



Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Inventário de Recursos Genéticos



Atena
Editora
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Inventário de Recursos Genéticos

Atena Editora
2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Prof^a Dr^a Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Natália Sandrini
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof^a Dr^a Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Prof^a Dr^a Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Prof^a Dr^a Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Prof^a Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof^a Dr^a Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof^a Dr^a Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof^a Dr^a Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof^a Dr^a Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.^a Dr.^a Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
162	<p>Inventário de recursos genéticos [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-486-3 DOI 10.22533/at.ed.863191807</p> <p>1. Evolução humana. 2. Genética da população humana. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 575.1</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

O termo “genética” nos últimos anos ganhou uma conotação cada vez mais importante e acessível à população. Podemos dizer que a genética saiu da rotina laboratorial e da sala de aula para adentrar as casas da população, seja por informação ou na forma de produto. Isso porque a revolução tecnológica contribuiu grandemente com o avanço no campo da pesquisa básica e aplicada à genética, e as descobertas propiciadas por tecnologias mais apuradas possibilitaram um entendimento mais amplo desta importante área.

A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos. O acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação.

O livro “Inventários e Recursos Genéticos” aqui apresentado, aborda assuntos relativos aos avanços e dados científicos publicados de cunho voltado para a utilização dos recursos genéticos disponíveis na área ambiental, microbiológica dentre outras diversas que cientistas tem gastado esforços para compreender. Assim, são diversas as possibilidades de aplicações genéticas em diversos campos, neste livro tentaremos otimizar os conceitos dos recursos genéticos abordando plantas medicinais, segurança alimentar, sanidade animal, microrganismos patogênicos, identificação molecular, caracterização morfoagronômica, Banco de DNA, metabólitos secundários, melhoramento genético, análise multivariada, bioinformática, expressão de genes, viabilidade polínica, Germoplasma, recursos genéticos, cultivares, Qualidade de sementes; seleção de plantas; melhoramento genético da mamoneira, simulações em Easypop, fluxo gênico, fragmentação florestal, análise de diversidade genética de Nei, Coeficientes de endogamia, demonstrando ferramentas genéticas e moleculares usadas em diferentes estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Desejamos que este material possa somar de maneira significativa aos novos conceitos aplicados à genética. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

Benedito Rodrigues da Silva Neto

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA EM GENÓTIPOS DE TRIGO: PRESENÇA DE MICRONÚCLEOS E VIABILIDADE POLÍNICA	
Sandra Patussi Brammer Patrícia Frizon Elizandra Andréia Urio	
DOI 10.22533/at.ed.8631918071	
CAPÍTULO 2	13
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DA PARTE AÉREA DE ACESSOS DE <i>Psychotria ipecacuanha</i> (IPECA)	
Raphael Lobato Prado Neves Osmar Alves Lameira Ana Paula Ribeiro Medeiros Helaine Cristine Gonçalves Pires Mariana Gomes de Oliveira Carolina Mesquita Germano Fábio Miranda Leão	
DOI 10.22533/at.ed.8631918072	
CAPÍTULO 3	25
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE <i>Staphylococcus aureus</i> E <i>Escherichia coli</i> ISOLADOS EM MEIOS CROMOGÊNICOS ORIUNDOS DE LEITE DE VACAS COM MASTITE SUBCLÍNICA	
Clarissa Varajão Cardoso Eunice Ventura Barbosa Alcir das Graças Paes Ribeiro Rossiane de Moura Souza Helena Magalhães Helena Carla Castro Maíra Halfen Teixeira Liberal	
DOI 10.22533/at.ed.8631918073	
CAPÍTULO 4	38
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE MICRORGANISMOS ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE COMPOSTOS VOLÁTEIS	
Mariely Cristine dos Santos Juliana Vitória Messias Bittencourt Mariana Machado Fidelis Nascimento Luciano Medina-Macedo	
DOI 10.22533/at.ed.8631918074	
CAPÍTULO 5	47
CARACTERIZAÇÃO PRELIMINAR DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Physalis angulata</i> L. EM TERESINA-PI VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES	
Hortência Kardec da Silva	
DOI 10.22533/at.ed.8631918075	

CAPÍTULO 6 53

COLEÇÕES DE PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS NA UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA

Thiago Serravalle de Sá
Carolina Santos Pinho
Maíra Miele Oliveira Rodrigues de Souza
Suzelir Souza Nascimento
Adrielle Matos de Jesus
Izabela Santos Dias de Jesus
Jozimare dos Santos Pereira
Maria Luiza Silveira de Carvalho
Alessandra Selbach Schnadelbach
José Geraldo de Aquino Assis

DOI 10.22533/at.ed.8631918076

CAPÍTULO 7 66

COMPARAÇÃO DE TEMPO E CUSTOS DE PROTOCOLOS DE EXTRAÇÃO DE DNA DE PLANTAS DO CERRADO: SUBSÍDIO PARA CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE DO BIOMA

Diego Cerveira de Souza
Terezinha Aparecida Teixeira
Carla Ferreira de Lima
Vanessa Aparecida Caetano Alves

DOI 10.22533/at.ed.8631918077

CAPÍTULO 8 76

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES VEGETATIVOS E REPRODUTIVOS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)

Joanderson Marques Silva
Allana Tereza Mesquita de Lima
Alaide Silva de castro
Ivanayra da Silva Mendes
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Raquel Sobral da Silva
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.8631918078

CAPÍTULO 9 84

DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA PRODUTIVIDADE

Sebastião Soares de Oliveira Neto
Odila Friss Ebertz
Maria Márcia Pereira Sartori
Maurício Dutra Zanotto

DOI 10.22533/at.ed.8631918079

CAPÍTULO 10 93

DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE SUBAMOSTRAS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)
CONSERVADAS EX SITU NO MARANHÃO

Joanderson Marques Silva
Ivanayra da Silva Mendes
Gabriela Nunes da Piedade
Raquel Sobral da Silva
Alaide Silva de Castro
Allana Tereza Mesquita de Lima
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.86319180710

CAPÍTULO 11 106

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MACIEIRA DA
EPAGRI

Filipe Schmidt Schuh
Pedro Soares Vidigal Filho
Marcus Vinicius Kvistchal
Gentil Carneiro Gabardo
Danielle Caroline Manenti
Giseli Valentini

DOI 10.22533/at.ed.86319180711

CAPÍTULO 12 118

DOF: FATOR DE TRANSCRIÇÃO IMPORTANTE EM PLANTAS DE INTERESSE AGRONÔMICO

Tiago Benedito dos Santos
Sílvia Graciele Hulse de Souza

DOI 10.22533/at.ed.86319180712

CAPÍTULO 13 130

FENOLOGIA REPRODUTIVA DE *Quassia amara* L. (SIMAROUBACEAE)

Ana Paula Ribeiro Medeiros
Osmar Alves Lameira
Raphael Lobato Prado Neves
Carolina Mesquita Germano
Helaine Cristine Gonçalves Pires
Fábio Miranda Leão
Mariana Gomes de Oliveira

DOI 10.22533/at.ed.86319180713

CAPÍTULO 14 138

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO RHINELLA (BUFONIDAE) DE
OCORRÊNCIA NOS BIOMAS DO MEIO NORTE DO BRASIL

Sulamita Pereira Guimarães
Aryel Moraes de Queiroz
Elmary da Costa Fraga
Maria Claudene Barros

DOI 10.22533/at.ed.86319180714

CAPÍTULO 15 148

INCIDÊNCIA DE ESPINHA BÍFIDA NO ESTADO DO MARANHÃO, PRÉ- E PÓS-FORTIFICAÇÃO DE FARINHAS COM ÁCIDO FÓLICO

Rômulo Cesar Rezzo Pires
Vanalda Costa Silva
Beatriz Fernanda Santos da Silva

DOI 10.22533/at.ed.86319180715

CAPÍTULO 16 155

MARCADORES MOLECULARES CONFIRMAM A OCORRÊNCIA DA OSTRA *Crassostrea rhizophorae* (GUILDING, 1828) NO LITORAL MARANHENSE

Rodolf Gabriel Prazeres Silva Lopes
Ícaro Gomes Antônio
Lígia Tchaika
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.86319180716

CAPÍTULO 17 167

PADRÕES PARA O CULTIVO DE HORTALIÇAS EM ESPAÇOS RESIDENCIAIS NO INTERIOR DO MARANHÃO

Alaide Silva de castro
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Allana Tereza Mesquita de Lima
Ivanayra da Silva Mendes
Gabriela Nunes da Piedade
Joanderson Marques Silva
Raquel Sobral da Silva
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.86319180717

CAPÍTULO 18 174

RECEPTIVIDADE ESTIGMÁTICA, VIABILIDADE E GERMINAÇÃO *IN VITRO* DO PÓLEN DA ESPÉCIE *Delonix regia* (Bojerex Hook.) Raf. NA UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA – UEFS

Hortência Kardec da Silva
Jéssica Barros Andrade
Joseane Inácio da Silva Moraes
Katiane Oliveira Porto

DOI 10.22533/at.ed.86319180718

CAPÍTULO 19 185

RECURSOS GENÉTICOS DE VIDEIRA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia Coelho de Souza Leão

DOI 10.22533/at.ed.86319180719

CAPÍTULO 20	194
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Larissa Chamma	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
DOI 10.22533/at.ed.86319180720	
CAPÍTULO 21	204
USO DE DADOS DE MARCADORES MOLECULARES EM SIMULAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO DE FRAGMENTOS DE LUEHEA DIVARICATA MART. & ZUCC. NO BIOMA PAMPA	
Caetano Miguel Lemos Serrote	
Lia Rejane Silveira Reiniger	
Valdir Marcos Stefenon	
Aline Ritter Curti	
Leonardo Severo Da Costa	
Aline Ferreira Paim	
DOI 10.22533/at.ed.86319180721	
CAPÍTULO 22	226
USO DE DADOS GENÔMICOS COMO INDICADORES DE IDENTIDADE E QUALIDADE NA GESTÃO DE COLEÇÕES MICROBIOLÓGICAS	
Luciana de Almeida	
Mariely Cristine dos Santos	
Mariana Machado Fidelis Nascimento	
Luciano Medina-Macedo	
Juliana Vitória Messias Bittencourt	
DOI 10.22533/at.ed.86319180722	
CAPÍTULO 23	233
VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS ESPONTÂNEOS DE MAMONEIRA COLETADOS EM DIFERENTES REGIÕES BRASILEIRAS	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
DOI 10.22533/at.ed.86319180723	
SOBRE O ORGANIZADOR	244
ÍNDICE REMISSIVO	245

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO RHINELLA (BUFONIDAE) DE OCORRÊNCIA NOS BIOMAS DO MEIO NORTE DO BRASIL

Sulamita Pereira Guimarães

Mestrado em Ciência Animal da Universidade Estadual do Maranhão, Campus, São Luís/MA;

Aryel Moraes de Queiroz

Mestrado em biodiversidade, Ambiente e Saúde da Universidade Estadual do Maranhão, Campus Caxias/MA;

Elmary da Costa Fraga

Mestrado em biodiversidade, Ambiente e Saúde da Universidade Estadual do Maranhão, Campus Caxias/MA

Maria Claudene Barros

Mestrado em biodiversidade, Ambiente e Saúde da Universidade Estadual do Maranhão, Campus Caxias/MA

RESUMO: Anfíbios do gênero *Rhinella*, pertencem a família Bufonidae e possuem 92 espécies distribuídas em todo o Texas, México, América Central, América do Sul, Japão, Nova Guiné, Austrália e muitas ilhas do Pacífico. A sistemática taxonômica das espécies deste gênero são discordantes ou pouco conclusivas. Este estudo teve como objetivo identificar e caracterizar, por análise genética, as espécies do gênero *Rhinella* que ocorrem no Meio Norte do Brasil. Os espécimes foram obtidos através do método de amostragem em sítios reprodutivos. O DNA total foi extraído do tecido muscular usando o kit Promega Wizard

Genomic DNA Purification. O gene mitocondrial Citocromo Oxidase Subunidade I foi amplificado utilizando primers específicos. As amostras foram sequenciadas usando o kit Big Dye em um sequenciador automático ABI Prism™ 3500. As sequências foram analisadas nos softwares Bioedit e MEGA e plotadas na plataforma BOLDSystems para obtenção da similaridade genética. Os dados genéticos revelaram a formação de dois complexos: Complexo marinha e complexo granulosa e cinco unidades taxonômicas: *Rhinella marina*, *Rhinella jimi*, *Rhinella diptycha*, *Rhinella granulosa* e *Rhinella mirandaribeiroi*. O complexo marinha alocando as espécies *R. marina*, *R. diptycha* e *R. jimi* e o complexo granulosa compreendendo as espécies *R. granulosa* e *R. mirandaribeiroi*.

PALAVRAS-CHAVE: Sapo-cururu, DNA mitocondrial, Sistemática

MOLECULAR IDENTIFICATION SPECIES OF RHINELLA GENUS (BUFONIDAE) THAT OCCUR IN THE NORTH BIOMES FROM BRAZIL

ABSTRACT: Amphibians from the genus *Rhinella* are part of the family Bufonidae. They comprise 92 species distributed along the Texas, Mexico, Central and South America, Japan, New Guinea, Australia and some Pacific Islands. Until

now the systematics and taxonomy for these species are discordant or inconclusive. Here we aim to identify and characterize through genetic tools the species of *Rhinella* occurring in the middle-north of Brazil. We collected the specimens in their reproductive sites. The total DNA was extracted from the muscle tissue by using Promega Wizard Genomic DNA Purification kit. The mitochondrial gene Cytochrome C Oxidase subunit I was amplified by using specific primers. The samples were sequenced by using Big Dye kit in an automatic DNA sequencer ABI Prism™ 3500. After that the sequences were analysed in Bioedit and Mega softwares and included in the BOLDSystems platform for comparisons about genetic similarities. Our results showed the formation of two complex of species: *Rhinella marina* and *Rhinella granulosa* group of species. Five taxonomic units were recognized: *Rhinella marina*, *Rhinella jimi*, *Rhinella diptycha*, *Rhinella granulosa* e *Rhinella mirandaribeiroi*. The *R. marina* complex formed by *R. marina*, *R. diptycha* and *R. jimi*; while *R. granulosa* was formed by *R. granulosa* and *R. mirandaribeiroi*.

KEYWORDS: Cururu toad, mitochondrial DNA, Systematic.

1 | INTRODUÇÃO

Anfíbios do gênero *Rhinella*, pertencem a família Bufonidae e apresentam sapos distribuídos amplamente em todo o Texas, México, América Central, América do Sul, Japão, Nova Guiné, Austrália e muitas ilhas do Pacífico. Atualmente o gênero compreende 92 espécies, destas 62 são oriundas do Brasil (SBH, 2016; FROST, 2019). Devido a uma sistemática pouco esclarecida e principalmente por uma insuficiência de dados morfológicos, acústicos e ecológicos concretos o gênero *Rhinella* tem sofrido várias realocações nos níveis inter e intraespecíficos, discussões tem sido realizada quanto ao real status taxonômicos de determinadas espécies dentro de complexos do gênero (FROST et al. 2006).

A região Meio Norte do Brasil é considerada uma área de transição entre os biomas Amazônico, Cerrado e Caatinga, formando áreas de ecótonos, Amazônia/Cerrado e Cerrado/Caatinga. Nessas áreas há constante contato entre diferentes comunidades ecológicas e suas interações, sendo abundante nesse tipo de ecossistema espécies provenientes dos biomas que o formam ou até mesmo espécies endêmicas. Para esta região de estudo há registro de 20 espécies de *Rhinella* (FROST, 2019), contudo, muitas de suas espécies estão representadas por complexos de espécies, evidenciando uma problemática taxonômica para este gênero.

Os aspectos da variação morfológica sempre foram incorporados na taxonomia de anuros, mais recentemente a resolução taxonômica tem combinado dados morfológicos com diversificação genética para elucidar, por exemplo, a diversificação de linhagens nas espécies crípticas (ORTEGA-ANDRADE et al. 2015; CLEMENTE-CARVALHO et al. 2016).

O uso de marcadores moleculares tem mostrado resultados importantes em

estudos que envolvem padrões de variação genética, estrutura de populações, filogenia, filogeografia, sistemática e identificação de espécies (PEREYRA et al. 2015; ACEVEDO et al. 2016).

Genes individuais do genoma mitocondrial vêm sendo utilizados como marcadores, com a finalidade de fazer inferências sobre as características de uma população, tais como variabilidade, padrões de migração, seleção e deriva genética. Evolutivamente o genoma mitocondrial possui conteúdo genético conservado e com elevada taxa evolutiva, e é uma importante ferramenta na resolução de incertezas taxonômicas (ARIAS et al. 2003).

A identificação genética de espécies via DNA por Barcode foi proposto por Hebert et al. (2003). Essa técnica é uma ferramenta de apoio à sistemática, baseando-se na sequência do gene Citocromo Oxidase Subunidade I (COI) localizado no DNA mitocondrial, sendo um sistema “bioidentificador”, pois possui divergências intraespecíficas menores que as interespecíficas funcionando como um bom marcador molecular apresentando um código de barra único para cada espécie (HEBERT et al. 2003; SILVA et al. 2012). O DNA Barcode é utilizado em grande escala como um método de rotina para auxiliar na identificação de espécies de vertebrados e tem sido proposto como marcador universal de espécies (HENRIQUES, 2010; CAMINER; RON, 2014).

A identificação ao nível molecular via essa técnica, mostra uma excelente opção para confirmar a sistemática clássica, principalmente em espécies de difícil identificação por meio da observação de características morfológicas. O uso do barcode tem mostrado resultados positivos tanto em casos de gêneros, como para espécies cuja taxonomia pode ser duvidosa. Além de mostrar divergências genéticas entre espécies geograficamente distintas, revelando mecanismos de manutenção de populações (TRESBACH et al., 2015).

O objetivo deste estudo foi analisar a diversidade críptica dos complexos *Rhinella marina* e *Rhinella granulosa* a fim de identificar e caracterizar, por análise genética, as espécies do gênero *Rhinella* que ocorrem nos biomas do Meio-Norte do Brasil.

2 | MATERIAL DE MÉTODOS

As coletas foram realizadas em vários pontos dos três biomas presentes na área de estudo: Amazônia, Cerrado e Caatinga compreendendo os estados do Pará, Maranhão e Piauí. Para a coleta foi utilizado a metodologia de amostragem em sítios reprodutivos (HEYER et al. 1994).

Os espécimes foram alocados em sacos plástico, transportados ao Laboratório de Genética e Biologia Molecular do Centro de Estudos Superiores de Caxias da Universidade Estadual do Maranhão – CESC/UEMA, onde foram fotografados, ortotanasiados por superdosagem de anestésico contendo Cloridrato de Lidocaína 2% e registrados os seguintes dados: data, tipo de coleta, gênero, espécie. Amostras

de tecido muscular foram coletadas dos membros inferiores e fígado, que foram armazenadas em microtubos contendo álcool 70%. Após este procedimento os espécimes foram fixados em formol a 10% e após 48 horas retirados e fixados em álcool 70% e armazenados apropriadamente em recipientes de vidro ou plástico. A identificação morfológica dos espécimes coletados foi realizada com auxílio de bibliografia especializada (e.g. STEVAUX, 2002; PRAMUK, 2006; KWET et al. 2007; MACIEL et al. 2007; NARVAES; RODRIGUES, 2009; FROST, 2019).

O DNA total foi isolado a partir de tecido muscular, utilizando-se o kit Promega Wizard Genomic DNA Purification, com protocolo específico. O isolamento e amplificação das regiões genômicas, foram realizados pela técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) usando-se primers específicos para o gene Citocromo oxidase subunidade I (M13F-AnF1/M13R-AnR1-Mariana Lira, com pessoal). Os produtos de PCRs purificados foram sequenciados utilizando-se o método didesoxiterminal (SANGER et al. 1977), usando o kit Big Dye em um sequenciador automático de DNA, ABI Prism™ 3500. As amostras obtidas para o gene COI foram plotadas na plataforma bioinformática BOLD (The *Barcode of Life Data Systems* – URL: <http://www.boldsystems.org/>.) para verificar a similaridade genética das espécies (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007).

Os softwares Bioedit 7.0.5.3 (HALL, 1999) e MEGA 7.0 (KUMAR et al., 2016) foram usados para edição, alinhamento das sequencias e obtenção das árvores filogenéticas e matriz de distância respectivamente. A significância dos agrupamentos foi estimada pela análise de *bootstrap* (FELSENSTEIN, 1985) e uma sequência do genbank, DQ502739.1, *Melanophryniscus klappenbachi*, foi adicionada ao banco de dados como grupo externo.

3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi sequenciados um fragmento de 589 pb do gene COI, sendo 447 sítios conservados, 142 variáveis e 94 informativos para parcimônia. O grau de similaridade na plataforma BOLDsystems mostra a identificação genética para as espécies *Rhinella jimi*, *Rhinella diptycha*, *Rhinella marina*, *Rhinella mirandaribeiroi* e *Rhinella granulosa* (Tabela 1).

Identificação Morfológica	Identificação BOLDSystems	Similaridade (%)	BIOMAS
<i>R. jimi</i>	<i>R. jimi</i>	100	Caatinga
<i>R. diptycha</i>		99,82	
<i>R. jimi</i>		99,47	Cerrado
<i>Rhinella</i> sp.		100	Amazônia
<i>Rhinella</i> sp.		100	
<i>Rhinella</i> sp.		99,64	
<i>Rhinella</i> sp.		99,47	Cerrado
<i>Rhinella</i> sp.		<i>R. diptycha</i>	99,63
<i>Rhinella</i> sp.	<i>R. Jimi</i>	99,29	
<i>Rhinella</i> sp.		99,82	
<i>Rhinella</i> sp.		99,47	Cerrado
<i>Rhinella</i> sp.		99,64	Caatinga
<i>Rhinella</i> sp.		99,47	Amazônia
<i>Rhinella</i> sp.		99,47	
<i>Rhinella</i> sp.	99,47		
<i>Rhinella</i> sp.	<i>R. marina</i>	99,47	Amazônia
<i>Rhinella</i> sp.	<i>R. jimi</i>	99,29	
<i>R. jimi</i>		99,29	
<i>R. jimi</i>		99,64	Cerrado
<i>R. jimi</i>		99,29	
<i>R. jimi</i>		99,64	
<i>R. diptycha</i>	<i>R. diptycha</i>	99,29	Caatinga
<i>Rhinella</i> sp.	<i>R. granulosa</i>	99,82	
<i>Rhinella</i> sp.	<i>R. mirandaribeiroi</i>	99,47	Cerrado

Tabela 1. Similaridade obtidas para as espécies do gênero *Rhinella* de ocorrência no Meio Norte do Brasil na plataforma BoldSystems.

A matriz de divergência genética mostrou uma variação interespecífica de 0,2 a 22,2% evidenciando, portanto mais de uma unidade taxonômica para o gênero. As espécies pertencentes ao complexo marina revelou uma divergência que variou de 0,2 a 7,1 %. No entanto foram evidenciadas duas unidades taxonômicas para este complexo, pois a divergência interespecífica de *R. jimi* e *R. diptycha* variou de apenas 0,2 a 3,4% por outro lado foi encontrado uma divergência dentro do complexo marina com variação de 6,1 a 7,1%. Estes dados indicam que geneticamente, no mínimo há duas unidades evolutivas independentes, isto é a ocorrência de no mínimo duas espécies no complexo marina: *R. diptycha/jimi* e *R. marina* (Tabela 2). Entre o complexo granulosa foi evidenciado uma divergência de 10,2% evidenciando assim como no bold systems duas espécies *R. granulosa* e *R. mirandaribeiroi*.

ESPÉCIES	DIVERGÊNCIA GENÉTICA																								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	
1.AN137_RhinellajimiFRO/PI	-																								
2.AN138_RhinellajimiFRO/PI	0,2																								
3.PA01_RhinellaspSL/MA	1,6	1,4																							
4.PA03_RhinellaspVZ/PA	0,5	0,7	1,4																						
5.PA06_RhinellaspSOU/PA	0,3	0,5	1,2	0,5																					
6.PA07_RhinellaspBRG/PA	0,5	0,7	1,4	0,7	0,5																				
7.PA09_RhinellaspSL/PA	0,7	0,5	0,9	1,2	1,1	1,2																			
8.PA10_RhinellaspVZ/PA	1,9	2,1	2,8	2,1	1,9	2,1	2,3																		
9.PA11_RhinellaspSOU/PA	1,1	1,2	1,4	1,6	1,4	1,2	1,1	2,7																	
10.PA13_RhinellaspVZ/PA	0,3	0,5	1,9	0,5	0,7	0,9	1,1	2,3	1,4																
11.PA22_RhinellaspSL/PA	1,2	1,0	0,3	1,0	1,2	1,4	0,5	2,5	1,4	1,6															
12.Rhyboca05_RhinellaspBOC/PI	0,5	0,3	1,0	0,7	0,5	0,7	0,5	1,8	1,2	0,9	0,7														
13.Rhytuc04_RhinellaspTUC/PA	0,7	0,9	1,9	0,9	0,7	0,9	1,4	2,3	1,8	1,1	1,6	0,9													
14.Rhytuc07_RhinellaspTUC/PA	6,1	6,3	7,1	6,7	6,5	6,3	6,5	5,9	6,1	6,5	7,1	6,3	6,9												
15.Rhytuc09_RhinellaspTUC/PA	6,3	6,5	6,9	6,5	6,3	6,1	6,7	5,7	6,3	6,7	6,9	6,1	6,7	0,2											
16.Rhytuc11_RhinellaspTUC/PA	0,7	0,9	1,6	1,2	1,1	1,2	0,7	2,3	0,3	1,1	1,2	0,9	1,4	6,1	6,3										
17.INHAh261_RhinellajimiCAX/MA	0,7	0,5	1,6	1,2	1,1	1,2	0,7	2,3	1,4	1,1	1,2	0,5	1,4	6,1	6,3	1,1									
18.INHAh235_RhinellajimiCAX/MA	0,3	0,2	1,2	0,9	0,7	0,9	0,3	1,9	1,1	0,7	0,9	0,2	1,1	6,1	6,3	0,7	0,3								
19.INHAh748_RhinellajimiCAX/MA	0,7	0,5	1,6	1,2	1,1	0,9	0,7	2,3	1,4	1,1	1,2	0,5	1,4	6,5	6,7	1,1	0,7	0,3							
20.AN139_RhinellajimiFRO/PI	0,5	0,7	1,8	0,7	0,5	0,7	1,2	2,1	1,6	0,9	1,4	0,7	0,5	6,7	6,5	1,2	1,2	0,9	1,2						
21.AN151_RhinelladiptychaFRO/PI	1,8	1,9	1,9	1,6	2,1	1,9	1,8	3,4	1,1	1,8	1,9	1,9	2,5	6,9	7,1	1,1	2,1	1,8	2,1	2,1					
22.AN199_RhinellaspBAC/PI	17,5	17,5	18,9	17,7	18,0	17,7	18,1	17,0	17,9	17,5	18,9	18,0	18,4	18,2	18,4	17,9	17,7	17,7	18,2	18,1	18,4				
23.INHAhca4_RhinellaspCAX/MA	21,0	21,0	22,5	21,8	21,6	21,3	21,2	20,7	21,5	21,6	21,9	21,0	21,8	20,9	21,2	21,0	20,7	20,7	20,7	21,5	22,2	10,2			
24.DQ502739M_klappenbachi	28,4	28,1	28,9	28,7	28,7	28,1	28,7	29,1	28,1	28,4	29,2	28,7	29,3	26,6	26,9	28,8	29,0	28,4	28,4	29,2	29,2	23,8	24,6	-	

FRO = Fronteira; SL = São Luís; VZ = Vizeu; SOU = Soure; BRG = Bragança; BOC = Bocaina; TUC = Tucuruí; CAX = Caxias; BAC = Baixa da Carnaúba

Tabela 2. Divergência nucleotídica utilizando o modelo Tamura 3- parâmetro para haplótipos do gênero *Rhinella* do Meio Norte do Brasil, com base em sequências do gene Citocromo Oxidase Subunidade I (COIFRO = Fronteira; SL = São Luís; VZ = Vizeu; SOU = Soure; BRG = Bragança; BOC = Bocaina; TUC = Tucuruí; CAX = Caxias; BAC = Baixa da Carnaúba)

As árvores filogenéticas de Máxima Verossimilhança (ML), Máxima Parcimônia (MP) e Agrupamento de Vizinhos (NJ) mostraram topologias similares, formando dois clados, um clado com as espécies do complexo granulosa: *R. mirandariberoi* e *R. granulosa* representada por *Rhinella* sp (clado I) e o clado II foi formado pelo complexo marina compreendendo as espécies *Rhinella* sp (representando a espécie *R. marina*) e *R. diptycha/jimi* (Figura 1).

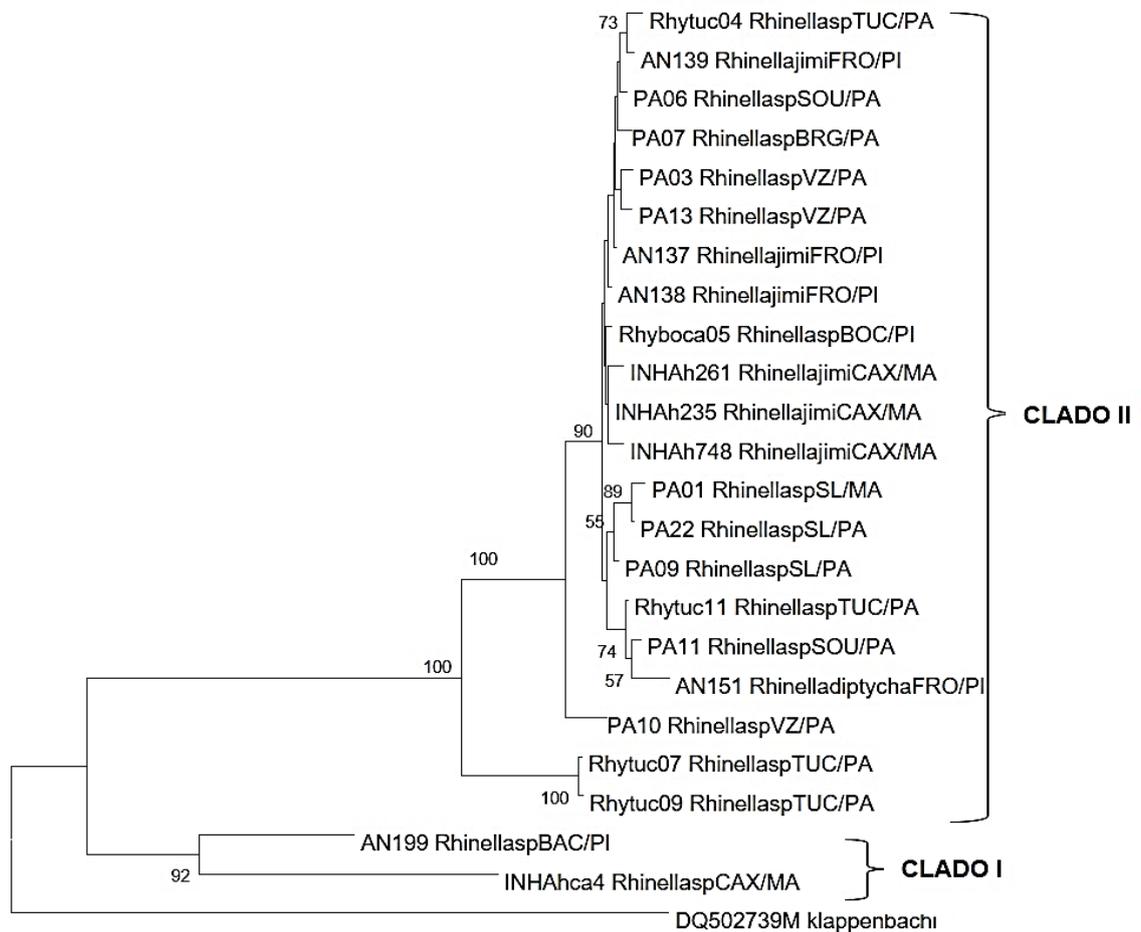


Figura 1. Árvore filogenética obtida pela abordagem de agrupamento de vizinhos (NJ) usando o algoritmo Tamura-3 Parâmetro para as espécies do gênero *Rhinella* do Meio Norte do Brasil, com base no gene COI.

O gene COI por possuir uma taxa evolutiva rápida, tem sido usado para identificar espécies, assim como, auxiliar na descoberta de espécies crípticas (XIA et al., 2012). Neste estudo o grau de similaridade genética foi corroborado no que se refere a identificação das espécies *R. jimi*, *R. diptycha*, *R. marina*, *R. granulosa* e *R. mirandaribeiroi*, onde os valores de similaridade mostraram-se significativos para cada espécie, pois quando se considera Rubinoff (2006) este afirma que para identificar espécies via DNA *Barcode* é necessária uma estimativa percentual maior que 99% de similaridade a uma sequência de referência, valor este encontrado neste estudo (veja tabela 1).

A matriz de divergência genética mostrou uma variação baixa entre os espécimes de *R. diptycha* e *R. jimi* (alcançando apenas 3,4%) corroborando com os achados de Cunha (2016) em estudo com essas espécies que observou padrões semelhantes em áreas de cerrado, onde dados genéticos mostraram *R. jimi* compartilhando alelos típicos de *R. diptycha* em um ou mais loci.

De acordo com Tresbach et al. (2015) a identificação ao nível molecular com o uso da técnica de código de barras de DNA mostra uma excelente opção para confirmar a sistemática clássica, principalmente em espécies e/ou gêneros de difícil identificação por meio da observação de características morfológicas. Nesse estudo

foi possível elucidar a identificação das espécies que estavam sem definição (*Rhinella* sp) e ainda demonstrar pela divergência genética e na árvore filogenética, clado II, o agrupamento das espécies *R. diptycha*, *R. jimi* e *R. marina* confirmando assim essas espécies como do complexo marina. E as espécies *R. granulosa* e *R. Mirandaribeiroi* formando o complexo granulosa.

4 | CONCLUSÃO

Os dados evidenciam, portanto, dois complexos para o gênero *Rhinella* do Meio Norte do Brasil: Complexo marina e Complexo granulosa. No qual o complexo marina compreende as espécies *R. diptycha*, *R. jimi* e *R. marina* e o complexo granulosa com as espécies *R. granulosa* e *R. mirandaribeiroi*.

REFERENCIAS

- ACEVEDO, A. A.; LAMPO, M.; CIPRIANI, R. **The cane or marine toad, *Rhinella marina* (Anura, Bufonidae): two genetically and morphologically distinct species.** Zootaxa, 4103 (6): 574-586. 2016.
- ARIAS, M.E.; ARENAS, M.; RODRIGUEZ, J.; SOLIVERI, J.; BALL, A.S.; HERNANDEZ M. **Kraft pulp biobleaching and mediated oxidation of a nonphenolic substrate by laccase from *Streptomyces cyaneus* CECT 3335.** Appl Environ Microbiol. 2003.
- CAMINER, M.A.; RON, S.R. **Systematics of treefrogs of the *Hypsiboas calcaratus* and *Hypsiboas fasciatus* species complex (Anura, Hylidae) with the description of four new species.** ZooKeys 370: 1-68, 2014.
- CLEMENTE-CARVALHO, R.B.G; PEREZ, S.I.; TONHATTI, C.H.; CONDEZ, T.H.; SAWAYA, R.J.; HADDAD, C.F.B; dos REIS, S.F. **Boundaries of morphological and molecular variation and the distribution range of a miniaturized froglet, *Brachycephalus nodoterga* (Anura: Brachycephalidae).** Journal of Herpetology 50:169-178. 2016.
- CUNHA, D. B. **Caracterização Genética e morfológica de espécies de sapos *Rhinella marina*, *R. diptycha* e *R. jimi* (Anura: Bufonidae):** Estudo de zona híbrida. 2016. Tese (Doutorado - Programa Biologia Animal) - Universidade Federal do Pará, Pará. 2016.
- FELSENSTEIN, J. **Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap.** Evolution. 1985.
- FROST, D. R. **Amphibian Species of the World: an Online Reference.** Version 6.0. Electronic Database accessible at <http://research.amnh.org/herpetology/amphibia/index.html>. American Museum of Natural History, New York, USA, 2019. (Acesso em fevereiro de 2019)
- FROST, D.R.; GRANT, T.; FAIVOVICH, J.; BAIN, R.H.; HAAS A.; HADDAD, C.F.B.; DE SÁ, R.O.; CHANNING, A.; WILKINSON, M.; DONNELLAN, S.C.; RAXWORTHY, C.J.; CAMPBELL, J.A.; BLOTTO, B.L.; MOLER, P.; DREWES, R.C.; NUSSBAUM, R.A.; LYNCH, J.D; GREEN, D.M.; WHEELER W.C. **The Amphibian Tree of Life.** Bulletin of the american museum of natural history Number 297, 370 pp., 71 2006.
- HALL, T. A. **BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT Nucleic Acids Symposium Series.** 1999.

- HEBERT, P.D.N.; CYWINSKA, A.; BALL, S.L.; e DEWAARD, J.R. **Biological identifications through DNA barcodes**. Proceedings of the Royal Society of London, v.270, n.1512, p.313-321, 2003
- HENRIQUES, J.M. **Identificação molecular (DNA Barcorde) dos peixes pertencentes a Bacia do rio Ribeira de Iguape e dos Rios Costeiros do estado de São Paulo**. 105f. Dissertação (mestrado Ciências Biológicas) - Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências. Botucatu. 2010.
- HEYER, W.R.; DONNELLY, M.A.; MCDIARMID, R.W.; HAYEK, L.C. E FOSTER, M.S. **Measuring and monitoring biological diversity. Standard methods for Amphibians**. Smithsonian Institution Press, Washington, 1994.
- KUMAR, S.; STECHER, G.; TAMURA, K. **Mega 7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Vesion 7.0 for Bigger Dataset**. Molecular Biology and Evolution. 2016.
- KWET, A.; DI-BERNARDO, M. E.; MANEYRO, R. **First record of *Chaunus achavali* (Anura, Bufonidae) from Rio Grande do Sul, Brazil, with a key for the identification of the species in the *Chaunus marinus* group**. 2007.
- MACIEL, N.M.; BRANDÃO, R.A.; CAMPOS, L.B.; SEBEN, A. **A large new species of *Rhinella* (Anura: Bufonidae) from Cerrado of Brazil**. Zootaxa 1627: 23-39.2007.
- NARVAES, P.; RODRIGUES, M.T. **Taxonomic revision of *Rhinella granulosa* species group (Amphibia, Anura, Bufonidae), with a description of a new species**. 2009.
- ORTEGA-ANDRADE, H. M.; ROJAS-SOTO, O. R.; VALENCIA, J. H.; DE LOS MONTEROS, A. E.; MORRONE, J. J.; RON, S. R.; CANNATELLA, D. C. **Insights from integrative systematics reveal cryptic diversity in *Pristimantis* frogs (Anura: Craugastoridae) from the Upper Amazon Basin**. PloS ONE, v. 10, p.e 0143392, 2015.
- PEREYRA, M.O.; BALDO, D.; BLOTTO, B.L.; IGLESIAS, P.P.; THOMÉ, M.T.C.; HADDAD, C.F.B; BARRIO-AMORÓS, C.; IBÁÑEZ, R.; FAIVOVICH, J. **Phylogenetic relationships of toads of the *Rhinella granulosa* group (Anura: Bufonidae): a molecular perspective with comments on hybridization and introgression**. Cladistics, 1-18. 2015.
- PRAMUK, J.B. **Phylogeny of South American Bufo (Anura: Bufonidae) inferred from combined evidence**. 2006.
- RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. **BOLD: The Barcode of Life Data System** (www.barcodinglife.org). Molecular Ecology Notes 7, 355–364. 2007.
- RUBINOFF, D. **Utility of mitochondrial DNA barcodes in species conservation**. Conservation Biology. 2006.
- SANGER, F.; NICHLEN, S.; COULSON, A. R. **DNA sequencing with chain termination inhibitors**. Proceedings of the National Academy of Sciences. 1977.
- SBH (Sociedade Brasileira de Herpetologia). **Lista oficial de espécies de anfíbios do Brasil. Sociedade Brasileira de Herpetologia**. Disponível em www.sbherpetologia.org.br/checklist/anfibios.htm (acessado em janeiro de 2016).
- SILVA, S.A.; KAVALCO, K.F.; PAZZA, R. **Uso do sequenciamento de genes mitocondriais na identificação de files de salmão**. Evolução e Conservação da Biodiversidade. 2012.
- STEVAUX, M.N. **A new species of Bufo Laurenti (Anura, Bufonidae) from northeastern Brazil**. 2002.

TRESBACH, H. R.; CERQUEIRA, M. N.; MEDEIROS, R.S. et al. **DNA Barcoding: uma ferramenta de apoio molecular para identificação de espécies de peixes.** Scientia Agraria Paranaensis – SAP; ISSN: 1983-1471 v. 14, n. 2, abr./jun., p. 77-81, 2015.

XIA, Y.; HAI-FENG, G.; PENG, R.; CHEN, Q.; ZHENG, Y.; MURPHY, R.W.; ZENG, X.M. **COI is better than 16S rRNA for DNA barcoding Asiatic salamanders (Amphibia: Caudata: Hynobiidae).** Molecular Ecology Resources. 2012.

SOBRE O ORGANIZADOR

BENEDITO RODRIGUES DA SILVA NETO Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Ácido fólico 148
Análise de diversidade genética de Nei 205
Análise Multivariada 93

B

Bahia 24, 53, 54, 57, 60, 63, 64, 151, 188
Banco de DNA 5, 54, 57, 63
Bioaromas 38, 39
Bioinformática 118, 244

C

Camapu 47, 48, 59
Capsicum sp. 93, 94, 95, 103
Capsicum spp. 7, 8, 76, 77, 78, 81, 82, 93, 94, 95, 96, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104
Caracterização morfoagronômica 47
Coeficientes de endogamia 5, 205
COI 140, 141, 144, 147, 155, 156, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165
Componentes principais 201
Conservação de RGV 167
Crassostrea 9, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 165, 166
Cultivares 5, 7, 86, 114, 196
Cultivo urbano 167

D

Dissimilaridade 104, 116
Divergência 23, 104, 113, 115, 143, 162, 192, 193
DNA Mitoconrial 155
Dof (DNA-binding with One Zinc Finger) 118

E

Epidemiologia 148
Espécies Negligenciadas e Subutilizadas 54
Espinha bífida 148, 149, 151
Estabilidade genética 10
Estudos genéticos 66
Expressão de genes 118

F

Fenofase reprodutiva 130
Flamboyant 174, 175
Fluxo gênico 205, 214, 216
Fragmentação florestal 205

G

Germinação in vitro 174, 177, 178
Germoplasma 5, 1, 3, 11, 13, 15, 16, 61, 62, 64, 93, 106, 108, 113, 114, 116, 117, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 192, 242
Gower 106, 107, 110, 117

H

Herbário 53, 54, 57, 61, 132
Hortaliças 61, 62, 64, 65, 167, 172

I

Identificação Molecular 38, 40

L

Leveduras não-Saccharomyces 38

M

Malus spp. 107, 115
Maranhão 9, 75, 76, 78, 80, 82, 93, 94, 95, 103, 131, 138, 140, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 155, 156, 157, 158, 160, 162, 164, 165, 167, 168, 169, 170
Melhoramento genético 76
Metabólitos secundários 66
Microrganismos Patogênicos 25

P

PANC 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64
Plantas medicinais 51, 182
Precipitação 71, 72

Q

Qualidade de sementes 5

R

Receptividade estigmática 174

Ricinus communis L. 84, 85, 92, 126, 194, 195, 233, 234, 242, 243

Rubiaceae 13, 14, 16, 23, 59, 61

S

Sanidade Animal 25

Sapo-cururu 138

SDS 66, 67, 68, 69, 72

Segurança Alimentar 25, 173

Seleção direta 76

Simulações em Easypop 205

Sistemática 138

T

Triticum aestivum 1, 2, 11

Triton X-100 66, 67, 68, 69, 72

U

Uva 115, 185, 186

V

Variabilidade 47, 74, 104, 114, 192

Viabilidade Polínica 174

Videira 187, 188, 189

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-486-3



9 788572 474863