in beef.** 2021.

FOCKE, F.; HAASE, I.; FISCHER, M. Loop-mediated isothermal amplification (LAMP): Methods for identifying plant species in food. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 61, n. 12, p. 2943-2949, 2013.

FONTOURA, P. S. **Perspectives for the elimination of residual malaria in a rural area of the Brazilian Amazon: strategy of reactive active search in the identification of *Plasmodium vivax* reservoirs.** 2016. Doctoral dissertation – Universidade de São Paulo, 2016.

GALVÃO, M. C. B.; RICARTE, I. L. M. Systematic literature review: conceptualization, production, and publication. **Logeion: Filosofia da Informação**, v. 6, n. 1, p. 57-73, 2019.

GOIS, G. B. Mini-DNA barcode for authentication of processed fish products. 2021.

GRABICOSKI, E. M. G. et al. Real-time and LAMP-based quantitative assays using metal-ion indicators for rapid detection of *Sclerotinia sclerotiorum*. **Plant Disease**, v. 104, n. 5, p. 1514-1526, 2020.

GOMES, K. **Mecanismo da LAMP (Loop Mediated Isothermal Amplification).** 2021. Disponível: <https://www.youtube.com/watch?v=RrFOr1eMI5s>. Acessado em 08 de setembro de 2021.

HARPER, S. J.; WARD, L. I.; CLOVER, G. R. G. Development of LAMP and real-time PCR methods for rapid detection of *Xylella fastidiosa* for quarantine and field applications. **Phytopathology**, v. 100, n. 12, p. 1282-1288, 2010.

LACERDA, M. V. G. *et al.* We need to talk more about transfusion-transmitted malaria in *Plasmodium vivax* endemic areas. **Revista Brasileira de Hematologia e Hemoterapia**, v. 36, n. 6, p. 385, 2014.

LEAL, I. *et al.* Detection of *Bursaphelenchus xylophilus* in wood using reverse transcriptase loop-mediated isothermal amplification (RT-LAMP). **Forest Pathology**, v. 45, n. 2, p. 134-148, 2015.

MACHADO, R. A.; DE OLIVEIRA, L. R. C.; DOS SANTOS, E. M. P. Food adulteration in Brazil and its public health implications. **Journal Archives of Health**, v. 2, n. 4, p. 1261-1264, 2021.

MENDOZA-AVILÉS, I. *et al.* Loop-mediated isothermal amplification for diagnosing marine pathogens in *Crassostrea spp.* and white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) cultured in Mexico. **Ciencias Marinas**, v. 47, n. 4, p. 227-239, 2021.

NAVECA, F. G. *et al.* Development of CEL: low-cost equipment for reaction and reading of LAMP assays (Loop-mediated Isothermal Amplification). **Comunicação em Ciências da Saúde**, v. 28, n. 1, p. 31-35, 2017.

MOLIN, T. R. D. *et al.* Regulatory framework for food supplements and challenges for public health. **Revista de Saúde Pública**, v. 53, p. 90, 2019.

NETO, E. T. B. *et al.* Molecular analysis tools for pathogen identification in aquaculture. **Tópicos Especiais em Ciência Animal X**, p. 140, 2021.

NEVES, C. G. **Loop-mediated isothermal amplification: a rapid and efficient technique for detecting *Trialeurodes vaporariorum* and *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean seeds.** 2021.

NOGUEIRA, F. M. A. **Detection and quantification of *Colletotrichum acutatum* in infected olive and olive oil samples.** 2019.

NOTOMI, T. *et al.* Loop-mediated isothermal amplification (LAMP): principles, characteristics, and future perspectives. **Journal of Microbiology**, v. 53, n. 1, p. 1-5, 2015.

NOTOMI, T. *et al.* Loop-mediated isothermal DNA amplification. **Nucleic Acids Research**, v. 28, n. 12, p. e63-e63, 2000.

PAIVA, A. S. M. **Food fraud – Analytical evaluation methodologies: A review.** 2021. Master's thesis – Universidade Nova de Lisboa, Portugal.

PANG, B. *et al.* Isothermal amplification and ambient visualization in a single tube for SARS-CoV-2 detection using loop-mediated amplification and CRISPR technology. **Analytical Chemistry**, v. 92, n. 24, p. 16204-16212, 2020.

PANNO, S. *et al.* Loop-mediated isothermal amplification: principles and applications in plant virology. **Plants**, v. 9, n. 4, p. 461, 2020.

RAJAGOPAL, R. *et al.* Evaluation of loop-mediated isothermal amplification for the detection of *Salmonella* in poultry matrices. **International Journal of Food Science and Agriculture**, v. 5, p. 717-727, 2021.

RIBEIRO, S. A. *et al.* Suitability of scientometric analysis targeting loop-mediated isothermal amplification assay applied to farm animals. **Brazilian Journal of Development**, v. 7, n. 12, p. 115333-115354, 2021a.

RIBEIRO, S. A.; DA CRUZ, A. S.; DA CRUZ, A. D. Loop-mediated isothermal amplification assay (LAMP): a detailed review of the technique. **Revista EVS – Revista de Ciências Ambientais e Saúde**, v. 48, n. 1, p. 8809-8809, 2021b.

SANTOS, E.; CUNHA, M. Critical interpretation of statistical results from a meta-analysis: methodological strategies. **Millenium - Journal of Education, Technologies and Health**, v. 44, 2016.

SARAIVA, A. S. **The role of criminal organizations in the illegal exploitation of timber as a major driver of Amazon deforestation.** 2021.

SHIBATA, E. N. S. **Development and application of methods based on ultra-high-performance liquid chromatography coupled to sequential mass spectrometry for the determination of pesticides in strawberries and tomatoes.** 2021. Doctoral dissertation – Universidade de São Paulo, 2021.

- SILVA, C. F. D. *et al.* Molecular detection of *Erwinia psidii* in guava trees in greenhouse and field conditions. **Ciência Rural**, v. 46, p. 1528-1534, 2016.
- SILVA REIS, R.; DE CASTRO, M. F.; DEXHEIMER, G. M. Parasitological analysis of vegetables and evaluation of care and knowledge for consumption in natura by the population. **Revista Brasileira Multidisciplinar**, v. 23, n. 2, p. 136-144, 2020.
- SINGH, M. *et al.* Loop-mediated isothermal amplification assays: rapid and efficient diagnostics for genetically modified crops. *Food Control*, v. 106, p. 106759, 2019.
- SOROKA, M. *et al.* Loop-mediated isothermal amplification (LAMP): the better sibling of PCR? **Cells**, v. 10, n. 8, 2021.
- SOUSA JÚNIOR, A. D.; DO CANTO, J. L.; DA COSTA, W. P. L. B. Native forest products, legalized and marketed in Rio Grande do Norte. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 38, n. 1, p. 26779, 2021.
- SOUZA ALMEIDA, A. M.; LEONÍDIO, A. R. A.; ANDRADE, M. A. Major diseases in waterfowl. **Revista Veterinária em Foco**, v. 14, n. 1, 2016.
- TREMORI, T. M. **Forensic identification of wildlife species by mitochondrial DNA**. 2018.
- VAZQUEZ IGLESIAS, I. *et al.* Tackling rose rosette virus: a threat to European rose cultivation. **Plant Pathology**, v. 69, n. 9, p. 1603-1617, 2020.
- WALDHOFF, P.; VIDAL, E. Community forest management in the Amazon: comparison between an introduced model and illegal logging. **Novos Cadernos NAEA**, v. 22, n. 1, 2019.
- WIERZBICKI, R.; EIRAS, M.; DA COSTA, M. J. N. Pospiviroids of importance for vegetables and ornamentals: overview of phytopathological aspects and risks to Brazilian agricultural systems. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, v. 27, p. 51-76, 2021.
- YAMANAKA, E. S. **Isothermal-based DNA biosensors for application in pharmacogenetics**. 2020. Doctoral dissertation – Universitat Politècnica de València, Espanha.
- ZHANG, M. *et al.* CRISPR/Cas12a-assisted ligation-initiated loop-mediated isothermal amplification (CAL-LAMP) for highly specific detection of microRNAs. **Analytical Chemistry**, v. 93, n. 22, p. 7942-7948, 2021.

CAPÍTULO 7

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES SCAR PARA GENES DE RESISTÊNCIA À MANCHA-ANGULAR DO FEIJOEIRO COMUM

VALIDATION OF SCAR MOLECULAR MARKERS FOR RESISTANCE GENES TO THE ANGULAR LEAF SPOT OF COMMON BEAN

Demerson Arruda Sanglard

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7417873079167401>

Ana Carolina Ataíde Silveira

Universidade Estadual de Montes Claros, Hospital Universitário, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/2466104732305153>

Claudinéia Ferreira Nunes

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8189644314305172>

Leandro Silva de Oliveira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7112647732774200>

Flávia Echila Ribeiro Batista

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/9175849604614635>

Maria Betânia Fonseca

Universidade Estadual de Montes Claros, PPGB, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/3614739537291794>

Leonardo Máximo da Silva

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8554896027699899>

Ariane da Silva Nogueira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8247585524843586>

Andressa Layane Ferreira Linhares

Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão, CCA, Imperatriz-MA

<http://lattes.cnpq.br/0487448213901007>

Carlos Juliano Brant Albuquerque

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/1647940900228987>

Resumo

O estudo investigou a validação de marcadores SCAR para monitorar genes de resistência à mancha-angular em feijoeiro-comum, utilizando populações F2 oriundas de cruzamentos entre os cultivares ‘MAR-2’, ‘BAT 332’ e ‘Rudá’. A resistência foi avaliada por inoculação de diferentes raças de *Pseudocercospora griseola* (63.39 e 63.47), com escalas fenotípicas e análises moleculares baseadas em PCR. Três marcadores SCAR (SE04_{640a}, SAO12_{950a} e SAA07_{950a}) foram validados, mostrando ligação significativa com os genes de resistência. As análises confirmaram segregação monogênica dominante, com proporções esperadas de 3:1, e distâncias genéticas entre marcadores e genes variando de 4,92 cM (SAA07_{950a}), 6,03 cM (SE04_{640a}) e 7,02 cM (SAO12_{950a}), estimadas pela função de mapeamento de Kosambi. Os marcadores demonstraram alta especificidade para as fontes de resistência estudadas, auxiliando a seleção assistida em programas de melhoramento genético. Os marcadores SE04_{640a}, específico de ‘MAR-2’, além de SAO12_{950a} e SAA07_{950a}, exclusivos de ‘BAT 332’, destacaram-se pela eficiência no monitoramento de genes de resistência. Como desfecho, o trabalho reforça a relevância dos marcadores SCAR em estratégias de piramidação de genes de resistência, visando combinar múltiplos genes em um único genótipo para maior durabilidade e eficiência no manejo da mancha-angular em feijoeiro.

Palavras-Chave: feijoeiro, doença fúngica, mancha-angular, marcadores SCAR, mapeamento genético

Abstract

This study investigated the validation of SCAR markers to monitor resistance genes to angular leaf spot in common bean, using F2 populations from crosses between cultivars ‘MAR-2’, ‘BAT 332’ and ‘Rudá’. Resistance was evaluated by inoculation of different races of *Pseudocercospora griseola* (63.39 and 63.47), with phenotypic scales and PCR-based molecular analyses. Three SCAR markers (SE04_{640a}, SAO12_{950a} and SAA07_{950a}) were validated, showing significant linkage with resistance genes. The analyses confirmed dominant monogenic segregation, with expected proportions of 3:1, and genetic distances between markers and genes ranging from 4.92 cM (SAA07_{950a}), 6.03 cM (SE04_{640a}) and 7.02 cM (SAO12_{950a}), estimated by the Kosambi mapping function. The markers demonstrated high specificity for the studied resistance sources, aiding assisted selection in genetic improvement programs. The markers SE04_{640a}, specific to ‘MAR-2’, in addition to SAO12_{950a} and SAA07_{950a}, exclusive to ‘BAT 332’, stood out for their efficiency in monitoring resistance genes. As a result, the work reinforces the relevance of SCAR markers in resistance gene pyramiding strategies, aiming to combine multiple genes in a single genotype for greater durability and efficiency in the management of angular leaf spot in common bean.

Keywords: common bean, fungal disease, angular leaf spot, SCAR markers, genetic mapping

Introdução

A interação planta-patógeno é um dos principais fatores limitantes na produção agrícola global, representando uma ameaça significativa à produtividade e à qualidade das culturas (Peyraud *et al.* 2017). No feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), a mancha-angular, incitada pelo fungo *Pseudocercospora griseola*, é uma das doenças mais

devastadoras, resultando em perdas de produtividade que podem ultrapassar 80% em condições favoráveis ao patógeno (Rodríguez *et al.*, 2019; Canpolat e Maden, 2020). O estudo das interações planta-patógeno, aliado à aplicação de tecnologias genômicas, tem permitido avanços na compreensão dos mecanismos de defesa das plantas, promovendo a identificação de genes de resistência e estratégias para manejo integrado de doenças (Brown, 2015; Lamichhane *et al.*, 2017; Nelson *et al.*, 2018).

As interações entre patógenos e plantas hospedeiras são complexas e frequentemente reguladas por redes genéticas que controlam os mecanismos de defesa, como reconhecimento de efetores do patógeno, sinalização hormonal e produção de compostos antimicrobianos (Martin *et al.*, 2020). Nesse contexto, os marcadores moleculares desempenham um papel crucial na identificação de genes associados à resistência, oferecendo uma abordagem de alta precisão e eficiência para o melhoramento genético. Em particular, os marcadores SCAR (*Sequence Characterized Amplified Regions*), devido à sua especificidade e reprodutibilidade, destacam-se como uma ferramenta poderosa na seleção assistida por marcadores, permitindo a introdução de genes de resistência em cultivares comerciais (Meziadi *et al.*, 2016; Madakbaş *et al.*, 2016).

Apesar de sua ampla utilização na década de 1990 e início dos anos 2000, a técnica RAPD tem sido substituída, pois apresenta desvantagens que limitam seu uso generalizado. A baixa temperatura necessária para o anelamento do *primer* ao molde torna o processo bastante dependente das condições de amplificação. Mudanças no termociclador, na DNA polimerase e outros reagentes da mistura da reação podem afetar significativamente o padrão de amplificação.

Para contornar tais problemas, marcadores RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) podem ser convertidos em marcadores SCAR. A banda de DNA de interesse, proveniente do marcador RAPD, é excisada, purificada e clonada. A partir do sequenciamento dos fragmentos clonados, um par de novos *primers* é sintetizado e utilizado para amplificar a mesma região do genoma. Esta estratégia já fora empregada anteriormente para a cultura do feijão (Beraldo *et al.*, 2009; Miklas *et al.*, 2009; Ragagnin *et al.*, 2009) mas, à medida que novas raças quebram as resistências, faz-se necessário novos procedimentos (Miller *et al.*, 2018; Assefa *et al.*, 2019)

O marcador OPE04_{640a} está ligado ao loco de resistência à raça 63.39 de *P. griseola*, presente em ‘MAR-2’ (Ferreira *et al.*, 2000). Da mesma forma, Caixeta *et al.* (2003) concluíram que os marcadores OPA012_{950a} e OPAA07_{950a} estão ligados ao loco

de resistência à raça 61.41 de *P. griseola*, presente em ‘BAT 332’. Este trabalho teve por objetivo a validação de marcadores SCAR desenvolvidos previamente em nossos laboratórios (Damasceno, 2007) a partir dos marcadores RAPD OPE04_{640a}, OPAO12_{950a} e OPAA07_{950a} ligados a genes de resistência a mancha-angular.

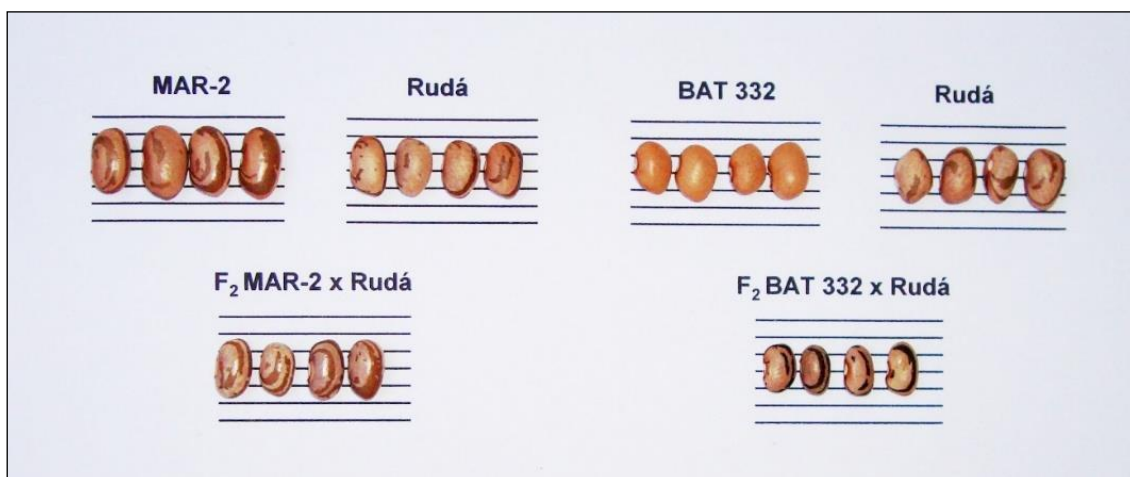
A validação de marcadores SCAR para genes de resistência à mancha-angular não só melhora a eficiência dos programas de melhoramento, mas também atende à necessidade urgente de cultivar variedades mais resilientes frente à pressão de patógenos em constante evolução (Zhang *et al.*, 2019). Além disso, o impacto do controle eficaz de doenças na redução de perdas econômicas é amplamente documentado (Gaikpa e Miedaner, 2019; Van Esse *et al.*, 2020; Fernando *et al.*, 2021) destacando a relevância dessas tecnologias para a sustentabilidade da cultura do feijoeiro.

Metodologia

Material genético e cruzamentos

As sementes dos acessos foram fornecidas pelo Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, da Universidade Federal de Viçosa (BIOAGRO/UFV). Os acessos ‘MAR-2’ e ‘BAT 332’ foram hibridados com a variedade ‘Rudá’, a qual foi usada como genitor feminino. Para assegurar a assertividade dos cruzamentos, analisou-se a cor, formato, tamanho e brilho das sementes F₂ (Figura 1).

Figura 1: Aspectos da forma, tamanho, cor e brilho das sementes dos genitores e suas respectivas populações F₂ derivadas.



Fonte: Elaborados pelos autores (2021).

As populações segregantes F₂ foram usadas para a validação dos marcadores SCAR (Tabela 1).

Tabela 1: Genitores, raças, populações e marcadores SCAR utilizados nas validações.

GENITORES	RAÇA	TAMANHO DA POPULAÇÃO F ₂	MARCADOR SCAR*
MAR-2 x Rudá	63.39	376	SE04 _{640a}
BAT 332 x Rudá	63.47	376	SAO12 _{950a}
	63.47	376	SAA07 _{950a}

*a: acoplamento.

Raças e preparo do inóculo

As avaliações da reação à mancha-angular foram realizadas com as raças 63.39 para F₂ (MAR-2 x Rudá) e 63.47 para F₂ (BAT 332 x Rudá), as quais foram caracterizadas por Nietzsche *et al.* (2002) e Balbi *et al.* (2009), respectivamente. O inóculo de cada raça consistiu de uma suspensão de conídios preparada raspando-se superficialmente colônias do fungo de 12 dias de idade crescendo a 24°C sobre placas contendo uma mistura água destilada, molho de tomate, ágar e carbonato de cálcio (CaCO₃). Essa suspensão foi filtrada em gase e posteriormente ajustada para a concentração final de 2,0 x 10⁴ conídios/mL (Sanglard *et al.*, 2009).

Inoculação e avaliação dos sintomas

As inoculações foram realizadas em ambas as superfícies da primeira folha trifoliolada com o auxílio de um atomizador, acionado por um compressor elétrico. Após a inoculação e rápida secagem ao ar, as plantas foram transferidas para uma câmara de nevoeiro (20°C e umidade relativa > 95%), onde permaneceram por 48 h, sob fotoperíodo de 12 h. Após esse período, foram novamente transferidas para a um viveiro de plantas, onde permaneceram até serem avaliadas.

A severidade da doença foi avaliada visualmente aos 18 e 21 dias após a inoculação, utilizando-se uma escala com nove graus de severidade proposta por Pastor-Corrales e Jara (1995): 1 - plantas sem sintomas da doença; 2 - presença de até 3% de lesões; 3 - presença de até 5% de lesões foliares, sem esporulação do patógeno; 4 - presença de lesões esporuladas cobrindo 10% da área foliar; 5 - presença de várias lesões esporuladas entre 2 e 3 mm, cobrindo 10-15% da área foliar; 6 - presença de numerosas lesões esporuladas maiores que 3 mm, cobrindo entre 15-20% da área foliar; 7 - presença de numerosas lesões esporuladas maiores que 3 mm, cobrindo entre 20-25% da área foliar; 8 - presença de numerosas lesões esporuladas maiores que 3 mm, que cobrem entre 25-30% da área foliar, associadas a tecidos; e 9 - sintomas severos da doença, resultando em queda prematura de folhas e morte da planta. Neste trabalho, as plantas que

apresentaram graus 1 a 3 foram consideradas resistentes e as com grau 4 ou maior, suscetíveis.

Análises moleculares

As extrações de DNA seguiram os procedimentos adaptados de Doyle e Doyle (1990). Antes das execuções das ampliações propriamente, foram realizados testes de gradientes de temperaturas de anelamento (Carvalho *et al.*, 2019), por meio de termocicladores com esse recurso (Equipamentos da marca Eppendorf, modelo Nexus Gradient). As máquinas foram configuradas para o espectro de 50°C a 70°C, sendo utilizados DNAs de dois indivíduos aleatórios de cada uma das populações.

As reações de amplificação foram feitas em um volume total de 15 uL, contendo Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), KCl 50 mM, MgCl₂ 2 mM, 100 uM de cada um dos desoxinucleotídios (dATP, dTTP, dGTP e dCTP), 5 pmoles de cada primer específico (Tabela 2), uma unidade da enzima *Taq* polimerase e 10 ng de DNA. As reações foram programadas para uma etapa a 94°C por 3 min; 35 ciclos a 94°C por 30 s, cada valor do gradiente (50,0°C; 50,3°C; 51,5°C; 53,4°C; 55,7°C; 58,3°C; 61,0°C; 63,7°C; 66,1°C; 68,0°C; 69,4°C e 70,0°C) por 1 min, e 72°C por 90 seg. Após os 35 ciclos, foi realizada uma etapa final de extensão a 72°C por 7 min. Os primers SCARs testados estão descritos na Tabela 2.

Tabela 2: Primers SCAR desenvolvidos a partir dos marcadores moleculares RAPD, visando monitorar genes de resistência à mancha-angular do feijoeiro-comum.

PRIMER	SEQÜÊNCIA DO PRIMER (5'→3')*	T _F (pb)
SAO12	F: GGTCTCAAGCTACAGCGAAA	950
	R: CGGTCTCGATGGTTCTGACT	
SAA07	F: CGCTCACTTATCGAAGATCG	950
	R: CGCTCACTGATTATAGACAAAATTACC	
SE04	F: TGACATGCCCACTTAGTTAGA	640
	R: CATGCCATGATTACCTTCC	

*Seqüências obtidas por Damasceno (2007). T_F (pb): produto de amplificação em pares de bases. F: Forward. R: Reverse. **Fonte:** Elaborado pelos autores (2021).

Os fragmentos de DNA amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose 1,4%, em SB 1X (hidróxido de sódio 10 mM, pH 8,5 ajustado com ácido bórico) (Brody & Kern, 2004). No momento da aplicação, foram adicionados, a cada amostra, 3 uL do corante tipo IV [0,125% (m/v) de azul de bromofenol e 10% (m/v) de sacarose] e 5 uL de GelRed™. Os géis foram submetidos a uma carga de 120 V, por 3 horas. Findadas

as eletroforeses, os géis foram analisados por meio de um sistema de fotodocumentação (Loccus Biotecnologia, modelo L-PIX), conforme adaptado de Sambrook *et al.* (1989).

Determinação das distâncias genéticas

As frequências genótípicas esperadas na população F₂ utilizando marcadores dominantes ligados em fase de aproximação podem ser observadas na Tabela 3.

Tabela 3: Frequências genótípicas esperadas na população F₂ utilizando marcadores dominantes ligados em fase de aproximação, derivadas de cruzamentos entre indivíduos com genótipos MMGG x mmgg.

GENÓTIPO	CÓDIGO	Nº OBS	FREQUÊNCIA ESPERADA	P ₁ (RIG)
M_G_	4-4	a1	$p_1 = \frac{1}{2} + \frac{1}{4}(1-r)^2 = \frac{1}{4}(2+s^2)$	$\frac{2r}{(3r-2r+r^2)}$
M_gg	4-2	a2	$p_2 = \frac{1}{4} - \frac{1}{4}(1-r)^2 = \frac{1}{4}(1-s^2)$	$\frac{1}{(2-r)}$
mmG_	2-4	a3	$p_3 = \frac{1}{4} - \frac{1}{4}(1-r)^2 = \frac{1}{4}(1-s^2)$	$\frac{1}{(2-r)}$
mmgg	2-2	a4	$p_4 = \frac{1}{4}(1-r)^2 = \frac{1}{4}s^2$	0,0

M/m: loco relacionado à marca molecular. G/g: loco do gene de interesse. Nº Obs: número observado. P₁ (RIG): probabilidade de que um gameta seja recombinante, dado o genótipo dos locos. $s = (1-r)$. **Fonte:** Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

O teste de qui-quadrado (χ^2_{Total}) foi efetuado com o auxílio do programa GQMOL (Cruz, 2016) visando avaliar se houve ajuste para as proporções de 9:3:3:1, considerando 3 graus de liberdade. Também foi decomposto o qui-quadrado obtido na análise das quatro classes fenotípicas, em qui-quadrado associado à hipótese de segregação do gene de resistência “G/g”, da marca molecular “M/m”, e de forma conjunta; estando todos associados a 1 grau de liberdade. As seguintes expressões foram calculadas a 5% de probabilidade pela decomposição do qui-quadrado (χ^2_{Total}), onde $N = a1 + a2 + a3 + a4$:

$$\chi^2_{(M/m)} = \frac{(a1 + a2 - 3a3 - 3a4)^2}{3N}; \chi^2_{(G/g)} = \frac{(a1 - 3a2 + a3 - 3a4)^2}{3N}; \chi^2_{\text{conjunta}} = \frac{(a1 - 3a2 - 3a3 - 9a4)^2}{9N}.$$

Os dados das reações de amplificação com marcadores SCAR foram codificados como presença (4) e ausência (2) nos indivíduos das populações F₂ (MAR-2 x Rudá) e F₂ (BAT 332 x Rudá). Codificação semelhante foi utilizada para os indivíduos resistentes (4) e suscetíveis (2) destas populações, com base nas inoculações. A determinação da

distância genética entre as marcas moleculares e os genes de resistência também foi feita com o auxílio do software GQMOL, acoplado ao programa computacional GENES (Cruz, 2016). Marcadores e genes de resistência foram agrupados, utilizando-se valor de LOD mínimo igual a 3,0 e máxima recombinação igual a 30%. Para a estimação da porcentagem de recombinação, foi utilizada a função de máxima verossimilhança disponível na interface do programa.

Nomenclatura dos primers SCAR

A nomenclatura dos marcadores SCAR foi derivada da numeração do RAPD que o originou, precedida pela letra ‘S’. As designações F para ‘forward’ e R para ‘reverse’ foram utilizadas para diferenciar cada primer SCAR. Portanto, como exemplo, a representação SE04_F se refere ao primer SCAR forward originado da sequência do fragmento OPE04_{640a}.

Resultados e Discussão

Neste trabalho três primers SCARs foram validados quanto ao monitoramento de genes de resistência à mancha-angular do feijoeiro-comum. Inicialmente, a população F₂ (MAR-2 x Rudá) foi inoculada com a raça 69.39 de *P. griseola*, sendo esta, a mesma utilizada no trabalho de identificação do marcador OPE04_{640a}, conduzido por Ferreira *et al.* (2000).

A raça 61.41, a qual originalmente foi utilizada na identificação dos marcadores OPAA07_{950a} e OPAO12_{950a} tendo ‘BAT 332’ como fonte de resistência (Caixeta *et al.*, 2003), não estava mais disponível. Dessa forma, foi necessário testar outras raças para as análises de co-segregação.

A partir do trabalho realizado por Balbi *et al.* (2008), foi verificado que ‘BAT 332’ é resistente às raças 15.7, 63.7, 47.39 e 63.47. Estas foram inoculadas em grupos individuais de 50 plantas da população F₂ (BAT 332 x Rudá). Como resultado, foi utilizada a raça 63.47 por proporcionar melhor discriminação das reações ao patógeno e pelo padrão de segregação 3:1 (resistência condicionada por um gene com relação alélica de dominância completa).

Após os testes de gradiente, foram consideradas apropriadas as temperaturas de 60°C, 62°C e 65°C referentes aos marcadores SAA07_{950a}, SAO12_{950a} e SE04_{640a}, respectivamente. As sequências, a natureza dos marcadores, e as condições de amplificação na PCR estão resumidas na Tabela 4.

Tabela 4: Sequências e condições de amplificação para marcadores moleculares SCAR ligados a genes de resistência à mancha-angular.

PRIMER*	CARACTERÍSTICAS DA PCR				T _F (pb)	TIPO
	Ciclos	Desnaturação	Anelamento	Extensão		
SAO12	35	94°C/30 s	62°C/1 min	72°C/90 s	950	Dom
SAA07	35	94°C/30 s	60°C/1 min	72°C/90 s	950	Dom
SE04	35	94°C/30 s	65°C/1 min	72°C/90 s	640	Dom

*Primers obtidos por Damasceno (2007). T_F (pb): Tamanho do produto de amplificação em pares de bases. Dom: Dominante. **Fonte:** Elaborado pelos autores (2021).

Ao se lançar a hipótese de independência de segregação entre dois locos quaisquer (Hirani *et al.*, 2018), a razão de segregação esperada é igual a 9:3:3:1. Essa proporção pode ser testada pelo teste de qui-quadrado (χ^2), considerando todas as quatro classes fenotípicas e três graus de liberdade (Cruz, 2016). No entanto, a rejeição desta hipótese não implica que os locos estejam ligados, pois é possível que, no caso de uma validação de marcador molecular, um gene de resistência “G/g” ou o loco para o marcador “M/m”, não estejam segregando na proporção esperada de 3:1 (Michel *et al.*, 2018). Para verificar essa possibilidade, foram decompostos os qui-quadrados obtidos das três classes: qui-quadrados associados à hipótese de segregação do gene “G/g”, do loco marcador “M/m”, e de forma conjunta (Tabelas 5 e 6).

Em todos os casos, foi observado que os locos relacionados aos genes de resistência e aos respectivos marcadores moleculares, segregaram, individualmente, como esperado, na proporção 3:1. O padrão de herança monogênica dominante também já havia sido descrito para os genótipos ‘MAR-2’ e ‘BAT 332’ na identificação dos respectivos marcadores RAPD (Ferreira *et al.*, 2000; Caixeta *et al.*, 2003). Neste trabalho, as segregações conjuntas foram rejeitadas sob a hipótese de independência, confirmando a ligação entre os marcadores e os genes de resistência.

A mensuração da frequência de gametas recombinantes entre dois locos constitui procedimento importante para o cálculo das distâncias genéticas (Peñalba e Wolf, 2020). Diversos tratamentos estatísticos podem ser usados para estimar a frequência de recombinantes, entre eles, de acordo com Song *et al.* (2021), o método analítico obtendo a função de máxima verossimilhança.

Tabela 5: Análise da segregação do gene que confere resistência à raça 63.39 de *P. griseola* e do marcador SE04_{640a} na população F₂ (Rudá x MAR-2).

LOCO	PROPORÇÃO ESPERADA	PROPORÇÃO OBSERVADA	χ^2	P(%)	cM
M/m	3:1	277:99	0,3546	55,1515	
G/g	3:1	285:91	0,1276	72,0871	
M/m G/g	9:3:3:1	270:7:15:84	272,3404	0	6,03

M/m: loco relacionado ao marcador SE04_{640a}. G/g: loco do gene de resistência à raça 63.39 de *P. griseola*. P(%): probabilidade associada ao teste de qui-quadrado (χ^2). cM: distância genética (centiMorgans) obtida por meio da função de mapeamento de Kosambi (1944). **Fonte:** Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

Tabela 6: Análise da segregação do gene que confere resistência à raça 63.47 de *P. griseola* e dos marcadores SAA07_{950a} e SAO12_{950a} na população F₂ (Rudá x BAT332).

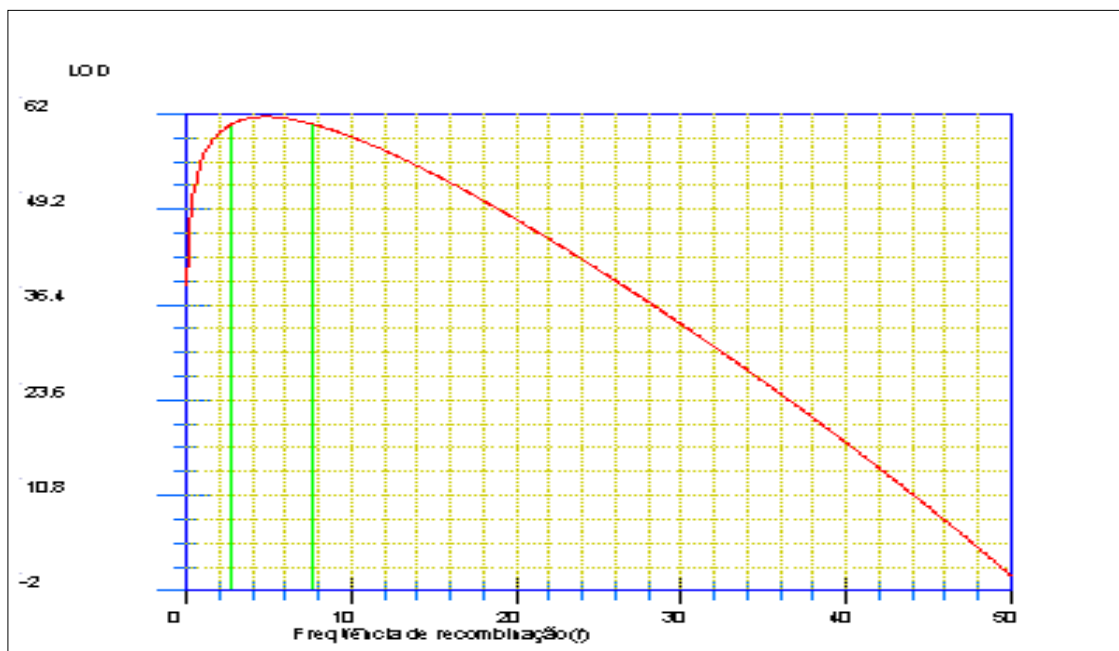
LOCO	PROPORÇÃO ESPERADA	PROPORÇÃO OBSERVADA	χ^2	P(%)	cM
M1/m1	3:1	285:91	0,1276	72,0871	
M2/m2	3:1	280:96	0,0567	81,1728	
G/g	3:1	285:91	0,1276	72,0871	
M1/m1 G/g	9:3:3:1	276:9:9:86	293,1489	0	4,92
M2/m2 G/g	9:3:3:1	272:8:10:86	290,7905	0	7,02
M2/m2 M1/m1	9:3:3:1	277:3:5:91	94,6678	0	2,10

M1/m1: loco relacionado ao marcador SAA07_{950a}. M2/m2: loco relacionado ao marcador SAO12_{950a}. G/g: loco do gene de resistência à raça 63.47 de *P. griseola*. P(%): probabilidade associada ao teste de qui-quadrado (χ^2). cM: distância genética (centiMorgans) obtida por meio da função de mapeamento de Kosambi (1944). Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

O intervalo de confiança para a frequência de recombinação pode ser estabelecido por meio do LOD score (Halldorsson *et al.*, 2019). Este por sua vez representa a razão de verossimilhança, em que no numerador é disposta a função que possui a estimativa de máxima verossimilhança de r ; e, no denominador, a função de verossimilhança considerando $r = 0,5$ (ausência de ligação). Para facilitar a interpretação, essa razão é colocada no logaritmo com base 10, sendo este termo definido como LOD score (Kong *et al.*, 2021). Por exemplo, de acordo com Blanton (2021), um valor de LOD score igual a 3,0 implica que há uma probabilidade 1000 vezes maior da presença de ligação do que da ausência de ligação entre os locos em estudo.

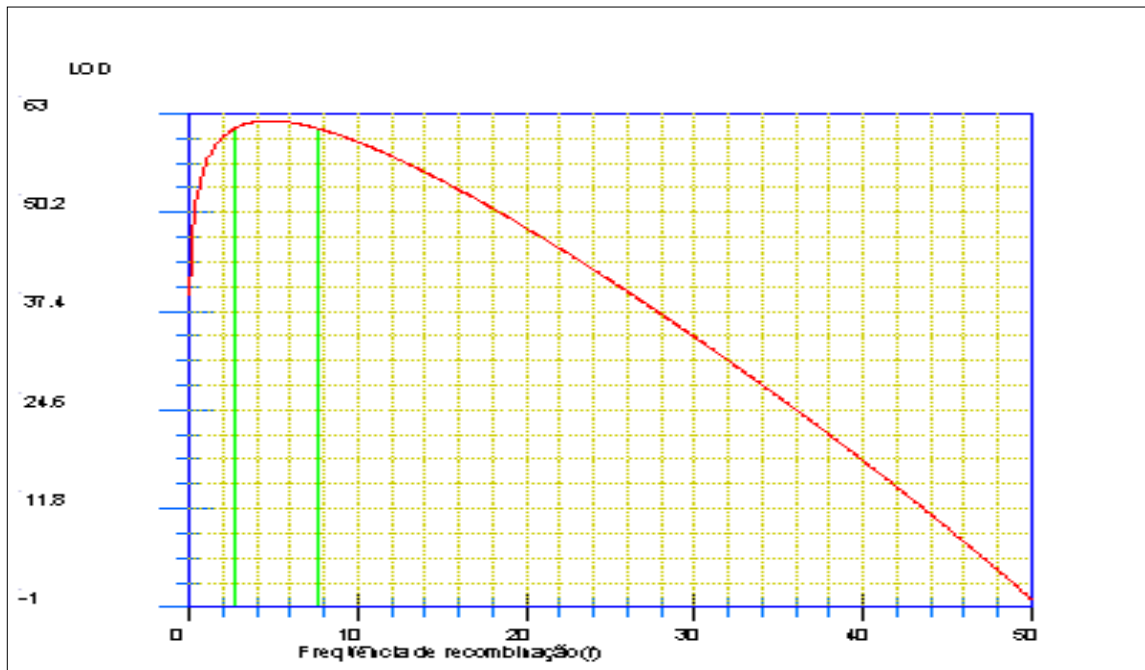
Assim, o intervalo suporte (ou intervalo de confiança) pode ser obtido a partir da curva dos valores de LOD score, em função dos valores da porcentagem de recombinação entre os locos. Este intervalo é delimitado pelos pontos correspondentes da porcentagem de recombinação obtidos a partir da redução em uma unidade do LOD representativo do ponto de máximo da curva (Gonda *et al.*, 2019). Nas Figuras 2, 3 e 4 são apresentados os gráficos contendo os intervalos de confiança dos valores de recombinação referentes aos marcadores SAA07_{950a}, SAO12_{950a} e SE04_{640a}, respectivamente.

Figura 2: Valores de LOD score em função das frequências de recombinação, relativos à análise entre o marcador SAA07_{950a} e o gene de resistência à raça 63.47 de *P. griseola*. As colunas verdes delimitam o intervalo de confiança da estimativa de recombinação. LOD máximo = 61,6314; limite inferior = 2,90; limite superior = 7,70.



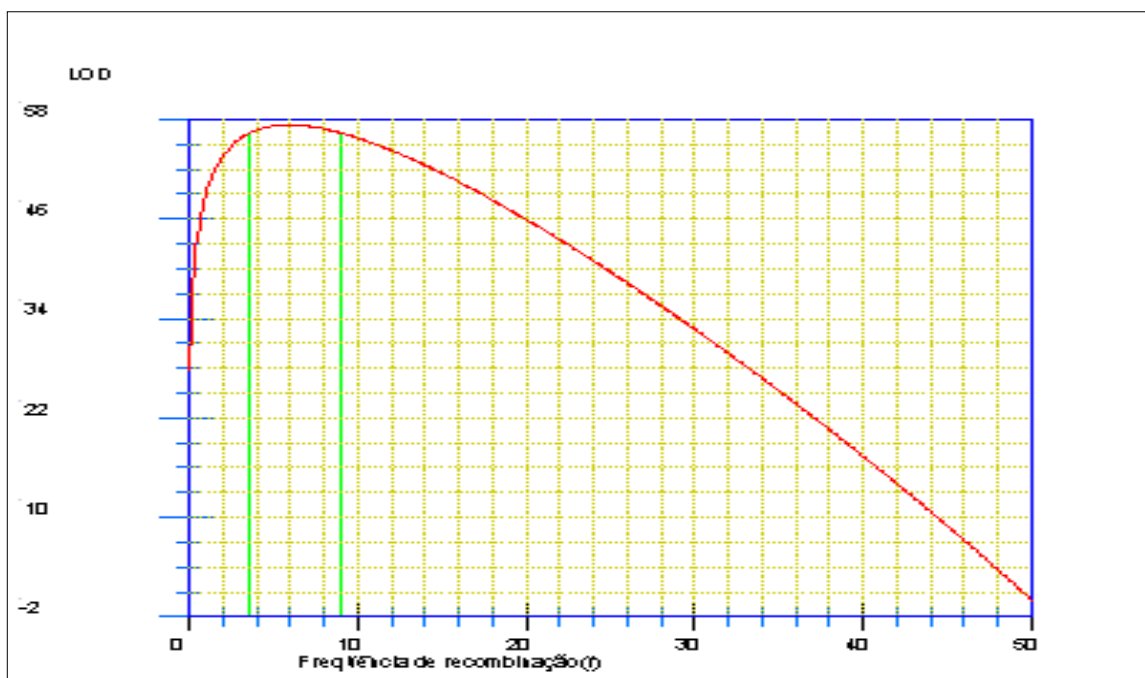
Fonte: Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

Figura 3: Valores de LOD score em função das frequências de recombinação relativos à análise entre o marcador SAO12_{950a} e o gene de resistência à raça 63.47 de *P. griseola*. As colunas verdes delimitam o intervalo de confiança da estimativa de recombinação. LOD máximo = 62,0790; limite inferior = 2,90; limite superior = 7,70.



Fonte: Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

Figura 4: Valores de LOD score em função das frequências de recombinação relativos à análise entre o marcador SE04_{640a} e o gene de resistência à raça 63.39 de *P. griseola*. As colunas verdes delimitam o intervalo de confiança da estimativa de recombinação. LOD máximo = 57,3513; limite inferior = 3,70; limite superior = 9,10.



Fonte: Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

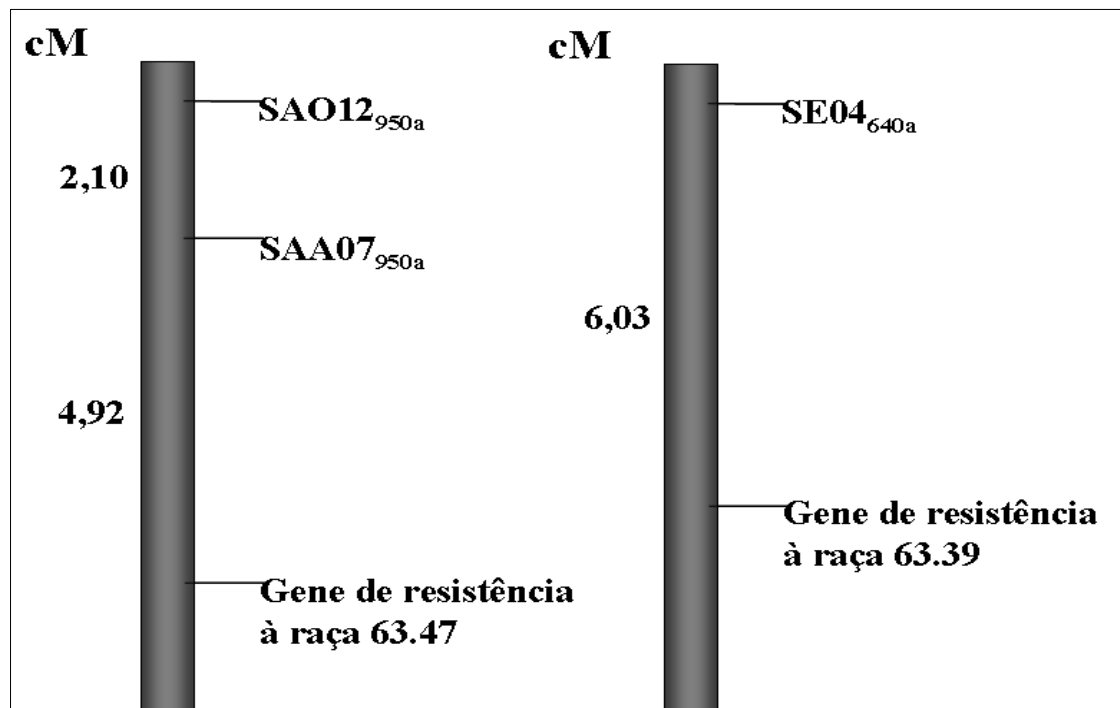
Alguns aspectos importantes para a obtenção dos intervalos de confiança e maior precisão das estimativas das frequências de recombinação entre dois locos, se referem ao

tipo e tamanho das populações utilizadas, além da natureza do marcador molecular. Nos trabalhos de simulação realizados por Peñalba e Wolf (2020) foram obtidos os tamanhos mínimos de determinadas populações necessários para se obterem as frequências de recombinação entre dois locos em função da precisão desejada. Considerando uma população F_2 , trabalhada com um marcador dominante em fase de acoplamento, e no nível de significância α de 5%; seriam necessários pelo menos 310 indivíduos. Neste trabalho, foram utilizadas populações com 376 indivíduos, atendendo ao critério para esta precisão das estimativas.

Embora a frequência de recombinantes indique a medida de distância entre dois locos ao longo de determinado cromossomo, o ideal é que as distâncias usadas na construção de mapas genéticos sejam totalmente aditivas, de modo que, ao atribuir novos locos (marcadores) ao mapa, não seja necessário ajustar as distâncias já estabelecidas (Ramekar *et al.*, 2018). Entretanto, as frequências de recombinação não são aditivas; sendo, portanto, inadequadas como medidas diretas de distâncias entre dois locos a serem mapeados, ou no caso de ligação entre genes de interesse e marcadores moleculares com o intuito de seleção assistida (Zhang *et al.*, 2018; Wang *et al.*, 2019).

Para estabelecer a relação entre as distâncias genéticas entre dois locos em um mapa e a frequência de gametas recombinantes, são utilizadas as chamadas funções de mapeamento. Neste estudo, foi utilizada a função de Kosambi (Kosambi, 1944), a qual admite a ocorrência de permutas próximas como eventos não independentes (presença de interferência). Assim, esta função assume a interferência completa entre regiões arbitrariamente próximas, sendo decrescente para locos mais distantes, e iguais à zero para locos independentes (Veller *et al.*, 2019). Na Figura 5 são representadas as posições relativas e distâncias genéticas cromossômicas entre os SCARs e os genes de resistência à mancha-angular, para os quais foram validados.

Figura 5: Posições relativas e distâncias genéticas entre os marcadores moleculares e os genes de resistência à mancha-angular, para os quais foram validados.



Fonte: Elaborado pelos autores (2021), em detrimento de adaptações de Cruz (2016).

No estudo realizado por Ferreira *et al.* (2000), constatou-se que o marcador RAPD OPE04_{640a} estava ligado ao loco de resistência à raça 63.39, presente em ‘MAR-2’, a uma distância de 5,80 cM. No caso dos marcadores OPAO12_{950a} e OPAA07_{950a}, as distâncias foram de 5,83 cM e 5,10 cM, em relação ao loco de resistência à raça 61.41, oriundo de ‘BAT 332’ (Caixeta *et al.*, 2003). Neste trabalho, foram estimadas as distâncias de 6,03 cM, 7,02 cM e 4,92 cM, referentes aos marcadores SE04_{640a}, SAO12_{950a} e SAA07_{950a}, respectivamente. De acordo com Uffelmann *et al.* (2021), essas variações podem ser explicadas pelas diferenças nos tamanhos das populações usadas na obtenção das estimativas das distâncias, e pela substituição da raça 61.41 por 63.47, considerando os marcadores SAO12_{950a} e SAA07_{950a}.

Nietsche *et al.* (2002) avaliando a reação de nove cultivares de feijoeiro a 60 isolados de *P. griseola*, classificados em 25 raças, relataram os genótipos ‘México 54’ e ‘MAR-2’ como sendo importantes fontes de resistência a mancha-angular. Considerando o estudo de alelismo conduzido por Caixeta *et al.*, (2005), quando utilizada a raça 63.39 de *P. griseola*, não foi observada segregação da população F₂ oriunda do cruzamento entre ‘México 54’ e ‘MAR-2’, comprovando a presença de um loco em comum. Estes dois genótipos apresentam diferentes reações, quando testados contra um conjunto de

raças do patógeno, sugerindo que, os fatores presentes naquele loco em comum não são o mesmo alelo e, sim, formas alélicas distintas. Deste modo, ‘México 54’ possuiria o alelo *Phg-5* e ‘MAR-2’ o alelo *Phg-5*², sendo possível que as isolinhas derivadas destes genótipos possuam apenas formas alélicas de um mesmo gene, o que seria inviável do ponto de vista da piramidação (Alemu, 2021).

Os marcadores RAPD OPE04_{640a} e OPE04_{650a}, os quais monitoram os genes de resistência presentes em ‘MAR-2’ e ‘México 54’, respectivamente, geram produtos específicos. A banda amplificada a partir do DNA de ‘MAR-2’ não se manifesta em ‘México 54’, e vice-versa. Entretanto, as posições das bandas de tamanhos específicos ligadas a cada loco de resistência, aparecem muito próximas, o que impossibilita sobre a inferência de genótipos que possuam as duas marcas simultaneamente, o que não é incomum (Boopathi e Boopathi, 2020). Neste trabalho foi observado que o marcador SE04_{640a}, validado na população F₂ (MAR-2 x Rudá), também gerou banda em posição similar quando testado com o DNA de ‘México 54’, o que inviabiliza seu uso no caso do intercruzamento de materiais derivados destes genótipos. Além disso, foi observada uma segregação independente na tentativa de validação do marcador SE04_{640a} por meio da população F₂ (México-54 x Rudá) e a raça 63.19.

O genótipo ‘BAT 332’ tem uma especial importância por apresentar uma resistência complementar às outras fontes de resistência (Nietsche *et al.*, 2002; Balbi *et al.*, 2009). Os marcadores SAO12_{950a} e SAA07_{950a}, identificados no presente trabalho, podem auxiliar a incorporação da resistência desse genótipo, em outros *backgrounds* genéticos de interesse. Esses marcadores foram testados nas fontes de resistência ‘México 54’, ‘MAR-2’, ‘Cornell 49-242’ e ‘AND 277’, sendo que a banda só foi amplificada em ‘BAT 332’. Este resultado demonstra a especificidade dos marcadores ao gene *Phg-6*² de ‘BAT 332’, facilitando a identificação deste quando linhagens derivadas das fontes forem cruzadas e os diferentes genes combinados.

Os marcadores SCARs desenvolvidos estão sendo utilizados em trabalhos de piramidação de genes de resistência à mancha-angular conduzidos pelo Laboratório de Biotecnologia da UFMG (*Campus* Montes Claros). Estes têm sido utilizados em associação com dados de avaliação fenotípica, visando o aumento da eficiência de seleção.

Considerações Finais

O presente estudo consolidou conhecimentos relevantes ao validar marcadores SCAR associados à resistência à mancha-angular no feijoeiro-comum, reforçando sua utilidade como ferramentas práticas em programas de melhoramento genético. A utilização dos marcadores SE04_{640a}, SAO12_{950a} e SAA07_{950a}, obtidos de suas modalidades RAPD, geraram distâncias genéticas confiáveis e especificidades comprovadas, destacando seu papel no monitoramento de genes de resistência em populações de melhoramento que visam aumentar o espectro da resistência à mancha-angular do feijoeiro-comum.

A aplicação desses marcadores em estratégias de seleção assistida fortalece um tecnicamente os programas de melhoramento, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais resilientes e adaptadas para diferentes regiões. A validação de marcadores com base em análises fenotípicas e moleculares reafirma a importância da integração de metodologias tradicionais e biotecnológicas para a obtenção de resultados consistentes e aplicáveis.

A piramidação de genes, essencial para a obtenção de genótipos com resistência durável no tempo, destaca-se como um desfecho promissor para o controle sustentável de doenças, contribuindo efetivamente para a economia com fungicidas e manejos integrados a partir de diferentes fontes de resistência (tolerância a amplos espectros e virulências de raças de um patógeno). Em síntese, foram validados os marcadores SAA07_{950a}, SAO12_{950a} e SE04_{640a} como sendo ligados a locos de resistência à mancha-angular do feijoeiro comum. Os marcadores SAA07_{950a} e SAO12_{950a} monitoram o loco de resistência à raça 63.47, presente em ‘BAT 332’, às distâncias de 4,92 cM e 7,02 cM, respectivamente. O SE04_{640a} está ligado a 6,03 cM do loco de resistência à raça 63.39, presente em ‘MAR-2’.

Agradecimentos

Agradecemos ao Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO) da Universidade Federal de Viçosa (UFV) pela colaboração ao ceder as sementes dos genitores utilizados neste trabalho. Destacamos os esforços durante as execuções técnicas por parte da equipe acadêmica vinculadas ao Laboratório de Biotecnologia da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), *campus* Montes Claros.

Referências

ALEMU, A. Molecular markers implementation in plant breeding for identification and introgression of gene and gene pyramiding: a review. **Ethiopian Journal of Natural and Computational Sciences**, v. 1, n. 2, p. 195-217, 2021.

ASSEFA, T. *et al.* A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 39, p. 1-23, 2019.

BALBI, B. P. *et al.* Phenotypical evaluation of resistance sources to common bean angular leaf spot by using races occurring in the State of Minas Gerais, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 51, p. 196-197, 2008.

BALBI, B. P. *et al.* Characterization of *Pseudocercospora griseola* isolates collected in the state of Minas Gerais, Brazil. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 52, p. 56-57, 2009.

BERALDO, A. L. A. *et al.* Application of SCAR markers for selection of anthracnose-resistant common bean lines. **Bragantia**, v. 68, p. 53-61, 2009.

BLANTON, S. H. Linkage analysis. In: **Genetic Analysis of Complex Diseases**. [s.l.]: [s.n.], p. 105-168, 2021.

BOOPATHI, N. M.; BOOPATHI, N. M. **Genotyping of mapping population. In: Genetic Mapping and Marker Assisted Selection: Basics, Practice and Benefits**. [s.l.]: [s.n.], p. 107-178, 2020.

BRODY, R. J.; KERN, E. S. Sodium boric acid: a Tris-free, cooler conductive medium for DNA electrophoresis. **BioTechniques**, v. 36, p. 214-216, 2004.

BROWN, J. K. Durable resistance of crops to disease: a Darwinian perspective. **Annual Review of Phytopathology**, v. 53, n. 1, p. 513-539, 2015.

CAIXETA, E. T. *et al.* Inheritance of angular leaf spot resistance in common bean line BAT 332 and identification of RAPD markers linked to the resistance gene. **Euphytica**, v. 134, p. 297-303, 2003.

CAIXETA, E. T. *et al.* Allelic relationships for genes that confer resistance to angular leaf spot in common bean. **Euphytica**, v. 145, p. 237-245, 2005.

CARVALHO, M. S. *et al.* High-quality DNA isolated from the cortex of *Euterpe edulis* Mart. (*Arecaceae*). **Ciência Florestal**, v. 29, p. 396-402, 2019.

CRUZ, C. D. Programa Genes - Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 38, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Viçosa: UFV, 2011. 620 p.

CANPOLAT, S.; MADEN, S. Reactions of some common bean cultivars grown in Turkey against isolates of angular leaf spot disease caused by *Pseudocercospora*

griseola (Sacc.) Crous & U. Braun. **Plant Protection Bulletin**, v. 60, n. 2, p. 45-54, 2020.

DAMASCENO, J. D. **Desenvolvimento e validação de marcadores moleculares SCAR ligados a genes de resistência à mancha-angular do feijoeiro**. Viçosa, MG: UFV, 39 p. (Monografia). Universidade Federal de Viçosa, 2007.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1990.

FERNANDO, W. D. *et al.* Advances in epidemiology, resistance breeding, and forecasting research for reducing the impact of fusarium head blight in wheat and barley. **Canadian Journal of Plant Pathology**, v. 43, n. 4, p. 495-526, 2021.

FERREIRA, C. F. *et al.* Inheritance of angular leaf spot resistance in common bean and identification of a RAPD marker linked to a resistance gene. **Crop Science**, v. 40, p. 1130-1133, 2000.

GAIKPA, D. S.; MIEDANER, T. Genomics-assisted breeding for ear rot resistances and reduced mycotoxin contamination in maize: methods, advances and prospects. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 132, p. 2721-2739, 2019.

GONDA, I. *et al.* Sequencing-based bin map construction of a tomato mapping population, facilitating high-resolution quantitative trait loci detection. **The Plant Genome**, v. 12, n. 1, p. 180010, 2019.

HALLDORSSON, B. V. *et al.* Characterizing mutagenic effects of recombination through a sequence-level genetic map. **Science**, v. 363, n. 6425, p. eaau1043, 2019.

HIRANI, A. H. *et al.* Combinations of independent dominant loci conferring clubroot resistance in all four turnip accessions (*Brassica rapa*) from the European clubroot differential set. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1628, 2018.

KONG, D. *et al.* Logarithmic data processing can be used justifiably in the plotting of a calibration curve. **Analytical Chemistry**, v. 93, n. 36, p. 12156-12161, 2021.

KOSAMBI, D. D. The estimation of map distances from recombination values. **Annual Eugene**, v. 12, p. 172-175, 1944.

LAMICHHANE, J. R. *et al.* Integrated management of damping-off diseases: A review. **Agronomy for Sustainable Development**, v. 37, p. 1-25, 2017.

MADAKBAŞ, S. Y. *et al.* Genetic characterization of green bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions from Turkey with SCAR and SSR markers. **Biochemical Genetics**, v. 54, p. 495-505, 2016.

MARTIN, R. *et al.* Structure of the activated ROQ1 resistosome directly recognizing the pathogen effector XopQ. **Science**, v. 370, n. 6521, p. eabd9993, 2020.

MILLER, T. *et al.* Alternative markers linked to the *Phg-2* angular leaf spot resistance locus in common bean using the *Phaseolus* genes marker database. **African Journal of Biotechnology**, v. 17, n. 26, p. 818-828, 2018.

- MEZIADI, C. *et al.* Development of molecular markers linked to disease resistance genes in common bean based on whole genome sequence. **Plant Science**, v. 242, p. 351-357, 2016.
- MICHEL, V. *et al.* NtTPN1: a RPP8-like R gene required for *Potato virus Y*-induced veinal necrosis in tobacco. **The Plant Journal**, v. 95, n. 4, p. 700-714, 2018.
- MIKLAS, P. N. *et al.* Tagging and mapping *Pse-1* gene for resistance to halo blight in common bean host differential cultivar UI-3. **Crop Science**, v. 49, p. 41-48, 2009.
- NELSON, R. *et al.* Navigating complexity to breed disease-resistant crops. **Nature Reviews Genetics**, v. 19, n. 1, p. 21-33, 2018.
- NIETSCHKE, S. *et al.* Genetic variability of pathogenicity in *Phaeoisariopsis griseola* in Brazil. **Summa Phytopathologica**, v. 28, n. 4, p. 331-335, 2002.
- PASTOR-CORRALES, M. A.; JARA, C. E. Evolution of *Phaeoisariopsis griseola* with common bean in Latin America. **Fitopatologia Colombiana**, v. 19, p. 15-24, 1995.
- PEÑALBA, J. V.; WOLF, J. B. From molecules to populations: appreciating and estimating recombination rate variation. **Nature Reviews Genetics**, v. 21, n. 8, p. 476-492, 2020.
- PEYRAUD, R. *et al.* Advances on plant–pathogen interactions from molecular toward systems biology perspectives. **The Plant Journal**, v. 90, n. 4, p. 720-735, 2017.
- RAGAGNIN, V. A. *et al.* Development and agronomic performance of common bean lines simultaneously resistant to anthracnose, angular leaf spot, and rust. **Plant Breeding**, v. 28, p. 156-163, 2009.
- RAMEKAR, R. V. *et al.* Construction of genetic linkage map and identification of QTLs related to agronomic traits in maize using DNA transposon-based markers. **Breeding Science**, v. 68, n. 4, p. 465-473, 2018.
- RODRÍGUEZ, D. *et al.* Identification of resistance sources of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) to angular leaf spot (*Pseudocercospora griseola*). **Revista Facultad Nacional de Agronomía Medellín**, v. 72, n. 2, p. 8785-8791, 2019.
- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATIS, T. **Molecular cloning: a laboratory manual**. New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 3:8B, 1989.
- SANGIARD, D. A. *et al.* An efficient protocol for isolation, sporulation, and maintenance of *Pseudocercospora griseola*. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 52, p. 62-63, 2009.
- SONG, Y. *et al.* Maximum likelihood training of score-based diffusion models. **Advances in Neural Information Processing Systems**, v. 34, p. 1415-1428, 2021.
- VAN ESSE, H. P. *et al.* Advances in genetic engineering for disease resistance in plants. **New Phytologist**, v. 225, n. 1, p. 70-86, 2020.

- VELLER, C. *et al.* Genome-wide genetic shuffling measured through crossover positions and Mendel's second law. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 116, n. 5, p. 1659-1668, 2019.
- UFFELMANN, E. *et al.* Genome-wide association studies. **Nature Reviews Methods Primers**, v. 1, n. 1, p. 59, 2021.
- VAN ESSE, H. P. *et al.* Genetic modification to improve disease resistance in crops. **New Phytologist**, v. 225, n. 1, p. 70-86, 2020.
- VELLER, C. *et al.* A rigorous measure of genome-wide genetic shuffling that takes into account crossover positions and Mendel's second law. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 116, n. 5, p. 1659-1668, 2019.
- WANG, Y. *et al.* Construction of a high-density genetic map and analysis of seed-related traits using specific length amplified fragment sequencing for *Cucurbita maxima*. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 1782, 2020.
- WANG, Y. *et al.* High-density genetic map construction and analysis of seed traits in *Cucurbita maxima*. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 1782, 2020.
- ZHANG, Y. *et al.* Construction of a high-density genetic map and mapping of QTLs for soybean (*Glycine max*) agronomic and seed quality traits by specific length amplified fragment sequencing. **BMC Genomics**, v. 19, p. 1-14, 2018.
- ZHANG, Y. *et al.* High-density genetic map and mapping of QTLs in soybean (*Glycine max*). **BMC Genomics**, v. 19, p. 1-14, 2018.
- ZHANG, Y. *et al.* Molecular distinction of *Trapa natans* L. varieties in Taihu Lake Region of China and development of a RAPD-SCAR marker for authentication of 'Heshangling'. **HortScience**, v. 54, n. 8, p. 1319-1323, 2019.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Abelhas, 34, 35, 38
Agentes biológicos, 3, 7, 8
Agrícola, 10, 1, 2, 3, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 22, 25, 26, 28, 34, 36, 37
Agricultura, 10, 2, 11, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 39, 40, 41, 42, 45, 48, 50, 106
Agricultura, 6, 14, 16, 17, 18, 19, 20, 23, 24, 45, 53
Agricultura 1.0, 14, 17
Agricultura 2.0, 14, 17
Agricultura 3.0, 14, 17, 18
Agricultura 4.0, 14, 16, 17, 20, 24
Agricultura de precisão, 16, 18, 20, 24
Agricultura digital, 14, 16, 18, 20, 21, 23
Alimento, 15
Amplificação, 59, 61, 71, 74, 75, 78
Apícolas, 26, 28, 29, 34, 35, 36

B

Bactérias, 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 45
Bactérias, 6
Basalto, 43, 44, 46, 49, 51, 52
Biocombustíveis, 41
Biocontrole, 2, 4
Biodiversidade, 25, 26, 27, 28, 38, 39
Bioma, 25, 26, 27, 35, 37, 38
Biopesticidas, 2, 8
Biotecnologia, 57, 58, 60, 67, 79, 106

C

Caatinga, 25, 26, 27, 34, 35, 36, 37, 38
Cactário, 26, 28, 29, 34, 37
Calcário, 43, 46, 48
Canteiros, 28, 33, 34
Carthamus tinctorius, 54, 55, 57, 59, 61, 62, 64, 66, 67, 68, 69
Composteira, 29, 30
Consumidor, 73, 75, 77
Controle biológico, 10, 1, 2, 3, 4, 5, 7, 8
Controle de pragas, 2, 26, 28
Controle químico, 2
Covid-19, 29

D

Defensivos, 1, 4, 48
Dormência, 26, 28, 31, 32

E

Eletroforese, 60, 65, 89
Enraizadores, 32, 38

F

Facebook, 4, 107
Fatores climáticos, 37
Fertilizantes, 41, 42
Fitopatógenos, 6
Folhelho betuminoso, 46, 48
Fotodocumentação, 60, 90
Fraudes, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77
Fungos, 4

G

Genes de resistência, 85, 86, 87, 89, 91, 92, 96, 97, 98, 99, 101
Genética, 106
Geoprocessamento, 14, 16, 18, 19, 20, 24
Google, 3, 16
Gps, 14, 16, 18, 20, 22
Granito, 46, 47

I

Industrialização, 14, 15
Inoculação, 85, 88
Inovação, 23, 79
Insa, 25, 26, 28, 29, 31, 36, 38
Instagram, 4, 107
Instituto nacional do semiárido – insa, 26, 27, 28
Issrs, 55, 56, 57, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67

L

Lamp, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83

M

Mancha-angular, 85, 87, 88, 89, 91, 92, 96, 97, 98, 99, 101
Melhoramento genético, 55, 56, 79, 85, 86, 99, 106
Microbiológicos, 1, 3, 4
Microrganismos, 1, 3, 8, 43, 45
Modernização, 14, 15, 24, 39
Mudas, 26, 28, 29, 31, 32, 38

N

Nematicidas, 1, 2, 8
Nematoides, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 11

P

Pandemia, 10, 29
Patógenos, 1, 2, 3, 5, 7, 8, 78, 86, 87
Políticas públicas, 71, 74, 77, 78
Primers, 55, 56, 57, 59, 60, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 74, 77
Primers, 89, 92, 103
Produtividade, 4, 14, 16, 17, 18, 22, 37
Pubmed, 3

Q

Qui-quadrado, 90, 92, 93

R

Redes sociais, 4, 107
Remineralizadores, 40, 41, 42, 43, 45, 46, 47, 49, 50, 52
Resistência, 1, 3, 5, 6, 8, 43, 45, 52
Revisão, 4
Revisão da literatura, 3
Riolito, 47
Robótica, 14, 16, 22
Rochas, 27, 42, 43, 45, 46

Rochas, 41, 43, 53

S

Scar, 8, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 99, 100, 101, 103
Scielo, 3, 24
Scopus, 3
Segurança alimentar, 34, 39, 71, 72, 78, 79
Sementes, 15, 26, 28, 31, 32
Sensoriamento remoto, 14, 16, 18
Sistema de cultivo, 15
Softwares, 14, 16, 18, 20, 22

T

Tecnologias, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22
Termociclador, 61, 86

V

Validação, 8, 84

W

Web of science, 3

X

Xisto, 48

SOBRE OS ORGANIZADORES DO E-BOOK DADOS CNPQ:

Dra. Carliane Rebeca Coelho da Silva



Possui Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco apresentando monografia na área de genética com enfoque em transgenia. Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas pela Universidade Federal do Rural de Pernambuco com dissertação na área de melhoramento genético com enfoque em técnicas de imunodeteção. Doutora em Biotecnologia pela RENORBIO (Rede Nordeste de Biotecnologia, Área de Concentração Biotecnologia em Agropecuária) atuando principalmente com tema relacionado a transgenia de plantas. Pós-doutorado em Biotecnologia com concentração na área de Biotecnologia em Agropecuária. Atua com linhas de pesquisa focalizadas nas áreas de defesa de plantas contra estresses bióticos e abióticos, com suporte de ferramentas biotecnológicas e do melhoramento genético. Tem experiência na área de Engenharia Genética, com ênfase em isolamento de genes, expressão em plantas, melhoramento genético de plantas via transgenia, marcadores moleculares e com práticas de transformação de plantas via "ovary drip". Tem experiência na área de genética molecular, com ênfase nos estudos de transcritos, expressão diferencial e expressão gênica. Integra uma equipe com pesquisadores de diferentes instituições como Embrapa Algodão, UFRPE, UEPB e UFPB, participando de diversos projetos com enfoque no melhoramento de plantas.

Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos



Possui Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco (2003) e Mestrado em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Federal do Rio Grande do Norte (2006). Doutor em Biotecnologia pela RENORBIO (Rede Nordeste de Biotecnologia (2013), Área de Concentração Biotecnologia em Saúde atuando principalmente com pesquisa relacionada a genética do câncer de mama. Participou como Bolsista de Desenvolvimento Tecnológico Industrial Nível 3 de relevantes projetos tais como: Projeto Genoma *Anopheles darlingi* (de 02/2008 a 02/2009); e Isolamento de genes de interesse biotecnológico para a agricultura (de 08/2009 a 12/2009). Atualmente é Professor Adjunto III da Universidade Federal de Campina Grande-UFCG, do Centro de Educação e Saúde onde é Líder do Grupo de Pesquisa BASE (Biotecnologia Aplicada à Saúde e Educação) e colaborador em ensino e pesquisa da UFRPE, UFRN e EMBRAPA-CNPA. Tem experiência nas diversas áreas da Genética, Fisiologia Molecular, Microbiologia e Bioquímica com ênfase em Genética Molecular e de Microrganismos, Plantas e Animais, Biologia Molecular e Biotecnologia Industrial. Atua em projetos versando principalmente sobre os seguintes temas: Metagenômica, Carcinogênese, Monitoramento Ambiental e Genética Molecular, Marcadores Moleculares Genéticos, Polimorfismos Genéticos, Bioinformática, Biodegradação, Biotecnologia Industrial e Aplicada, Sequenciamento de DNA, Nutrigenômica, Farmacogenômica, Genética na Enfermagem e Educação.

A TRANSFORMAÇÃO DA AGRICULTURA BRASILEIRA

“Esperamos que tenham aproveitado todos os trabalhos disponíveis na íntegra e gratuitos para seu conhecimento e consulta.

Esta obra objetivou ampliar os horizontes sobre os conhecimentos acerca da Agricultura Brasileira além dos muros acadêmicos, proporcionando uma visão mais ampla, científica e multidisciplinar desta área tão essencial para o crescimento do país.

A agricultura é um dos pilares para o bem-estar social favorecendo a disponibilidade de alimentos para todas as classes. Conhecimento científico e de qualidade pode favorecer a sua produção com mais eficiência.

Agradecemos o seu interesse em chegar até o final deste livro na busca por conhecimento e aguardem novos títulos e eventos da Editora Science sempre comprometida com a qualidade e o sucesso da sua publicação.”

PARA MAIS INFORMAÇÕES E OBRAS DA EDITORA SCIENCE ACESSE:

www.editorascience.com.br

Siga nossas redes sociais e amplie o alcance dos nossos livros:



Facebook: <http://www.facebook.com/editorascience>

Instagram: <https://www.instagram.com/editorascience>



© 2021 Editora Science
Av. Marechal Floriano Peixoto, 5000.
Campina Grande, PB, 58434-500.
CNPJ: 42.754.503/0001-00
Todos os Direitos Reservados

ISBN: 978-65-00-37312-7



9 786500 373127

 EDITORA
SCIENCE
ANO 2021