



**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<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> 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<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> 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<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice  
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> 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<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> 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<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> 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.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> 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

<b>Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)</b>	
l62	<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>
<b>Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422</b>	

Atena Editora  
Ponta Grossa – Paraná - Brasil  
[www.atenaeditora.com.br](http://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

<b>CAPÍTULO 1</b> .....	<b>1</b>
CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA EM GENÓTIPOS DE TRIGO: PRESENÇA DE MICRONÚCLEOS E VIABILIDADE POLÍNICA	
Sandra Patussi Brammer Patrícia Frizon Elizandra Andréia Urio	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918071</b>	
<b>CAPÍTULO 2</b> .....	<b>13</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918072</b>	
<b>CAPÍTULO 3</b> .....	<b>25</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918073</b>	
<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>38</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918074</b>	
<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>47</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.8631918075</b>	

**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**

<b>CAPÍTULO 20</b> .....	<b>194</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180720</b>	
<b>CAPÍTULO 21</b> .....	<b>204</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180721</b>	
<b>CAPÍTULO 22</b> .....	<b>226</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180722</b>	
<b>CAPÍTULO 23</b> .....	<b>233</b>
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	
<b>DOI 10.22533/at.ed.86319180723</b>	
<b>SOBRE O ORGANIZADOR</b> .....	<b>244</b>
<b>ÍNDICE REMISSIVO</b> .....	<b>245</b>

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

### Rodolf Gabriel Prazeres Silva Lopes

Universidade Estadual do Maranhão (UEMA),  
Departamento de Engenharia de Pesca, São Luís-  
MA

### Ícaro Gomes Antônio

Universidade Estadual do Maranhão (UEMA),  
Departamento de Engenharia de Pesca, São Luís-  
MA

### Lígia Tchaika

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/  
UEMA), Departamento de Química e Biologia,  
São Luís- MA

### Maria Claudene Barros

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/  
UEMA), Departamento de Química e Biologia,  
Caxias- MA

### Elmary da Costa Fraga

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/  
UEMA), Departamento de Química e Biologia,  
Caxias- MA

**RESUMO:** O presente estudo teve por objetivo identificar as espécies nativas de ostras presentes ao longo do litoral do Maranhão. Para isso aplicou-se a metodologia DNA *Barcoding*, na qual utilizou-se um fragmento de aproximadamente 650 pares de bases do gene COI. As amostras foram obtidas durante um período de um ano (2014 -2015) em sete pontos do litoral maranhense. Para uma primeira análise de diferenciação das

espécies foi aplicado à metodologia de PCR Multiplex. O isolamento e amplificação da região genômica COI foi realizado utilizando-se *primers* universais e específicos. Os produtos das PCRs foram sequenciados e a análise dos dados foi realizada em softwares específicos. O PCR Multiplex confirmou, pela primeira vez, a presença da espécie *Crassostrea rhizophorae* no litoral maranhense, além da espécie *Crassostrea gasar*. No sequenciamento de 98 amostras obteve-se fragmentos do gene COI de 695pb para *C. gasar* e de 640 pb para *C. rhizophorae*. A árvore haplótípica agrupou fortemente as duas espécies em clados diferentes com 100% de *bootstrap*. Entretanto houve um agrupamento das sequências de *Crassostrea brasiliiana*, obtidas no GenBank, com sequências de *Crassostrea gasar* geradas neste estudo evidenciando a problemática taxonômica deste grupo e a necessidade da realização de novos estudos.

**Palavras-chave:** *Crassostrea*, DNA Mitoconrial, COI, Maranhão.

MOLECULAR MARKERS CONFIRM  
THE OCCURRENCE OF THE OYSTER  
*Crassostrea rhizophorae* (GUILDING, 1828) IN  
MARANHENSE COAST

**ABSTRACT:** The present study aimed to identify

which native species of oysters are present in Maranhao state and its distribution along the coastline. For this purpose was used the DNA *barcoding* methodology, which uses a fragment of approximately 650 pairs of bases of the COI gene. Samples were taken over a period of one year (2014-2015) in seven localities of the Maranhao state coast. DNA was isolated using the saline protocol. For a first analyses of species differentiation was applied the multiplex PCR methodology. The isolation and amplification of the genomic region was performed by PCR using universal primers. Products of PCR were sequenced and the data analysis was performed on specific software. The Multiplex PCR confirmed for the first time the presence of the species *Crassostrea rhizophorae* in the Maranhão coast, besides the species *Crassostrea gasar*. The sequencing of 98 samples obtained COI gene fragments of 695bp to *C. gasar* and of 640bp to *C. rhizophorae*. The haplotype tree tightly grouped two species in different clades with 100% bootstrap. However, there was a clustering of the *Crassostrea brasiliensis* sequences obtained in GenBank, with sequences of *Crassostrea gasar* generated in this study evidencing the taxonomic problem of this group and the necessity of the realization of new studies.

**KEYWORDS:** *Crassostrea*, mitochondrial DNA, COI, Maranhao.

## 1 | INTRODUÇÃO

Os indivíduos do gênero *Crassostrea* (SACCO, 1897) são os mais cultivados em todo o mundo, em função do domínio das técnicas de criação já serem bem estabelecidas e serem economicamente viáveis (MANZONI & SCHMITT, 2006). Embora as técnicas de cultivo de ostras sejam bem difundidas também no Brasil, o gargalo dessa atividade ainda se concentra no modo de obtenção desses organismos (TURECK, 2010).

Reconhecendo as dificuldades de se identificar as espécies de ostras nativas brasileiras por um padrão morfológico, têm se recorrido, com sucesso, ao uso de protocolos baseados em biologia molecular para a elucidação das questões taxonômicas e de distribuição das diferentes espécies do gênero *Crassostrea* (LAPÈGUE et al., 2002; PIE et al., 2006; VARELA et al. 2007; MELO et al. 2010; TUREK, 2010).

No Maranhão, as ostras são encontradas em toda sua extensão litoral, em bancos naturais distribuídos em ambientes de estuários, fixados em raízes de plantas do mangue, e em regiões de praias, fixadas em costões rochosos. Entretanto a falta de estudos mais detalhados sobre a identificação das espécies nativas, distribuição nos diferentes habitats e biologia reprodutiva, representam um grande entrave para o desenvolvimento da ostreicultura assim como a adoção de melhores planos de gestão desse recurso voltados para a pesca.

## 2 | METODOLOGIA

As amostras de ostras foram obtidas durante o período de um ano (2014-2015) em sete pontos do litoral maranhense, sendo dois pontos referentes ao Litoral Ocidental do estado, dois pontos no Litoral Oriental e três pontos na região do Golfão Maranhense. Desse modo os municípios correspondentes aos pontos de coletas foram: Carutapera, Cururupu, São José de Ribamar, Paço do Lumiar, Raposa, Primeira Cruz e Tutóia (Figura 1).

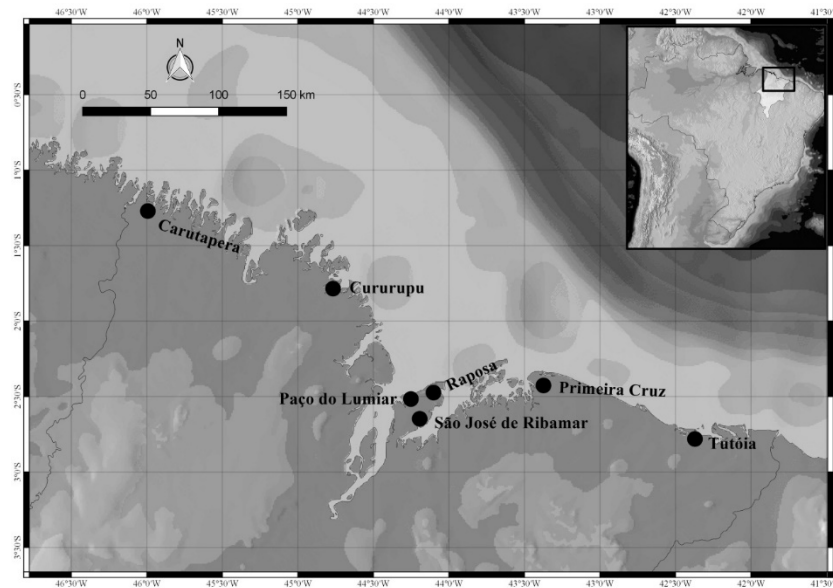


Figura 1 – Mapa dos locais de coletas no litoral atlântico nordeste ocidental, costa do Maranhão, Brasil.

Foram coletados 135 amostras de ostras de todos os pontos selecionados do litoral maranhense. O DNA total foi isolado a partir de tecido muscular, utilizando-se o protocolo salino padronizado por Medrano (1990).

Para a identificação prévia das espécies foi realizado um PCR multiplex como descrito por Melo et al., (2013). O isolamento e amplificação da região genômica, foi realizado através da técnica da Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) utilizando os primers descritos por Folmer et al., (1994) e Melo et al., (2010). O protocolo de amplificação se deu como descrito por MELO et al., (2010).

Os produtos das PCRs foram visualizados em gel de Agarose a 1% e purificados com ExoSAP-IT segundo o protocolo sugerido pelo fabricante. A reação de sequenciamento foi realizada pelo método de Sanger et al., (1977). As amostras foram precipitadas em EDTA-Acetato de Sódio-Etanol e em seguida submetidas à análise no sequenciador de DNA automático (ABI 3500/Life Technologies).

As sequências foram editadas e alinhadas com a ferramenta ClustalW (THOMPSON et al., 1994) no programa BIOEDIT, v 7.0.5.2, (HALL, 1999). As médias de distância genética e análises filogenéticas foram geradas no programa MEGA 6.0 (TAMURA et al., 2013) utilizando-se o método de agrupamento de vizinhos,

modelo Kimura-2-parâmetros (SAITOU; NEI, 1987). Para verificar a significância dos agrupamentos utilizou-se a análise de *bootstrap* (FELSENSTEIN, 1985). Para a análise da diversidade haplotípica e nucleotídica foi utilizado o programa DnaSP v5 (LIBRADO & ROZAS, 2009). A relação entre os haplótipos foi realizada por meio da construção de uma rede de haplótipos não enraizada, obtida através do programa NETWORK 4.5.1.0 (<http://www.fluxus-engineering.com>) usando o método de mediam-joining (BANDELT et al., 1999). A identificação molecular a partir do gene COI foi realizada por comparação de sequências do presente estudo com dados disponíveis na plataforma bioinformática BOLDSYSTEMS (*Barcode of Life Data Systems*) (HEBERT, 2003). Foi incorporado ao banco de dados uma sequência do gene COI obtida do GenBank da espécie *Crassostrea* sp. Canela (HM003525) da região de Bragança-PA, utilizada como grupo externo. Sequências de *C. gasar* (HM 003499, HM003507, HM003515, HM3519 e FJ717611) e *C. brasiliana* (FJ717640, F717641, F717642, F717643, F717644, F717645, F717646, F717647, F717648, F717649, F717650 e FJ717651) foram também incluídas no banco de dados.

### 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Uso da PCR Multiplex na identificação de espécies de ostra do litoral do Maranhão

As amostras de Carutapera, Cururupu, São José de Ribamar, Paço do Lumiar, Raposa, Primeira Cruz e Tutóia foram testadas com o PCR Multiplex, totalizando 135 amostras (Tabela 1).

LOCALIDADES	<i>C. gasar</i>	<i>C. rhizophorae</i>	TOTAL
CARUTAPERA	20	-	20
CURURUPU	20	-	20
SÃO JOSÉ DE RIBAMAR	03	17	20
PAÇO DO LUMIAR	15	10	25
RAPOSA	10	-	10
PRIMEIRA CRUZ	20	-	20
TUTÓIA	20	-	20
<b>TOTAL</b>	<b>108</b>	<b>27</b>	<b>135</b>

Tabela1 - Número de amostras por localidade de coleta testadas e amplificadas por meio do PCR Multiplex em ostras do gênero *Crassostrea* do litoral maranhense,

Fonte: Elaborado pelo autor

Os resultados obtidos evidenciaram a ocorrência de duas espécies no litoral maranhense. Na análise das ampliações em gel de agarose foi possível observar padrões de bandas correspondentes às espécies *C. gasar* e *C. rhizophorae* (Figura

2). Nos municípios de Carutapera, Cururupu, Raposa, Primeira Cruz e Tutóia foram obtidos ampliações com o padrão de banda única, indicando que a espécie presente é *C. gasar*, já que apenas a região de ITS 1 com 718 pb foi amplificada (Figura 1). Nas amostras dos municípios de São José de Ribamar e Paço do Lumiar foram obtidos dois padrões de banda, confirmando a presença da espécie *C. rhizophorae* nas localidades amostradas (Figura 2).

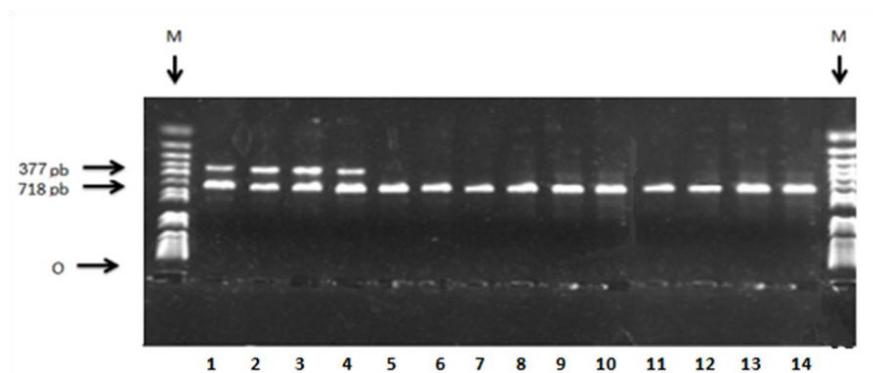


Figura 2 - Gel de agarose a 1% corado com brometo de etídio mostrando as ampliações obtidas pela PCR Multiplex (Amostras de São José de Ribamar e Paço do Lumiar: 1 - 4 correspondem a espécie *C. rhizophorae*; e 5 a 14 correspondem a espécie *C. gasar* - Amostras de Carutapera, Cururupu, Raposa, Primeira Cruz e Tutóia).

Fonte: Elaborado pelo autor

Os resultados obtidos pelo PCR multiplex apontaram a ocorrência da *C. rhizophorae*, até então desconhecida nos domínios do estado, além da *C. gasar*, já citada por De Paula et al., (2008), Melo et al., (2010) e Lazoski et al., (2011). A certeza da existência de duas espécies no litoral maranhense, já confirmadas pelo sequenciamento de um fragmento do gene COI, reforçam a necessidade da seleção de pontos específicos na captação de sementes para o cultivo.

A hipótese de que as espécies *C. rhizophorae* e *C. gasar* possuíam distribuições diferentes nos ambientes aquáticos, como defendida por Christo (2006), que afirma que a espécie *C. rhizophorae* ocorre na região entre marés e que *C. gasar*, conhecida como “ostra- de-fundo”, ocorre no infralitoral, não é validada pelos resultados encontrados neste estudo. Nos municípios de São José de Ribamar e Paço do Lumiar foram encontradas as duas espécies co-habitando em um mesmo espaço. É importante ressaltar que as características desses dois pontos de coleta (São José de Ribamar e Paço do Lumiar) são bem diferentes, já que o primeiro é uma região de praia, com as ostras fixadas em estruturas de concreto e rochas, e o segundo caracteriza-se por ser um típico ambiente de estuário, com as ostras fixadas nas raízes das plantas.

O litoral ocidental e oriental apresentaram grande potencial de desenvolvimento da atividade do cultivo, uma vez que foi identificada a presença de uma única espécie. Outro aspecto favorável é que a espécie em questão foi a *C. gasar*. Ainda que todas as espécies nativas de ostra possam ser cultivadas e comercializadas, a *C. gasar* é a

que apresenta uma melhor taxa de crescimento, o que faz com que a opção do cultivo dessa espécie seja mais interessante (ABSHERS, 1989).

### 3.2 Identificação molecular e variabilidade genética de ostras nativas do Maranhão utilizando o gene COI

Um total de 98 sequências de um fragmento de gene COI foi obtido para as espécies de ostras do gênero *Crassostrea*, sendo 78 sequências correspondentes à espécie *C. gasar*, com um fragmento de 695 pb e 20 sequências à espécie *C. rhizophorae* com um fragmento de 640 pb.

Oito haplótipos foram encontrados na análise conjunta das amostras de *C. rhizophorae*, com uma diversidade haplotípica ( $h$ ) de 0,795 e nucleotídica ( $\pi$ ) de 0,002. Quando analisado isoladamente cada população, observou-se que os maiores valores de diversidade haplotípica ocorreram para as amostras de São José de Ribamar com  $h = 0,933$  (Tabela 2). Valores semelhantes em populações agrupadas de *C. rhizophorae* com COI na costa brasileira foram encontrado por Lazoski et al., (2011). Dentre os oito haplótipos encontrados, os haplótipos H1 e H3 foram os mais frequentes, ocorrendo nas duas populações com frequência de oito e cinco vezes, respectivamente. Foram observados quatro haplótipos exclusivos para a população de São José de Ribamar (H4, H5, H6 e H7) e um para população de Paço do Lumiar (H2). O haplótipo H8 ocorreu duas vezes e foi exclusivo da população de São José de Ribamar. A rede de haplótipos não enraizada mostrada na figura 3 ilustra a distribuição dos oito haplótipos obtidos para espécie *C. rhizophorae*. Os números representam a posição das mutações que separam os haplótipos, e o tamanho dos círculos é proporcional à frequência com que estes ocorrem. Foi observada a existência de haplótipos compartilhados (H1 e H3) pelas duas localidades amostradas e haplótipos únicos.

Populações	N	NH	S	Índice de Diversidade Molecular	
				H	$\pi$
Paço do Lumiar	10	3	02	0,600	0,001
São José de Ribamar	10	7	07	0,933	0,002
Populações agrupadas	20	8	08	0,795	0,002

Tabela 2 - Diversidade molecular em ostras *Crassostrea rhizophorae* baseado em 640 pb do gene COI.

N = número amostral NH = número de haplótipos S = sítios polimórficos h = diversidade haplotípica e  $\pi$  = diversidade nucleotídica

Fonte: Elaborado pelo autor



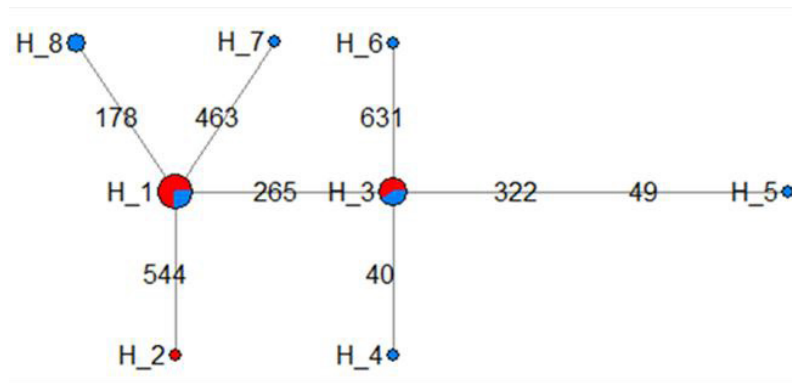


Figura 3 - Rede de haplótipos de *C. rhizophorae* com base no gene COI. A população de Paço do Lumiar está representada pela cor vermelha e a população de São José de Ribamar pela cor azul.

Na análise das sequências de *C. gasar* quinze haplótipos foram encontrados, com uma diversidade haplotípica ( $h$ ) de 0,428 e nucleotídica ( $\pi$ ) de 0,002 (Tabela 3). Valores semelhantes foram observados por Lazoski et al., (2011) para populações de *C. gasar* da costa do Brasil. Na análise isolada de cada população observou-se valores elevados de  $h = 0,879$  e  $\pi = 0,0051$  para as amostras de Primeira Cruz e valores baixos para amostras de Cururupu ( $h = 0,195$  e  $\pi = 0,0002$ ). Dentre os quinze haplótipos encontrados, o H1 foi o mais frequente ocorrendo 59 vezes, distribuídas em todas as populações analisadas. Haplótipos únicos foram observados na população de Primeira Cruz (H3, H4, H5 e H7), Carutapera (H8, H9, H10 e H11), Cururupu (H14 e H15) e em Tutóia (H12). O Haplótipo 13 ocorreu duas vezes exclusivamente em Tutóia. O haplótipo H2 foi compartilhado pelas populações de Primeira Cruz e Tutóia enquanto o haplótipo H6 foi compartilhado em Primeira Cruz e Carutapera. Nos resultados encontrados o número de haplótipos (4) observados para espécie de *C. gasar* em Tutóia foi semelhante aos resultados publicados por Melo (2010), para essa mesma população.

A rede de haplótipos não enraizada da figura 4 mostra a relação entre os quinze haplótipos obtidos para espécie *C. gasar*. O Haplótipo H1 foi mais frequente e compartilhado por todas as localidades amostradas. Segundo Kidd & Ritchie (2006), os haplótipos mais frequentes são mais antigos e geralmente encontram-se no interior da rede e os de menor frequência são os mais recentes e ocupam as extremidades. De acordo com os resultados o H1 possivelmente seja o mais antigo.

Para ambas as espécies (*C. rhizophorae* e *C. gasar*) o compartilhamento de haplótipos sugere que as populações possuam uma baixa diferenciação. Para Frankham et al., (2004), toda população de uma determinada espécie pode exibir vários níveis de divergência genética de outras populações baseado no nível de fluxo gênico entre elas, ou seja, populações próximas geograficamente, e que possuem fluxo gênico regular, tenderão a ser mais semelhantes geneticamente entre si do que com populações afastadas geograficamente com fluxo gênico reduzido ou fluxo gênico ausente.

Populações	N	NH	S	Índice de Diversidade Molecular	
				H	$\pi$
Primeira Cruz	12	7	11	0,879	0,0051
Tutóia	17	4	08	0,419	0,0015
Raposa	10	1	0	0,000	0,0000
Cururupu	20	3	2	0,195	0,0002
Carutapera	19	6	11	0,468	0,0025
Populações agrupadas	78	15	20	0,428	0,0020

Tabela 3 - Diversidade molecular em ostras *Crassostrea gasar* baseado em 695 pb do gene COI.

**N** = número amostral **NH** = número de haplótipos **S** = sítios polimórficos **h** = diversidade haplotípica e  $\pi$  = diversidade nucleotídica

Fonte: Elaborado pelo autor

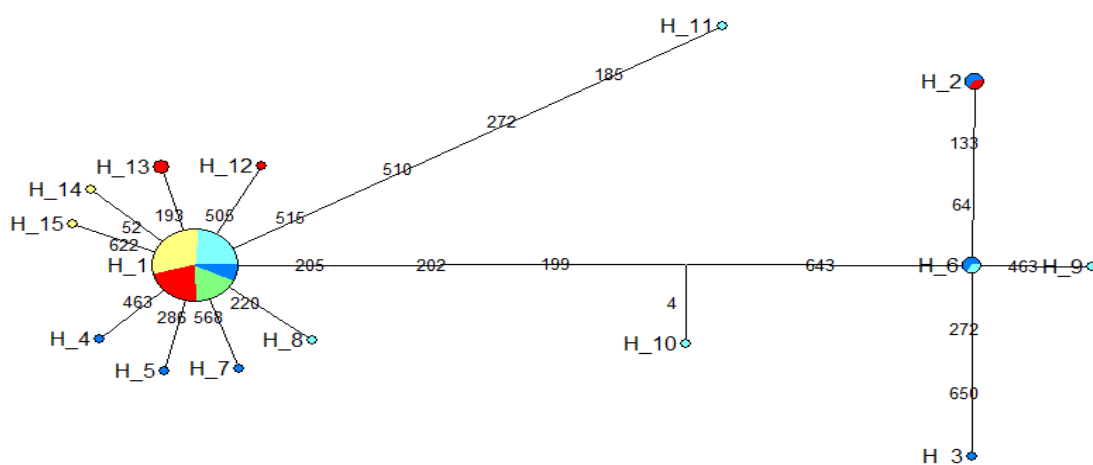


Figura 4 - Rede de haplótipos com base no gene COI. O tamanho do círculo é proporcional à frequência com que o haplótipo ocorreu na população. Nas representações por cores de cada população, amarelo = Cururupu; vermelho = Tutóia, azul escuro = Primeira Cruz; verde = Raposa; azul claro = Carutapera.

Os valores dos resultados da relação intra e interespecíficas obtidas para *C. gasar* e *C. rhizophorae* (Tabela 4) validam a proposta do DNA BARCODE em identificar e discriminar diferentes espécies. Para o sucesso do código de barras de DNA, as sequências de DNA dentro de uma mesma espécie necessitam apresentar maior similaridade do que entre espécies (CARVALHO et al., 2008).

Categoria	Espécie	N	Divergência K2P (%)
			Média
Intraespecífica	<i>C. rhizophorae</i>	20	0,20
	<i>C. gasar</i>	78	0,20
Interespecífica	-	98	23,6

Tabela 4 - Divergência genética (K2P) intra e interespecífica de ostras do gênero *Crassostrea* do litoral do Maranhão.

Fonte: Elaborado pelo autor

As sequências de COI obtidas foram submetidas na plataforma BOLDSYSTEMS (*Barcode of Life Data Systems*) a fim de se obter a identificação molecular a partir da comparação com sequências presentes nesse sistema. A porcentagem de identificação das espécies no BOLDSYSTEMS variou de 97,01% a 98,37% de similaridade de sequências para a espécie *C. rhizophorae*. Na comparação das sequências de *C. gasar* observou-se que os percentuais de similaridade foram compatíveis tanto para *C. brasiliiana*, quanto para *C. gasar* com percentuais de similaridade variando de 97,55% a 99,84% evidenciando uma problemática na sua taxonomia. Varela et al., (2007), já apontava que as sequências descritas por Pie et al., (2006), para *C. brasiliiana* e por Lapègue et al., (2002), para *C. gasar*, na realidade se tratavam da mesma espécie.

A árvore de haplótipos gerada baseada utilizando a abordagem de agrupamento de vizinhos (NJ) através do modelo de Kimura-2-Parâmetros (K2P) revelou a formação de clados fortemente suportados agrupando todos os haplótipos de *C. rhizophorae* em um clado basal (100% de *bootstrap*). Os haplótipos de *C. gasar* constituíram um segundo clado fortemente suportado (Figura 5). A clara separação de *C. rhizophorae* e *C. gasar* em grupos distintos confirma a ocorrência de duas espécies de *Crassostrea* no litoral maranhense. As sequências do Genbank de *C. gasar* e de *C. brasiliiana* foram utilizadas para testar uma possível distinção entre os táxons. Os resultados observados mostraram um agrupamento robusto corroborando para condição de sinonímia entre *C. gasar* e *C. brasiliiana* (Figura 5).

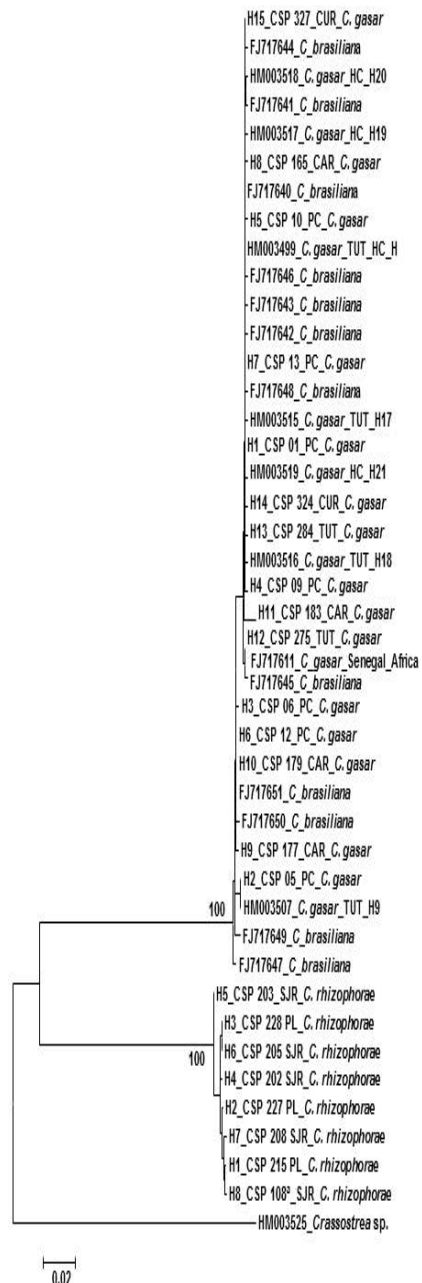


Figura 5 - Árvore de haplótipos de agrupamento de vizinhos (NJ) utilizando o modelo K2P baseada em sequências do gene COI em ostras do gênero *Crassostrea*. Os números dos nós representam os valores de bootstrap (1000 réplicas). CAR = Carutapera, CUR= Cururupu, PC= Primeira Cruz e TUT = Tutóia, SJR= São José de Ribamar e PL= Paço do Lumiar.

A identificação molecular das espécies de ostras nativas do litoral do Maranhão pelo marcador COI validou os resultados gerados pelo PCR Multiplex. Do ponto de vista da aquicultura os resultados obtidos revelam que no estado do Maranhão existem condições de obtenção de sementes de ostra com qualidade em ambiente natural.

#### 4 | CONCLUSÃO

O PCR Multiplex demonstrou-se eficaz na identificação das espécies de ostra do gênero *Crassostrea*, do litoral maranhense. Os valores da distância genética intra e interespecífica e o percentual de similaridade das comparações das sequências de

COI na plataforma BoldSystems permitiu inferir quanto à identificação de *C. gasar* e *C. rhizophorae* no litoral maranhense.

A confirmação das espécies *C. rhizophorae* e da *C. gasar* como nativas no litoral maranhense implica na necessidade de estudos da biologia reprodutiva, de ambas mais detalhados, para que seja possível avaliar as condições reais desse recurso pesqueiro. Portanto, novas pesquisas, com maiores amostragens genéticas devem ser geradas para os grupos de ostras do litoral maranhense como forma de esclarecimento das condições desse recurso pesqueiro e dados mais informativos sobre as populações existentes.

## REFERÊNCIAS

- ABSHER, T. M. **Populações naturais de ostras do gênero *Crassostrea* do litoral do Paraná: desenvolvimento larval, recrutamento e crescimento.** 1989. 140p. Tese (PhD) - Instituto de Oceanografia, Universidade de São Paulo, São Paulo, 1989.
- BANDELT, Hans-Jurgen; FORSTER, Peter; RÖHL, Arne. **Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies.** *Molecular biology and evolution*, v. 16, n. 1, p. 37-48, 1999.
- CARVALHO, D. C.; SEERIG, A.; MELO, D. C. de; SOUSA, A. B. de; PIMENTA, D.; OLIVEIRA, D. A. A. **Identificação molecular de peixes: o caso do Surubim (*Pseudoplatystoma* spp.).** *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, Belo Horizonte, v. 32, n. 4, p. 215-219, 2008
- CHRISTO, S. W. **Biologia reprodutiva e ecologia de ostras do gênero *Crassostrea sacco*, 1897 na Baía de Guaratuba (Paraná–Brasil): Um subsídio ao cultivo.** 2006. 146f. Tese (Doutorado em Ciências) – Setor de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2006.
- DE PAULA, N. R. F.; GOMES, L. A.; MELO, A. G. C.; BEASLEY, C. R.; TAGLIARO, C.H. Estudos populacionais de *Crassostrea gasar* do Pará e do Maranhão usando o gene COI. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA. 54., 2008, Salvador. **Anais...** Salvador: Sociedade Brasileira de Genética, 2008. p. 398.
- FELSENSTEIN, J. **Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap.** *Evolution*, Washington, v. 39, n.4, p. 783-791. 1985.
- FOLMER, O.; BLACK, M. B.; HOCH, W.; LUTZ, R. A.; VRIJEHOEK, R. C. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. ***Molecular Marine Biology and Biotechnology***, v.3, n. 5, p. 294-299. 1994.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Introduction to Conservation Genetics.** Cambridge: Cambridge University Press, 2004.
- HALL, T. A. **BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT.** *Nucleic acids symposium series*, Oxford, v. 41, p. 95-98. 1999.
- HEBERT, P. D. N.; RATNASINGHAM, S.; DE WAARD, J. R. **Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species.** *Proc. R. Soc. Lond. B, London*, v. 270, p. S96-S99, 2003. Suplemento.
- KIDD, D. M.; RITCHIE, M. G. **Phylogeographic information systems: putting the geography into phylogeography.** *Journal of Biogeography*, v. 33, n. 11, p. 1851-1865, 2006.

LAPÈGUE, S.; BOUTET, I.; LEITÃO, A.; HEURTEBISE, S.; GARCIA, P. THIRIOT-QUIÉVREUX, C.; BOUDRY, P. **Trans-Atlantic distribution of a mangrove oyster species revealed by 16s mtDNA and karyological analyses.** The Biological Bulletin, Woods Hole, v.202, n.3, p.232-242, jun. 2002.

LAZOSKI, C.; GUSMÃO, J.; BOUDRY, P.; SOLÉ-CAVA, A. M. **Phylogeny and phylogeography of Atlantic oyster species: evolutionary history, limited genetic connectivity and isolation by distance.** Marine Ecology Progress Series, v.426, p. 197-212, mar. 2011.

LIBRADO, P.; ROZAS, J. **DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data.** Bioinformatics, v. 25, n.11, p. 1451-1452. jun. 2009.

MANZONI, Gilberto Caetano; SCHMITT, Jean Franco. Cultivo de ostras japonesas *Crassostrea gigas* (Mollusca: Bivalvia), na Armação do Itapocoroy, Penha, SC. **BRANCO, JO; MARENZI, AWC Bases ecológicas para um desenvolvimento sustentável: estudos de caso em Penha, SC.** Itajaí: Editora da UNIVALI, p. 245-252, 2006.

MEDRANO, J. F; AESEN, E; SHARROW, L. **DNA Extraction from nucleated red blood cells.** Biotechniques, v. 8, n. 1, p. 43. jan.1990.

MELO, A. G. C.; VARELA, E. S.; BEASLEY, C. R.; SCHNEIDER, H., SAMPAIO, I.; GAFFNEY, P. M.; REECE, K. S.; TAGLIARO, C. H. **Molecular identification, phylogeny and geographic distribution of Brazilian mangrove oysters (*Crassostrea*).** Genetics and Molecular Biology. São Paulo, v. 33, n. 3, p.564–572, 2010.

MELO, M. A. D.; SILVA, A. R. B.; BEASLEY, C. R.; TAGLIARO, C. H. **Multiplex species-specific PCR identification of native and non-native oysters (*Crassostrea*) in Brazil: a useful tool for application in oyster culture and stock management.** Aquaculture international, v. 21, n. 6, p. 1325-1332. dez. 2013.

PIE, M. R; RIBEIRO, R. O.; BOEGER, W. A.; OSTRENSKY, A.; FALLEIROS, R. M.; ANGELO, L. **A simple PCR-RFLP method for the discrimination of native and introduced oyster species (*Crassostrea brasiliiana*, *C. rizhophorae* and *C. gigas*; Bivalvia: Ostreidae) cultured in Southern Brazil.** Aquaculture Research, Malden, v. 37, n.15, 2006, p.1598-1600. 2006.

SAITOU, N.; NEI, M. **The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees.** Molecular Biology and Evolution, v. 4, n. 4, p. 406-425, jul. 1987.

SANGER, F.; NICHLEN, S.; COULSON, A. R. **DNA sequencing with chain-termination inhibitors.** Proceedings of the National Academy of Sciences USA, v. 74, p. 5463-5468, 1977.

TAMURA, K; STECHER, G; PETERSON, D; FILIPSKI, A.; KUMAR, S. **MEGA 6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0.** Molecular Biology and Evolution, v. 30, n. 12, p. 2725-2729, dez. 2013.

THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G.; GIBSON, T. J. **CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice.** Nucleic Acids Research. v. 22, n. 22, p. 4673-4680. nov. 1994

TURECK, C. R. **Sementes de ostras nativas no litoral de Santa Catarina/Brasil, como subsídio ao cultivo.** 2010. 140f. Tese (Doutorado em Aquicultura) Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2010.

VARELA, E. S.; BEASLEY, C. R.; SCHNEIDER, H.; SAMPAIO, I.; MARQUES-SILVA, N. S.; TAGLIARO, C. H. **Molecular phylogeny of mangrove oysters (*Crassostrea*) from Brazil.** J. Mollus. Stud., v.73, n. 3, p.229-234. ago. 2007.

## **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