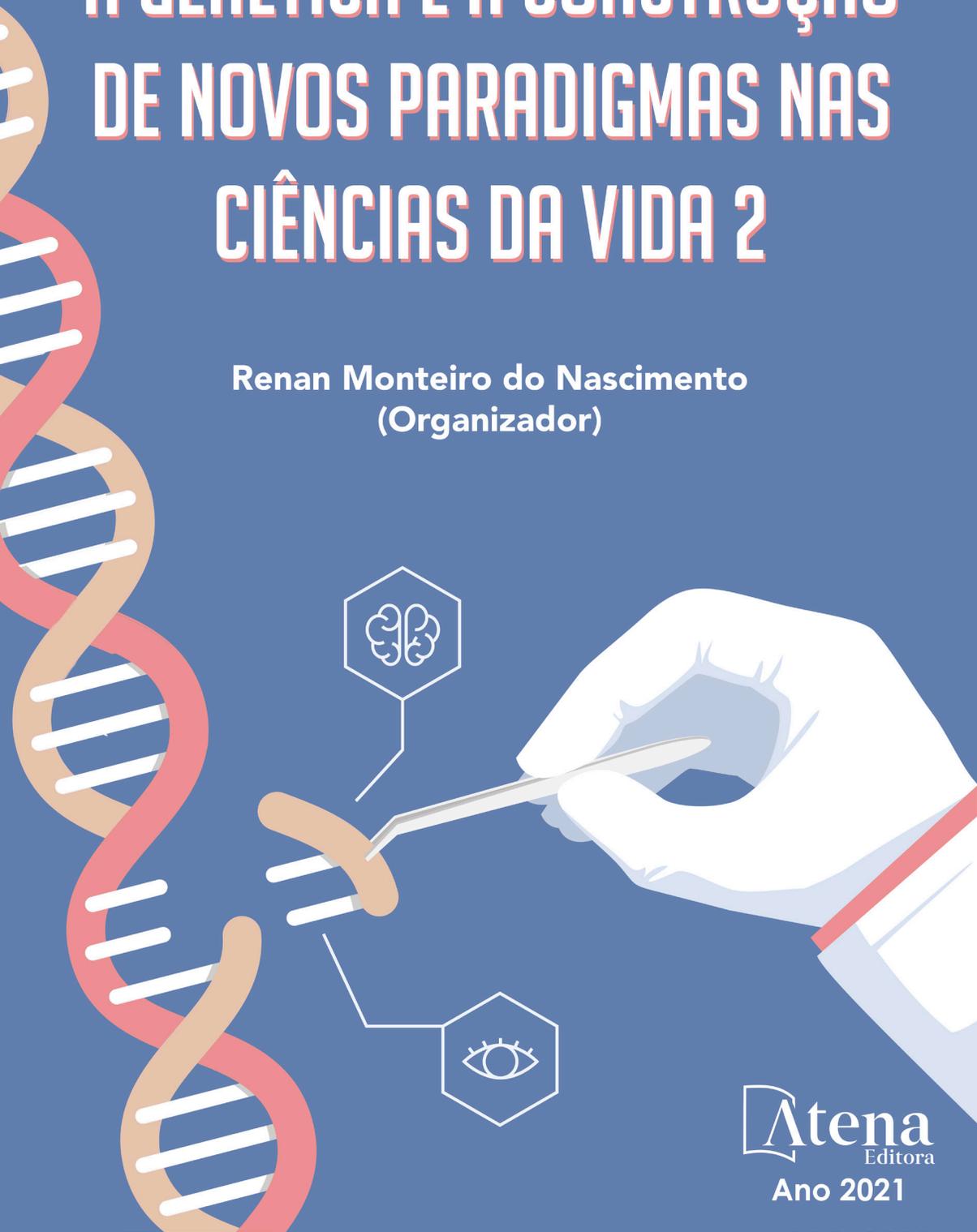


# A GENÉTICA E A CONSTRUÇÃO DE NOVOS PARADIGMAS NAS CIÊNCIAS DA VIDA 2

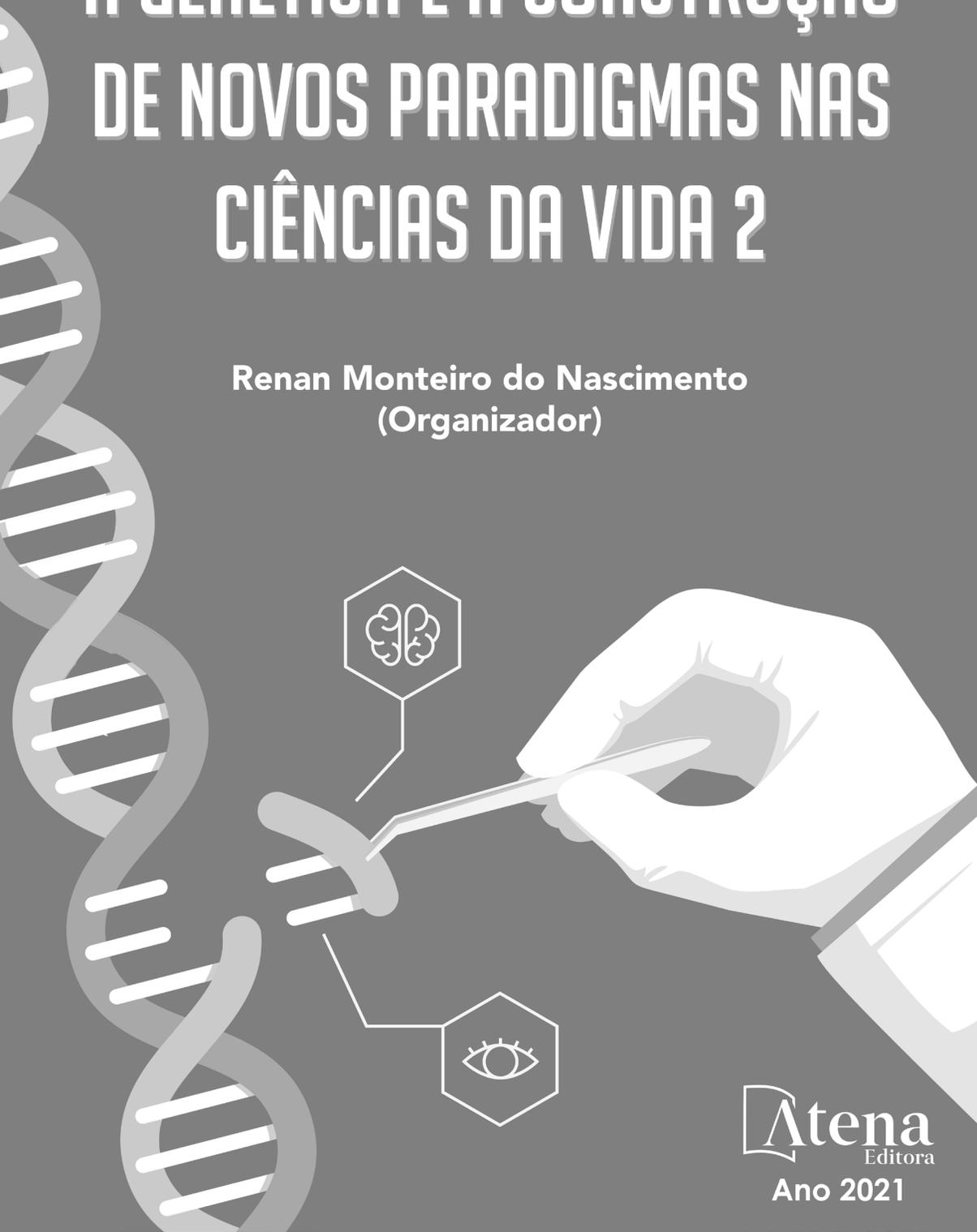
Renan Monteiro do Nascimento  
(Organizador)



**Atena**  
Editora  
Ano 2021

# A GENÉTICA E A CONSTRUÇÃO DE NOVOS PARADIGMAS NAS CIÊNCIAS DA VIDA 2

Renan Monteiro do Nascimento  
(Organizador)



**Atena**  
Editora  
Ano 2021

### **Editora Chefe**

Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

### **Assistentes Editoriais**

Natalia Oliveira

Bruno Oliveira

Flávia Roberta Barão

### **Bibliotecária**

Janaina Ramos

### **Projeto Gráfico e Diagramação**

Natália Sandrini de Azevedo

Camila Alves de Cremo

Luiza Alves Batista

Maria Alice Pinheiro

### **Imagens da Capa**

Shutterstock

### **Edição de Arte**

Luiza Alves Batista

### **Revisão**

Os Autores

2021 by Atena Editora

Copyright © Atena Editora

Copyright do Texto © 2021 Os autores

Copyright da Edição © 2021 Atena Editora

Direitos para esta edição cedidos à Atena Editora pelos autores.



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição *Creative Commons*. Atribuição-Não-Comercial-NãoDerivativos 4.0 Internacional (CC BY-NC-ND 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores, inclusive não representam necessariamente a posição oficial da Atena Editora. 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.

Todos os manuscritos foram previamente submetidos à avaliação cega pelos pares, membros do Conselho Editorial desta Editora, tendo sido aprovados para a publicação com base em critérios de neutralidade e imparcialidade acadêmica.

A Atena Editora é comprometida em garantir a integridade editorial em todas as etapas do processo de publicação, evitando plágio, dados ou resultados fraudulentos e impedindo que interesses financeiros comprometam os padrões éticos da publicação. Situações suspeitas de má conduta científica serão investigadas sob o mais alto padrão de rigor acadêmico e ético.

### **Conselho Editorial**

#### **Ciências Humanas e Sociais Aplicadas**

Prof. Dr. Alexandre Jose Schumacher – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná

Prof. Dr. Américo Junior Nunes da Silva – Universidade do Estado da Bahia

Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – Instituto Federal do Sudeste de Minas Gerais

Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília

Prof. Dr. Carlos Antonio de Souza Moraes – Universidade Federal Fluminense  
Prof. Dr. Crisóstomo Lima do Nascimento – Universidade Federal Fluminense  
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa  
Prof. Dr. Daniel Richard Sant’Ana – Universidade de Brasília  
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia  
Profª Drª Dilma Antunes Silva – Universidade Federal de São Paulo  
Prof. Dr. Edvaldo Antunes de Farias – Universidade Estácio de Sá  
Prof. Dr. Elson Ferreira Costa – Universidade do Estado do Pará  
Prof. Dr. Eloi Martins Senhora – Universidade Federal de Roraima  
Prof. Dr. Gustavo Henrique Cepolini Ferreira – Universidade Estadual de Montes Claros  
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionale delle Figlie de Maria Ausiliatrice  
Prof. Dr. Jadson Correia de Oliveira – Universidade Católica do Salvador  
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense  
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins  
Prof. Dr. Luis Ricardo Fernandes da Costa – Universidade Estadual de Montes Claros  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Prof. Dr. Marcelo Pereira da Silva – Pontifícia Universidade Católica de Campinas  
Profª Drª Maria Luzia da Silva Santana – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Pablo Ricardo de Lima Falcão – Universidade de Pernambuco  
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Rita de Cássia da Silva Oliveira – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof. Dr. Rui Maia Diamantino – Universidade Salvador  
Prof. Dr. Saulo Cerqueira de Aguiar Soares – Universidade Federal do Piauí  
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande  
Profª Drª Vanessa Ribeiro Simon Cavalcanti – Universidade Católica do Salvador  
Prof. Dr. William Cleber Domingues Silva – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

#### **Ciências Agrárias e Multidisciplinar**

Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano  
Prof. Dr. Arinaldo Pereira da Silva – Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará  
Prof. Dr. Antonio Pasqualetto – Pontifícia Universidade Católica de Goiás  
Profª Drª Carla Cristina Bauermann Brasil – Universidade Federal de Santa Maria  
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos – Universidade Federal da Grande Dourados  
Profª Drª Diocléa Almeida Seabra Silva – Universidade Federal Rural da Amazônia  
Prof. Dr. Écio Souza Diniz – Universidade Federal de Viçosa  
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Fágner Cavalcante Patrocínio dos Santos – Universidade Federal do Ceará  
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Prof. Dr. Jael Soares Batista – Universidade Federal Rural do Semi-Árido  
Prof. Dr. Jayme Augusto Peres – Universidade Estadual do Centro-Oeste  
Prof. Dr. Júlio César Ribeiro – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Profª Drª Lina Raquel Santos Araújo – Universidade Estadual do Ceará  
Prof. Dr. Pedro Manuel Villa – Universidade Federal de Viçosa  
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão  
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará  
Profª Drª Talita de Santos Matos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Prof. Dr. Tiago da Silva Teófilo – Universidade Federal Rural do Semi-Árido  
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

## **Ciências Biológicas e da Saúde**

Prof. Dr. André Ribeiro da Silva – Universidade de Brasília  
Profª Drª Anelise Levay Murari – Universidade Federal de Pelotas  
Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás  
Profª Drª Daniela Reis Joaquim de Freitas – Universidade Federal do Piauí  
Profª Drª Débora Luana Ribeiro Pessoa – Universidade Federal do Maranhão  
Prof. Dr. Douglas Siqueira de Almeida Chaves – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri  
Profª Drª Elizabeth Cordeiro Fernandes – Faculdade Integrada Medicina  
Profª Drª Eleuza Rodrigues Machado – Faculdade Anhanguera de Brasília  
Profª Drª Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina  
Profª Drª Eysler Gonçalves Maia Brasil – Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira  
Prof. Dr. Fernando Lima Santos – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Profª Drª Fernanda Miguel de Andrade – Universidade Federal de Pernambuco  
Prof. Dr. Fernando Mendes – Instituto Politécnico de Coimbra – Escola Superior de Saúde de Coimbra  
Profª Drª Gabriela Vieira do Amaral – Universidade de Vassouras  
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria  
Prof. Dr. Helio Franklin Rodrigues de Almeida – Universidade Federal de Rondônia  
Profª Drª Iara Lúcia Tescarollo – Universidade São Francisco  
Prof. Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos – Universidade Federal de Campina Grande  
Prof. Dr. Jefferson Thiago Souza – Universidade Estadual do Ceará  
Prof. Dr. Jesus Rodrigues Lemos – Universidade Federal do Piauí  
Prof. Dr. Jônatas de França Barros – Universidade Federal do Rio Grande do Norte  
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Prof. Dr. Luís Paulo Souza e Souza – Universidade Federal do Amazonas  
Profª Drª Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande  
Prof. Dr. Marcus Fernando da Silva Praxedes – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Profª Drª Maria Tatiane Gonçalves Sá – Universidade do Estado do Pará  
Profª Drª Mylena Andréa Oliveira Torres – Universidade Ceuma  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federacl do Rio Grande do Norte  
Prof. Dr. Paulo Inada – Universidade Estadual de Maringá  
Prof. Dr. Rafael Henrique Silva – Hospital Universitário da Universidade Federal da Grande Dourados  
Profª Drª Regiane Luz Carvalho – Centro Universitário das Faculdades Associadas de Ensino  
Profª Drª Renata Mendes de Freitas – Universidade Federal de Juiz de Fora  
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande  
Profª Drª Welma Emidio da Silva – Universidade Federal Rural de Pernambuco

## **Ciências Exatas e da Terra e Engenharias**

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto  
Profª Drª Ana Grasielle Dionísio Corrêa – Universidade Presbiteriana Mackenzie  
Prof. Dr. Carlos Eduardo Sanches de Andrade – Universidade Federal de Goiás  
Profª Drª Carmen Lúcia Voigt – Universidade Norte do Paraná  
Prof. Dr. Cleiseano Emanuel da Silva Paniagua – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás  
Prof. Dr. Douglas Gonçalves da Silva – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia  
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Profª Drª Érica de Melo Azevedo – Instituto Federal do Rio de Janeiro  
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará  
Profª Dra. Jéssica Verger Nardeli – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho  
Prof. Dr. Juliano Carlo Rufino de Freitas – Universidade Federal de Campina Grande

Profª Drª Luciana do Nascimento Mendes – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Norte  
Prof. Dr. Marcelo Marques – Universidade Estadual de Maringá  
Prof. Dr. Marco Aurélio Kistemann Junior – Universidade Federal de Juiz de Fora  
Profª Drª Neiva Maria de Almeida – Universidade Federal da Paraíba  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Profª Drª Priscila Tessmer Scaglioni – Universidade Federal de Pelotas  
Prof. Dr. Sidney Gonçalves de Lima – Universidade Federal do Piauí  
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

#### **Linguística, Letras e Artes**

Profª Drª Adriana Demite Stephani – Universidade Federal do Tocantins  
Profª Drª Angeli Rose do Nascimento – Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro  
Profª Drª Carolina Fernandes da Silva Mandaji – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Profª Drª Denise Rocha – Universidade Federal do Ceará  
Profª Drª Edna Alencar da Silva Rivera – Instituto Federal de São Paulo  
Profª Drª Fernanda Tonelli – Instituto Federal de São Paulo,  
Prof. Dr. Fabiano Tadeu Grazioli – Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões  
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná  
Profª Drª Keyla Christina Almeida Portela – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná  
Profª Drª Miraniide Oliveira Neves – Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia do Pará  
Profª Drª Sandra Regina Gardacho Pietrobon – Universidade Estadual do Centro-Oeste  
Profª Drª Sheila Marta Carregosa Rocha – Universidade do Estado da Bahia

#### **Conselho Técnico Científico**

Prof. Me. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo  
Prof. Me. Adalberto Zorzo – Centro Estadual de Educação Tecnológica Paula Souza  
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba  
Prof. Dr. Adilson Tadeu Basquerote Silva – Universidade para o Desenvolvimento do Alto Vale do Itajaí  
Profª Ma. Adriana Regina Vettorazzi Schmitt – Instituto Federal de Santa Catarina  
Prof. Dr. Alex Luis dos Santos – Universidade Federal de Minas Gerais  
Prof. Me. Alexsandro Teixeira Ribeiro – Centro Universitário Internacional  
Profª Ma. Aline Ferreira Antunes – Universidade Federal de Goiás  
Profª Drª Amanda Vasconcelos Guimarães – Universidade Federal de Lavras  
Prof. Me. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão  
Profª Ma. Andréa Cristina Marques de Araújo – Universidade Fernando Pessoa  
Profª Drª Andrezza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico  
Profª Drª Andrezza Miguel da Silva – Faculdade da Amazônia  
Profª Ma. Anelisa Mota Gregoleti – Universidade Estadual de Maringá  
Profª Ma. Anne Karynne da Silva Barbosa – Universidade Federal do Maranhão  
Prof. Dr. Antonio Hot Pereira de Faria – Polícia Militar de Minas Gerais  
Prof. Me. Armando Dias Duarte – Universidade Federal de Pernambuco  
Profª Ma. Bianca Camargo Martins – UniCesumar  
Profª Ma. Carolina Shimomura Nanya – Universidade Federal de São Carlos  
Prof. Me. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Prof. Me. Carlos Augusto Zilli – Instituto Federal de Santa Catarina  
Prof. Me. Christopher Smith Bignardi Neves – Universidade Federal do Paraná  
Profª Drª Cláudia de Araújo Marques – Faculdade de Música do Espírito Santo  
Profª Drª Cláudia Taís Siqueira Cagliari – Centro Universitário Dinâmica das Cataratas  
Prof. Me. Clécio Danilo Dias da Silva – Universidade Federal do Rio Grande do Norte  
Prof. Me. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará  
Profª Ma. Daniela da Silva Rodrigues – Universidade de Brasília  
Profª Ma. Daniela Remião de Macedo – Universidade de Lisboa

Profª Ma. Dayane de Melo Barros – Universidade Federal de Pernambuco  
Prof. Me. Douglas Santos Mezacas – Universidade Estadual de Goiás  
Prof. Me. Edevaldo de Castro Monteiro – Embrapa Agrobiologia  
Prof. Me. Edson Ribeiro de Britto de Almeida Junior – Universidade Estadual de Maringá  
Prof. Me. Eduardo Gomes de Oliveira – Faculdades Unificadas Doctum de Cataguases  
Prof. Me. Eduardo Henrique Ferreira – Faculdade Pitágoras de Londrina  
Prof. Dr. Edwaldo Costa – Marinha do Brasil  
Prof. Me. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita  
Prof. Me. Ernane Rosa Martins – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás  
Prof. Me. Euvaldo de Sousa Costa Junior – Prefeitura Municipal de São João do Piauí  
Prof. Dr. Everaldo dos Santos Mendes – Instituto Edith Theresa Hedwing Stein  
Prof. Me. Ezequiel Martins Ferreira – Universidade Federal de Goiás  
Profª Ma. Fabiana Coelho Couto Rocha Corrêa – Centro Universitário Estácio Juiz de Fora  
Prof. Me. Fabiano Eloy Atilio Batista – Universidade Federal de Viçosa  
Prof. Me. Felipe da Costa Negrão – Universidade Federal do Amazonas  
Prof. Me. Francisco Odécio Sales – Instituto Federal do Ceará  
Prof. Me. Francisco Sérgio Lopes Vasconcelos Filho – Universidade Federal do Cariri  
Profª Drª Germana Ponce de Leon Ramírez – Centro Universitário Adventista de São Paulo  
Prof. Me. Gevair Campos – Instituto Mineiro de Agropecuária  
Prof. Me. Givanildo de Oliveira Santos – Secretaria da Educação de Goiás  
Prof. Dr. Guilherme Renato Gomes – Universidade Norte do Paraná  
Prof. Me. Gustavo Krahl – Universidade do Oeste de Santa Catarina  
Prof. Me. Helton Rangel Coutinho Junior – Tribunal de Justiça do Estado do Rio de Janeiro  
Profª Ma. Isabelle Cerqueira Sousa – Universidade de Fortaleza  
Profª Ma. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia  
Prof. Me. Javier Antonio Albornoz – University of Miami and Miami Dade College  
Prof. Me. Jhonatan da Silva Lima – Universidade Federal do Pará  
Prof. Dr. José Carlos da Silva Mendes – Instituto de Psicologia Cognitiva, Desenvolvimento Humano e Social  
Prof. Me. Jose Elyton Batista dos Santos – Universidade Federal de Sergipe  
Prof. Me. José Luiz Leonardo de Araujo Pimenta – Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria Uruguay  
Prof. Me. José Messias Ribeiro Júnior – Instituto Federal de Educação Tecnológica de Pernambuco  
Profª Drª Juliana Santana de Curcio – Universidade Federal de Goiás  
Profª Ma. Juliana Thaisa Rodrigues Pacheco – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Kamilly Souza do Vale – Núcleo de Pesquisas Fenomenológicas/UFGA  
Prof. Dr. Kárpio Márcio de Siqueira – Universidade do Estado da Bahia  
Profª Drª Karina de Araújo Dias – Prefeitura Municipal de Florianópolis  
Prof. Dr. Lázaro Castro Silva Nascimento – Laboratório de Fenomenologia & Subjetividade/UFPR  
Prof. Me. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Ma. Lilian Coelho de Freitas – Instituto Federal do Pará  
Profª Ma. Lilian de Souza – Faculdade de Tecnologia de Itu  
Profª Ma. Liliani Aparecida Sereno Fontes de Medeiros – Consórcio CEDERJ  
Profª Drª Lúvia do Carmo Silva – Universidade Federal de Goiás  
Prof. Dr. Lucio Marques Vieira Souza – Secretaria de Estado da Educação, do Esporte e da Cultura de Sergipe  
Prof. Dr. Luan Vinicius Bernardelli – Universidade Estadual do Paraná  
Profª Ma. Luana Ferreira dos Santos – Universidade Estadual de Santa Cruz  
Profª Ma. Luana Vieira Toledo – Universidade Federal de Viçosa  
Prof. Me. Luis Henrique Almeida Castro – Universidade Federal da Grande Dourados  
Prof. Me. Luiz Renato da Silva Rocha – Faculdade de Música do Espírito Santo  
Profª Ma. Luma Sarai de Oliveira – Universidade Estadual de Campinas  
Prof. Dr. Michel da Costa – Universidade Metropolitana de Santos

Prof. Me. Marcelo da Fonseca Ferreira da Silva – Governo do Estado do Espírito Santo  
Prof. Dr. Marcelo Máximo Purificação – Fundação Integrada Municipal de Ensino Superior  
Prof. Me. Marcos Aurelio Alves e Silva – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de São Paulo  
Profª Ma. Maria Elanny Damasceno Silva – Universidade Federal do Ceará  
Profª Ma. Marileila Marques Toledo – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri  
Prof. Dr. Pedro Henrique Abreu Moura – Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais  
Prof. Me. Pedro Panhoca da Silva – Universidade Presbiteriana Mackenzie  
Profª Drª Poliana Arruda Fajardo – Universidade Federal de São Carlos  
Prof. Me. Rafael Cunha Ferro – Universidade Anhembi Morumbi  
Prof. Me. Ricardo Sérgio da Silva – Universidade Federal de Pernambuco  
Prof. Me. Renan Monteiro do Nascimento – Universidade de Brasília  
Prof. Me. Renato Faria da Gama – Instituto Gama – Medicina Personalizada e Integrativa  
Profª Ma. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal  
Prof. Me. Robson Lucas Soares da Silva – Universidade Federal da Paraíba  
Prof. Me. Sebastião André Barbosa Junior – Universidade Federal Rural de Pernambuco  
Profª Ma. Silene Ribeiro Miranda Barbosa – Consultoria Brasileira de Ensino, Pesquisa e Extensão  
Profª Ma. Solange Aparecida de Souza Monteiro – Instituto Federal de São Paulo  
Profª Ma. Taiane Aparecida Ribeiro Nepomoceno – Universidade Estadual do Oeste do Paraná  
Prof. Me. Tallys Newton Fernandes de Matos – Faculdade Regional Jaguaribana  
Profª Ma. Thatianny Jasmine Castro Martins de Carvalho – Universidade Federal do Piauí  
Prof. Me. Tiago Silvio Dedoné – Colégio ECEL Positivo  
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

## A genética e a construção de novos paradigmas nas ciências da vida 2

**Bibliotecária:** Janaina Ramos  
**Diagramação:** Camila Alves de Cremo  
**Correção:** Flávia Roberta Barão  
**Edição de Arte:** Luiza Alves Batista  
**Revisão:** Os Autores  
**Organizador:** Renan Monteiro do Nascimento

### Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

G328 A genética e a construção de novos paradigmas nas ciências da vida 2 / Organizador Renan Monteiro do Nascimento. – Ponta Grossa - PR: Atena, 2021.

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: World Wide Web

Inclui bibliografia

ISBN 978-65-5983-115-9

DOI 10.22533/at.ed.159212605

1. Genética. 2. Ciências da vida. I. Nascimento, Renan Monteiro do (Organizador). II. Título.

CDD 576.5

Elaborado por Bibliotecária Janaina Ramos – CRB-8/9166

**Atena Editora**

Ponta Grossa – Paraná – Brasil

Telefone: +55 (42) 3323-5493

[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br)

[contato@atenaeditora.com.br](mailto:contato@atenaeditora.com.br)

## DECLARAÇÃO DOS AUTORES

Os autores desta obra: 1. Atestam não possuir qualquer interesse comercial que constitua um conflito de interesses em relação ao artigo científico publicado; 2. Declaram que participaram ativamente da construção dos respectivos manuscritos, preferencialmente na: a) Concepção do estudo, e/ou aquisição de dados, e/ou análise e interpretação de dados; b) Elaboração do artigo ou revisão com vistas a tornar o material intelectualmente relevante; c) Aprovação final do manuscrito para submissão.; 3. Certificam que os artigos científicos publicados estão completamente isentos de dados e/ou resultados fraudulentos; 4. Confirmam a citação e a referência correta de todos os dados e de interpretações de dados de outras pesquisas; 5. Reconhecem terem informado todas as fontes de financiamento recebidas para a consecução da pesquisa.

## APRESENTAÇÃO

A Genética é a área da Biologia que estuda os genes, a hereditariedade e a variação dos organismos, além de estudar a forma como estes transmitem as características biológicas de geração para geração. Esse campo da ciência possui áreas específicas, dentre elas, a Genética Molecular, a Genética Forense, a Genética Animal, a Genética Vegetal, a Genética de Microrganismos e a Genética Humana e Médica.

Nessa perspectiva, apresento a coleção “A Genética e a Construção de Novos Paradigmas nas Ciências da Vida 2”, uma obra que apresenta 7 capítulos distribuídos em temáticas que abordam de forma categorizada e interdisciplinar trabalhos e pesquisas que envolvem as diversas áreas de aplicação da Genética, como a Biotecnologia, às Ciências Agrárias, às Ciências da Saúde, e áreas correlatas.

Esse livro é direcionado a todos os acadêmicos, docentes e pesquisadores dessa grande área que desenvolvem estudos, respondendo perguntas biológicas utilizando as técnicas moleculares e a todos aqueles que, de alguma forma, se interessam por estudos genéticos com aplicação às Ciências da Vida.

Neste contexto, este livro “A Genética e a Construção de Novos Paradigmas nas Ciências da Vida 2” apresenta uma teoria bem fundamentada nos resultados práticos obtidos por vários pesquisadores, professores e acadêmicos que arduamente desenvolveram seus estudos que aqui estão apresentados de maneira concisa e didática. Sabemos o quão importante é a divulgação científica, por isso evidenciamos também a estrutura da Atena Editora, que é capaz de oferecer uma plataforma consolidada e confiável, permitindo que esses pesquisadores exponham e divulguem seus trabalhos científicos.

Desejo a todos uma excelente leitura.

Renan Monteiro do Nascimento

## SUMÁRIO

### **CAPÍTULO 1..... 1**

#### **A DEFICIÊNCIA DE MICRONUTRIENTES EM CRIANÇAS E ADOLESCENTES COM SÍNDROME DE DOWN**

Natália Tonon Domingues  
Amanda Daniel  
Bruna Rongetta Torres  
Cristina Helena Lima Delambert Bizzotto  
Carlos Alexandre Hattori Tiba  
Lidia Raquel de Carvalho  
Cátia Regina Branco da Fonseca

**DOI 10.22533/at.ed.1592126051**

### **CAPÍTULO 2..... 12**

#### **CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE INFLORESCÊNCIAS EM ACESSOS DE *Oenocarpus bataua* MART**

Alynne Regina Nazare Alves Maciel  
Maria do Socorro Padilha de Oliveira  
Camila Pinto Brandão

**DOI 10.22533/at.ed.1592126052**

### **CAPÍTULO 3..... 18**

#### **CONFIRMAÇÃO DE SINONIMIA VIA DNA BARCODING DE *Anomalocardia brasiliiana* (Gmelin, 1791) PARA *Anomalocardia flexuosa* (Linnaeus, 1767) NA ILHA DE UPAON-AÇU, MARANHÃO, BRASIL**

Ana Karolina Ribeiro Sousa  
Ícaro Gomes Antonio  
Veronica Maria de Oliveira  
Marcelo Silva de Almeida  
Maria Claudene Barros  
Elmary da Costa Fraga

**DOI 10.22533/at.ed.1592126053**

### **CAPÍTULO 4..... 31**

#### **DESENVOLVIMENTO E IMPLANTAÇÃO DE METODOLOGIA MOLECULAR BASEADA EM PCR-SSP PARA GENOTIPAGEM DA MUTAÇÃO V617F DE *JAK2***

Ariane Laguila Altoé  
Cristiane Maria Colli  
Evelyn Castillo Lima Vendramini  
Jeane Eliete Laguila Visentainer  
Quirino Alves de Lima Neto  
Ana Maria Sell

**DOI 10.22533/at.ed.1592126054**

### **CAPÍTULO 5..... 38**

#### **DNA *BARCODE* CONFIRMA A OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES ENDÊMICAS DO NORDESTE BRASILEIRO NOS TRIBUTÁRIOS DA BACIA DO RIO MEARIM,**

## **MARANHÃO/ BRASIL**

Amanda Caroline Cardoso e Silva

Marcelo Silva de Almeida

Maria Claudene Barros

Elmary da Costa Fraga

**DOI 10.22533/at.ed.1592126055**

## **CAPÍTULO 6..... 53**

### **FENOLOGIA E CRESCIMENTO DE GIRASSOL EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA E ARRANJOS ESPACIAIS EM PLANTIO DIRETO**

Gisele da Silva Machado

Clovis Pereira Peixoto

Marcos Roberto da Silva

Ana Maria Pereira Bispo de Castro

Jamile Maria da Silva dos Santos

Ademir Trindade Almeida

Ellen Rayssa Oliveira

**DOI 10.22533/at.ed.1592126056**

## **CAPÍTULO 7..... 71**

### **VARIABILIDADE EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO**

Luiz Fernando Melgaço Bloisi

Clovis Pereira Peixoto

Ellen Rayssa Oliveira

Ademir Trindade Almeida

Elvis Lima Vieira

Alfredo Melgaço Bloisi

Gisele da Silva Machado

**DOI 10.22533/at.ed.1592126057**

## **SOBRE O ORGANIZADOR..... 85**

## **ÍNDICE REMISSIVO..... 86**

# CAPÍTULO 1

## A DEFICIÊNCIA DE MICRONUTRIENTES EM CRIANÇAS E ADOLESCENTES COM SÍNDROME DE DOWN

Data de aceite: 24/05/2021

Data de submissão: 22/04/2021

### **Natália Tonon Domingues**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Faculdade de Medicina de Botucatu,  
Departamento de Pediatria, pediatra, mestre  
em medicina na área de pediatria, doutoranda  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/9124018871932308>

### **Amanda Daniel**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Instituto de Biociências de Botucatu (IBB),  
nutricionista  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/4983833040998875>

### **Bruna Rongetta Torres**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Instituto de Biociências de Botucatu (IBB),  
nutricionista  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/1758217501681714>

### **Cristina Helena Lima Delambert Bizzotto**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Faculdade de Medicina de Botucatu,  
Departamento de Pediatria, pediatra,  
mestranda em pesquisa clínica  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/5598394833274130>

### **Carlos Alexandre Hattori Tiba**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Faculdade de Medicina de Botucatu,  
Departamento de Pediatria, pediatra, mestre  
em medicina na área de pediatria  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/6727446114356084>

### **Lidia Raquel de Carvalho**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Instituto de Biociências de Botucatu (IBB),  
docente  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/6507858203899415>

### **Cátia Regina Branco da Fonseca**

Universidade Estadual Paulista (UNESP),  
Faculdade de Medicina de Botucatu,  
Departamento de Pediatria, pediatra, docente  
Botucatu – SP  
<http://lattes.cnpq.br/7412061392510911>

**RESUMO:** A Síndrome de Down (SD) é a alteração cromossômica mais comum no mundo e a principal causa de deficiência no desenvolvimento na população. As crianças com a SD apresentam maior prevalência de deficiências de minerais e vitaminas, sendo a anemia o problema nutricional de maior magnitude no Brasil e que acarreta ainda mais prejuízos no desenvolvimento e crescimento nas crianças com a SD. Objetivamos avaliar o estado nutricional do ferro em crianças com a SD. Método: Realizado um estudo clínico transversal, aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa, com recordatório alimentar e dosagem sérica de ferro e ferritina, e análise do hemograma, em crianças com a SD em seguimento no serviço de Pediatria Genética de um Hospital Universitário, com coleta de dados nos anos de 2017 e 2018. Foram incluídas 37 crianças com SD, com idade entre dois meses e 14 anos. Para o diagnóstico da anemia foi considerado a recomendação da OMS por faixa etária; ferritina foi considerada

alterada se valores abaixo de 30 ug/dL, e o ferro sérico se abaixo de 30 mg/dL. Resultados: O consumo de ferro foi adequado em 72,9% dos incluídos. Nas crianças com nível sérico de ferro insuficiente, metade delas apresentaram ingesta insuficiente neste micronutriente. A anemia foi diagnosticada em 24,3% dos incluídos, em 21,6% houve deficiência de ferro e em 35,14% deficiência de Ferritina, nas análises séricas. Entre as crianças com anemia, a maioria apresentava deficiência de ferro (66,7%) e de ferritina (77,8 %) séricos. Conclui-se que foi elevada a incidência de anemia ferropriva nas crianças com SD, sendo que se prontamente reconhecida e tratada as repercussões ao organismo podem ser minimizadas, o que é de suma importância para um adequado crescimento e desenvolvimento nestas crianças com a SD que podem apresentar outras alterações e agravos que comprometem o seu crescimento e desenvolvimento.

**PALAVRAS-CHAVE:** Anemia; Deficiência de ferro; Deficiência de micronutrientes; Síndrome de Down.

## MICRONUTRIENT DEFICIENCY IN CHILDREN AND ADOLESCENTS WITH DOWN SYNDROME

**ABSTRACT:** Down syndrome (DS) is the most common chromosomal disorder in the world and the main cause of developmental disabilities in the population. DS children have a higher prevalence of mineral and vitamin deficiencies, and anemia is the most important nutritional problem in Brazil and causing even more damage to the development and growth of DS children. The objective is to assess the nutritional status of iron in DS children. Method: Cross-sectional clinical study, approved by the Research Ethics Committee, with food record, serum iron and ferritin dosage, and hemogram, in DS children followed up at the Genetic's pediatric service of a University Hospital, collected data in years 2017 and 2018. A total of 37 DS children were included, aged between two months and 14 years old. For anemia diagnosis the WHO recommendation for the age was considered: altered ferritin if values below 30 ug / dL, and serum iron if below 30 mg / dL. Results: Iron intake was adequate in 72.9% of those included. In children with insufficient serum iron levels, half of them had insufficient intake of this micronutrient. Anemia was diagnosed in 24.3% of those included, in 21.6% there was iron deficiency and in 35.14% ferritin deficiency, in the serum analyzes. Among children with anemia, the majority had serum iron (66.7%) and ferritin (77.8%) deficiency. We concluded that the incidence of anemia was high in DS children, and if it is promptly recognized and treated, the repercussions can be minimized, which is extremely important for an adequate growth and development in these children, who can present other injuries that implicate in their growth and development.

**KEYWORDS:** Anemia; Iron deficiency; Micronutrient deficiency; Down syndrome.

## 1 | INTRODUÇÃO

A Síndrome de Down (SD) é a alteração cromossômica mais comum no mundo e a causa mais comum de deficiência no desenvolvimento intelectual na população. Possui incidência estimada no Brasil de 1 a cada 600 nascidos vivos, aumentando conforme a idade materna, e ocorre independente de classe social, etnia ou gênero (SBP, 2020; NSDD,

2020; MALT, 2013). Foi descrita pela primeira vez pelo médico John Langdon Down em 1866, porém, apenas no século XX com o avanço das pesquisas genéticas, o médico Jerome Lejeune identificou a presença de um cromossomo adicional no par 21, em 95% dos casos, justificando os termos Síndrome de Down ou Trissomia 21 (LEJEUNE, 1979; NDSS, 2020).

As crianças com a SD têm peculiaridades inerentes à condição genética, o que leva a maior predisposição a situações clínicas, como maior incidência de complicações, desde prematuridade, malformações cardíacas e gastrointestinais, complicações respiratórias, predisposição à leucemia e ao início precoce de Alzheimer, além de maior prevalência da deficiência de minerais e vitaminas (SBP,2020; MUSTACCHI, 2017; NISIHARA,2015).

A anemia é o problema nutricional de maior magnitude no Brasil e no mundo, possui etiologia multifatorial e acarreta prejuízos a curto, médio e longo prazo na vida das crianças. É definida como a condição na qual a concentração de hemoglobina está abaixo dos valores esperados (inferior a  $-2$  desvios padrão) como resultado da carência de um ou mais nutrientes essenciais, principalmente do ferro, sendo a anemia ferropriva a mais comum (FISBERG, 2018; ANDRE, 2018). A hemoglobina é responsável pelo transporte de oxigênio no sangue, e sua escassez traz repercussões no crescimento e desenvolvimento da criança o que representa grande problema de saúde pública infantil (QUEIROZ, 2000). O ferro é fundamental para a fisiologia celular, atuando na produção de DNA, em vários processos enzimáticos, atua no sistema imune, endocrinológico e no metabolismo energético (HASSAN, 2016). Estima-se que a prevalência de anemia por deficiência de ferro (DF) seja 2,5 vezes maior que a prevalência de anemia (WHO, 2001), chegando a 60% da população. O Hemograma é um exame solicitado rotineiramente para a criança portadora da SD, a partir dos 6 meses de vida, e a partir de 1 ano é preconizado que seja realizado anualmente devido ao maior risco de alterações hematológicas (SBP, 2020; MUSTACCHI, 2020; MUSTACCHI, 2017).

A anemia nestas crianças é de grande relevância, sendo considerada um problema de saúde pública, pelos efeitos deletérios no desenvolvimento cognitivo e psicomotor, além de favorecer o aparecimento de infecções e contribuir como fator de risco para mortalidade infantil (ANDRE, 2018). Acarreta prejuízos na saúde, aumenta a morbidade, favorece o aparecimento de infecções, internações hospitalares, contribuindo para o atraso no desenvolvimento neuropsicomotor, e, como atua na fisiologia celular, leva a um desequilíbrio na homeostase de todo o organismo (MUSTACCHI, 2020; ARAUJO, 2019).

A fome oculta é definida como a carência (não aparente) de um ou mais nutrientes no organismo, sendo o problema nutricional mais prevalente no mundo. Uma má nutrição é um dos principais determinantes de saúde, favorecendo a epigenética. A deficiência dos micronutrientes, quando não identificada na infância, traz repercussões irreversíveis na vida adulta (MUSTACCHI, 2020; ANDRE,2018; MUSTACCHI, 2017).

As crianças com a SD têm maior prevalência da deficiência de ferro, com prejuízos

e repercussões negativas em suas funções bioquímicas, imunológicas e clínicas (MUSTACCHI, 2020; MUSTACCHI, 2017; SBP, 2020).

Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o estado nutricional do ferro, considerando para isto a análise do hemograma, ferro e ferritina séricos em crianças com a SD em seguimento ambulatorial no Serviço de Pediatria Genética de um Hospital Universitário.

## 2 | MÉTODO

Foi realizado um estudo clínico transversal, aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa da Faculdade de Medicina de Botucatu, São Paulo, Brasil (CAAE: 62014216.0.0000.5411). Foi considerada uma amostra de conveniência de crianças e adolescentes com SD em seguimento no Serviço de Pediatria Genética do Hospital das Clínicas de Botucatu (HCFMB), com coleta de dados através de recordatório alimentar e avaliação laboratorial com hemograma, ferro e ferritina séricos, nos anos de 2017 e 2018.

Todos os responsáveis foram convidados para o estudo e os incluídos deram anuência com o termo de consentimento, e os adolescentes também deram o seu assentimento. Das 40 crianças convidadas para o estudo, apenas 1 responsável não concordou em participar, 39 crianças foram incluídas na avaliação do recordatório alimentar e, posteriormente, realizada a dosagem sérica do ferro, ferritina e hemograma, havendo neste momento a perda de mais 2 crianças por falha no seguimento ambulatorial. A análise final, portanto, constou de 37 amostras, sendo destes somente 2 adolescentes, por este motivo, ao longo do texto, todos os incluídos serão referidos como crianças.

O recordatório alimentar foi realizado com coleta de dados de 24 horas de três dias consecutivos anteriores à consulta - sendo um dia de final de semana. A avaliação do consumo alimentar de ferro foi calculada através do Programa de Apoio a Nutrição – NutWin [software] (ANÇÃO *et al.*, 2016) e as referências nutricionais, segundo nutriente e faixa etária, foram consideradas para avaliação de adequação, déficit ou excesso no consumo alimentar segundo *Dietary Reference Intakes* (DRIs), preconizadas pelo *National Research Council* (Institute of Medicine, 2002, Padovani *et al.*, 2006).

Faixa de idade	Fe (mg/d)
0 - 5,9 meses	0,27
6 - 11,9 meses	11
1 - 3,9 anos	7
4 - 8,9 anos	10
9 -13,9 anos (meninos/meninas)	8
14 -18 anos (meninos)	11
14 - 18 anos (meninas)	15

Quadro 1. Recomendação dietética de ferro para crianças e adolescentes, em miligramas por dia, segundo RDA\*.

Fonte: Recommended Dietary Allowances and Adequate Intakes (DRIs) (Institute of Medicine, 2002, Padovani *et al.*, 2006).

A análise do hemograma, ferro e ferritina séricos foi obtida do plasma, após um período de pelo menos 4h em jejum. O diagnóstico de anemia foi realizado através da avaliação do hemograma, do ferro sérico e da ferritina sérica. O ponto de corte para o diagnóstico da anemia foi de 11,0 g/dL e 11,5 g/dL, seguindo recomendações para a faixa etária (de 6 a 60 meses e de 5 a 11 anos de idade, respectivamente). O nível sérico de ferritina foi considerado normal para valores acima de 30 ug/dL e, o valor do ferro sérico, normal se acima de 30 mg/dL.

Para melhor análise estatística foi realizada a divisão por faixas etárias: menores de 12 meses, entre 12 e 36 meses, entre 36 meses e 120 meses e acima de 120 meses (os adolescentes).

### Análise estatística

Para o estudo da associação entre as variáveis, foi utilizado o teste do Qui-quadrado ou o teste Exato de Fisher. Para comparação de médias foi utilizado o teste t de Student. A análise uni e multivariada foram realizadas com calculo de *Odds Ratio* e IC de 95%. As diferenças e as associações foram consideradas significativas quando  $p < 0,05$ . O programa estatístico foi o SPSS (v10).

## 3 | RESULTADOS

O consumo de ferro alimentar foi predominantemente adequado em todas as faixas etárias (tabela 1), sendo adequado para 72,9% (n=27) dos incluídos e, com média de ingestão de 9,43 mg/d, não houve consumo em excesso.

Faixa Etária (meses)	Adequado	Deficiente	P
	N (%)	N (%)	
<12	4(57,14)	3(42,86)	0,2028
12-36	8(66,7)	4(33,3)	
37-120	14(87,5)	2(12,5)	
> 120	1(50,0)	1(50,0)	

Tabela 1. Adequação do consumo de ferro segundo faixa etária das crianças com síndrome de Down, serviço de Pediatria Genética, Botucatu, São Paulo, 2017-18.

A análise conjunta do nível sérico do ferro e a ingesta alimentar evidenciou que, entre as crianças com nível sérico de ferro insuficiente, metade delas apresentaram consumo alimentar insuficiente deste micronutriente (tabela 2).

Consumo de alimento fonte de ferro				
Ferro sérico	Adequado	Insuficiente	Total	P
	N(%)	N(%)	N(%)	
Adequado	23 (79,3)	6 (20,7)	29(100,0)	0,10
Insuficiente	4(50,0)	4 (50,0)	8 (100,0)	
Total	27 (97)	7 (2,9)	37(100,0)	

Tabela 2. Adequação do nível sérico do ferro e do consumo de alimentos fonte de ferro em crianças com a Síndrome de Down, serviço de Pediatria Genética, Botucatu, São Paulo, 2017-18.

A anemia foi diagnosticada em 24,3% dos incluídos, em 21,6% houve deficiência de ferro sérico e em 35,14% deficiência de ferritina sérica (gráfico 1).

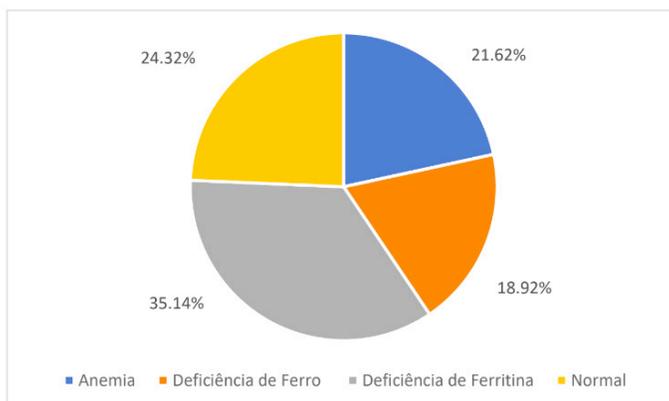


Gráfico 1 – Diagnósticos de anemia e deficiências séricas de ferro e ferritina em crianças e adolescentes com a SD, serviço de Pediatria Genética, Botucatu, São Paulo, 2017-18.

Analisando as crianças diagnosticadas com anemia (n=9, 24,3% dos incluídos), a maioria apresentou também deficiência de ferro (66,7%, n=6), e de ferritina (77,8 %, n=7). Nas crianças com deficiência de ferritina sérica, constatamos que a maioria delas, 83,33 (n=5), apresentava concomitantemente a deficiência de ferro sérico.

Analisando os fatores associados à anemia, somente o uso de sulfato ferroso na dose profilática foi significativo, na análise univariada, porém, sem redução do risco para anemia quando realizada a análise multivariada (tabela 3).

Variável	Anemia n=9		Sem anemia n=28		P	OR	IC [95%]OR	P
	N	%	N	%				
Prematuridade	3	33,33	9	32,14	0,95	0,98	[0,04-22,44]	0,99
Baixo peso	2	22,22	6	21,43	0,96	9,17	[0,11-96,42]	0,33
Aleitamento materno exclusivo	4	44,44	17	60,71	0,39	0,31	[0,01-9,78]	0,51
Tempo de aleitamento(m)	Média	DP	Média	DP	0,39			
	4,08	2,33	7,42	9,28				
<b>Tempo de Aleitamento</b>								
<1 mês	1	11,11	3	10,71				
1-4 meses	1	11,11	8	28,57		0,10	[0,02-5,03]	
4-6 meses	2	22,22	4	14,29		0,02	[0,00-3,40]	
>6 meses	2	22,22	9	32,14		0,08	[0,00-6,21]	0,59
Uso de sulfato ferroso*	6	66,67	3	10,71	<b>0,002</b>	0,05	[0,00-2,89]	0,15

\* Sulfato ferroso em uso profilático.

Tabela 3. Análise uni e multivariada de fatores associados à anemia em crianças e adolescentes com a SD, serviço de Pediatria Genética, Botucatu, São Paulo, 2017-18.

## 4 | DISCUSSÃO

As crianças com SD apresentaram a deficiência sérica do ferro, um micronutriente de extrema importância em vários metabolismos celulares, a despeito de um consumo alimentar em sua maioria adequado. Entretanto, o consumo alimentar adequado não é garantia de utilização celular dos micronutrientes, visto que pode ocorrer interação química com outras substâncias, como oxalatos, fitatos, fibras e alguns minerais, prejudicando a sua absorção (MUSTACCHI, 2020; NEGRI,2020; FISBERG, 2018; ANDRE, 2018).

A biodisponibilidade do ferro depende da dieta, além de outros fatores, como a absorção, a captação do ferro, fatores sistêmicos, como infecções, alterações hepáticas, sangramentos e doenças infectoparasitárias, que predispoem inicialmente a uma diminuição

de ferritina sérica (demonstrando o esgotamento das reservas) e posteriormente, com o avanço da doença, notamos diminuição do ferro sérico, e, num estágio mais grave, a anemia ferropriva propriamente dita (NEGRI, 2020; ANDRE, 2018).

Nosso estudo demonstrou a alta prevalência de anemia ferropriva nas crianças com SD. Sabe-se que o ferro exerce funções no metabolismo celular, com repercussões sistêmicas no desenvolvimento mental e psicomotor na infância, atuando em funções imunológicas, endocrinológicas, bioquímicas e clínicas, diminuindo internações e mortalidade a longo prazo (HASSAN, 2016). Sua deficiência deve ser prontamente reconhecida e tratada, uma vez que seus efeitos deletérios podem impactar por toda a vida do indivíduo (MUSTACCHI, 2017; FISBERG, 2018). Realizamos a avaliação e prescrição do tratamento em todos os incluídos deste estudo com o diagnóstico de anemia, conforme consta no nosso protocolo de assistência à esta população, neste serviço de Pediatria Genética.

Além dos fatores descritos anteriormente, que influenciam na absorção e captação do ferro, na SD há alterações metabólicas e bioquímicas que à predisõem a deficiência de micronutrientes (MUSTACCHI, 2020; ARAUJO, 2019). Devido à trissomia do cromossomo 21, há alterações enzimáticas e genéticas que aumentam a formação de radicais livres, por superexpressão da enzima superóxido dismutase de cobre-zinco (CuZn-SOD), aumentando sua atividade intracelular, favorecendo o envelhecimento precoce celular (SAGHAZADEH, 2017; PERONDI, 2018), e que podem justificar os achados deste estudo, no qual os achados laboratoriais da situação do ferro, não se justificam pela ingesta alimentar deste micronutriente.

A melhor absorção de ferro se dá através do ferro heme, obtido através da ingesta principalmente de carnes vermelhas, aves e peixes, pois possuem boa disponibilidade. Mas, nas crianças com SD, sua ingesta excessiva pode liberar mais radicais livres, intensificando o envelhecimento celular precoce, o que pode prejudicar seu desenvolvimento e a homeostase celular (MUSTACCHI, 2017; MUSTACCHI, 2020; AQUINO, 2013). As orientações nutricionais para estas crianças são específicas, o que justifica o seguimento ambulatorial multidisciplinar em ambulatório específico na assistência médica a estas crianças, com a inserção de nutricionista na equipe de assistência, como neste estudo.

O quadro clínico da deficiência de ferro pode ser gradual, insidioso e evolutivo. As crianças podem ter desde manifestações leves até graves, que podem ser atribuídas à própria condição genética, como atraso no desenvolvimento neuropsicomotor, alterações comportamentais e de linguagem. Algumas crianças podem ser assintomáticas, portanto, a realização de exames periódicos nos pacientes com SD se faz necessária, pois quando há manifestações clínicas da deficiência de ferro, já podem ser instaladas consequências graves e duradouras (NEGRI, 2020; ANDRE, 2018; FISBERG, 2018).

Dada à importância do ferro para o adequado crescimento e desenvolvimento, estas crianças devem ser seguidas regularmente e adequadamente em consultas de rotina da saúde da criança e com os exames seriados realizados de forma adequada, conforme

preconizam as diretrizes de atenção à saúde de pessoas com a SD (SBD, 2020). O aumento na sobrevida nos pacientes com SD traz a necessidade de elaborarmos pesquisas para aprimorar a assistência médica nesta população. Diante deste fato, concluímos que apesar da ingesta adequada de ferro, as crianças apresentaram deficiência sérica, demonstrando que mesmo numa dieta adequada pode não haver biodisponibilidade do micronutriente e que as alterações metabólicas, genéticas e bioquímicas presentes na SD podem explicar tal fato. O diagnóstico precoce da deficiência de ferro é de suma importância para um adequado crescimento e desenvolvimento na infância, trazendo repercussões positivas, com melhora da qualidade de vida para a criança e toda família (SBP,2020; MUSTACCHI, 2020 MUSTACCHI, 2017).

Como limitações do estudo destacamos o “n” (número dos incluídos), porém como se trata de uma população específica, somente com estudos multicêntricos, será viabilizado um número maior de crianças com SD.

Novas pesquisas são necessárias para ajudar a elucidar as alterações no metabolismo dos micronutrientes e das necessidades específicas sobre o consumo alimentar nos que tem a SD, afim de se avançar nas intervenções nutricionais e de suplementação nestas crianças.

Concluímos que foi elevada a incidência de anemia ferropriva nas crianças com SD, sendo que se prontamente reconhecida e tratada, as repercussões ao organismo podem ser minimizadas, o que, é de suma importância para um adequado crescimento e desenvolvimento, principalmente nestas crianças com a SD, que frequentemente apresentam outras alterações e agravos que comprometem o seu crescimento e desenvolvimento.

## FINANCIAMENTO

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), Processo 2016/16650-2 (bolsas IC), e Pró-Reitoria de Pesquisa da Universidade Estadual Paulista (PROPE-PIBIC-ISB).

## CONFLITO DE INTERESSES

Os autores declaram não haver conflitos de interesse.

## REFERÊNCIAS

ANÇÃO, M. S. *et al.* **Programa de apoio à nutrição**: NutWin Version 1.5 Software. São Paulo: Departamento de Informática em Saúde, Universidade Federal de São Paulo, Escola Paulista de Medicina, 2016. Disponível em: <https://www2.unifesp.br/dis/produtos/nutwin/index.htm>. Acesso em: 1 nov. 2020.

ANDRÉ, H. P. *et al.* Indicadores de insegurança alimentar e nutricional associados à anemia ferropriva em crianças brasileiras: uma revisão sistemática. **Ciência & Saúde Coletiva**, Rio de Janeiro, v. 23, n. 4, p. 1159-1167, 2018.

AQUINO, C. **Alimentação de crianças com síndrome de Down**. Rio de Janeiro: Movimento Down, 2013. Disponível em: <http://www.movimentodown.org.br/2013/02/alimentacao-de-criancas-com-sindorme-de-down/>. Acesso em: 1 jun. 2016.

ARAUJO, D. G. S. *et al.* Aspectos nutricionais de portadores de Síndrome de Down: uma revisão bibliográfica. **Revista Eletrônica Acervo Saúde**, São Paulo, v. 21, p. e562, 2019. Suplemento. DOI: <https://doi.org/10.25248/reas.e562.2019>.

FISBERG, M.; LYRA, I.; WEFOR, V. **Consenso sobre anemia ferropriva: mais que uma doença, uma urgência médica!** Rio de Janeiro: Departamento de nutrição e Hematologia-Hemoterapia, Sociedade Brasileira de Pediatria, 2018. Disponível em: [https://www.sbp.com.br/fileadmin/user\\_upload/21019f-Diretrizes\\_Consenso\\_sobre\\_anemia\\_ferropriva-ok.pdf](https://www.sbp.com.br/fileadmin/user_upload/21019f-Diretrizes_Consenso_sobre_anemia_ferropriva-ok.pdf). Acesso em: 18 abr. 2021.

HASSAN, H. T. *et al.* Impact of iron deficiency anemia on the function of the immune system in children. **Medicine (Baltimore)**, v. 95, n. 47, p. 5395, 2016.

INSTITUTE OF MEDICINE. Dietary reference intakes for vitamin A, vitamin K, arsenic, boron, chromium, copper, iodine, iron, manganese, molybdenum, nickel, silicon, vanadium, and zinc. Washington (DC): **National Academy Press**; 2002.

LEJEUNE, J. Biochemical investigations and trisomy 21 (author's transl). **Annales de Génétique**, Paris, v. 22, n. 2, p. 67-75, 1979.

MALT, E. A. *et al.* Health and disease in adults with Down syndrome. **Tidsskrift for den Norske Lægeforening**, Chistiania, v. 133, n. 3, p. 290-294, 2013.

MUSTACCHI, Z.; SALMONA, P.; MUSTACCHI, R. **Guia do jovem e do adulto com T21 (Síndrome de Down)**. São Paulo: Memnon, 2020.

MUSTACCHI, Z.; SALMONA, P.; MUSTACCHI, R. **Trissomia 21 ( Síndrome de Down)**: nutrição, educação e saúde. São Paulo: Memnon, 2017.

NATIONAL DOWN SYNDROME SOCIETY (NDSS). **Down syndrome**. New York: NSDD, 2020. Disponível em: <https://www.ndss.org/about-down-syndrome/down-syndrome/>. Acesso em: 1 nov. 2020.

NEGRI, G. P.; JANAINA, G. R.; LAUXEN, J. Metabolismo do ferro e eritropoiese. **Revista Eletrônica Virtual – AC&T**, São José do Rio Preto, v. 1, n. 10, p. 1-10, 2013. Disponível [https://www.ciencianews.com.br/arquivos/ACET/IMAGENS/revista\\_virtual/hematologia/hemato26.pdf](https://www.ciencianews.com.br/arquivos/ACET/IMAGENS/revista_virtual/hematologia/hemato26.pdf). Acesso em: 19 out. 2020.

NISIHARA, R. *et al.* Hematological parameters in children with Down syndrome. **Jornal Brasileiro de Patologia e Medicina Laboratorial**, Rio de Janeiro, v. 51, n. 2, p. 85-90, 2015.

PADOVANI, R. M.; AMAYA-FARFÁN, J.; COLUGNATI, A. F. B.; Martins Álvares DOMENE, S. M. A. Dietary reference intakes: aplicabilidade das tabelas em estudos nutricionais. **Rev. Nutr.**, Campinas, 19(6):741-760, nov./dez., 2006.

PERONDI, C. *et al.* Blood zinc levels and oxidative stress parameters in children and adolescents with Down Syndrome. **Journal of Syndromes**, Northborough, v. 4, n. 1, p. 1-6, 2018.

QUEIROZ, S. S.; TORRES, M. A. A. Anemia ferropriva na infância. **Jornal de Pediatria**, Rio de Janeiro, v. 76, p. 298-304, 2000. Suplemento 3.

SAGHAZADEH, A. *et al.* Systematic review and meta-analysis shows a specific micronutrient profile in people with Down Syndrome: lower blood calcium, selenium and zinc, higher red blood cell copper and zinc, and higher salivary calcium and sodium. **PloS One**, v. 12, n. 4, p. e0175437, 2017. DOI 10.1371/journal.pone.0175437.

SOCIEDADE BRASILEIRA DE PEDIATRIA. **Diretrizes de atenção à pessoa com Síndrome de Down**. São Paulo: Departamento Científico de Genética, 2020.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. Iron deficiency anaemia: assessment, prevention, and control. **A guide for programme managers**. Geneva: WHO, 2001.

# CAPÍTULO 2

## CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE INFLORESCÊNCIAS EM ACESSOS DE *Oenocarpus bataua* MART

Data de aceite: 24/05/2021

Data de submissão: 25/02/2021

### Alyne Regina Nazare Alves Maciel

Universidade Federal Rural da Amazônia-UFRA  
Belém-Pa  
<http://lattes.cnpq.br/5997214420715259>

### Maria do Socorro Padilha de Oliveira

Pesquisadora da Embrapa Amazônia Oriental  
Belém- Pa  
<http://lattes.cnpq.br/6955194101181577>

### Camila Pinto Brandão

Universidade Federal Rural da Amazônia-UFRA  
Belém-Pa  
<http://lattes.cnpq.br/3910735003793589>

**RESUMO:** Caracterizaram-se morfologicamente inflorescências de acessos de *O. bataua* conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental. Para tanto, foram retiradas dez ráquias ao acaso por inflorescência de plantas representantes de 19 acessos. As amostras retiradas foram caracterizadas para treze caracteres. Os dados obtidos foram digitados em planilha Excel e submetidos às análises de estatística descritiva. Os 19 acessos apresentaram variação para todos os caracteres, com comprimento médio da ráquila de 85,64 cm, onde 33,31cm tendo apenas flores masculinas, 13,17cm não tiveram nenhum tipo de flor e em 39,16 cm ocorreram flores na disposição de duas masculinas para uma feminina. Cada ráquila teve, em média, 38 flores femininas e 250 masculinas,

podendo atingir até 71 flores femininas, com variações para o tamanho das flores femininas e masculinas. A coloração predominante das flores foi o amarelo claro (7.5 YR; 2,5Y; 2.5YR; 5Y) havendo concordância para as cores da ráquila e da flor feminina com seis graduações para ambas, e sete graduações de amarelo para flores masculinas. Portanto, os acessos de *O. bataua* caracterizados possuem diferenças para caracteres de inflorescências, onde se pode evidenciar indivíduos com sugestão de um maior potencial produtivo.

**PALAVRAS-CHAVE:** Patauá, palmeira, flores, variações, potencial produtivo.

### MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF INFLORESCENCES IN ACCESSIONS *Oenocarpus bataua* MART

**ABSTRACT:** Inflorescences of *O. bataua* accessions conserved in the Active Germplasm Bank of Embrapa Eastern Amazon were morphologically characterized. For this purpose, ten spindles were removed at random due to the inflorescence of plants representing 19 accessions. The samples taken were characterized for thirteen characters. The data obtained were entered into an Excel spreadsheet and analyzed using descriptive statistics. The 19 accessions showed variation for all characters, with an average length of the spindle of 85.64 cm, where 33.31cm having only male flowers, 13.17 cm had no type of flower and in 39.16 cm there were flowers in the disposition of two male to one female. Each rachilla had, on average, 38 female and 250 male flowers, reaching up to 71 female flowers, with variations for the size of the female

and male flowers. The predominant color of the flowers was light yellow (7.5 YR; 2.5Y; 2.5YR; 5Y) with agreement for the colors of the rachis and the female flower with six gradations for both, and seven gradations of yellow for male flowers. Therefore, the *O. bataua* accessions characterized have differences for inflorescence characters, where it is possible to shown individuals with a suggestion of a greater productive potential.

**KEYWORDS:** Pataua palm, flowers, variations, productive potential.

## INTRODUÇÃO

O Patauá como é vulgarmente conhecido *Oenocarpus bataua*, é uma palmeira nativa da região Amazônia, de ocorrência em países da América Central (OLIVEIRA; OLIVEIRA, 2015), sendo considerada semi domesticada ou não domesticada (CLEMENT, 2001). É uma espécie monocaule, com folhas dispostas em espiral, fácil de ser notada por seu grande porte. Da polpa de seus frutos se obtém a bebida denominada patauá, alimento muito apreciado pelas famílias tradicionais da região Amazônica, de onde também se obtém óleo similar ao de azeite de oliva, o qual já foi amplamente difundido (OLIVEIRA; OLIVEIRA, 2015).

Seus produtos possuem excelentes qualidades nutricionais, com ácidos graxos de alta insaturação, rico em aminoácidos essenciais, além de serem fontes de compostos antioxidantes (SERRA, et al., 2019; MUSHTAQ et al., 2019) sendo usado como fitoterapicos, cosmeticos e na culinaria para cremes e sorvetes ou mesmo *in natura*. Logo, essa palmeira possui grande potencial para ser explorada como produto não madeireiro, em suas populações naturais e podendo até ser cultivada em escala comercial. Mas, apesar dessa prospecção promissora o patauá não tem sido muito estudado, principalmente em conhecimentos basicos envolvendo as atividades de recursos genéticos, como a avaliação de inflorescencias. Informações dessa natureza podem gerar subsidios para o manejo e melhoramento da especie, que atualmente enfrenta uma serie de barreiras para sua domesticação (GOMES-SILVA; WADT; EHRINGHAUS, 2004).

Na Embrapa Amazônia Oriental há um Banco de Germoplasma de patauá contendo acessos de *O. bataua* coletados em vários locais da Amazônia (Alelo, 2021) e que precisam ser caracterizados e avaliados para diferentes usos. A caracterização morfológica é a mais usada por gerar informações sobre a descrição e a classificação do material pois é considerado de rápida obtenção e de baixo custo (OLIVEIRA, 2001). Pode ser obtida por mensuração (caracteres quantitativos) e por observação (caracteres qualitativos). Com base nesses dados coletados, pode se obter a prospecção de recursos genéticos conservados no banco de germoplasma.

Este trabalho teve por objetivo caracterizar morfológicamente inflorescências em acessos de *O. bataua* conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental.

## MATERIAL E MÉTODOS

No período de agosto/2015 a julho/2016 foram caracterizadas inflorescências (n= 1 a 3) recém abertas de plantas representantes de 19 acessos de patauá conservados no Banco Ativo de germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA.

De cada inflorescência foram retiradas ao acaso dez ráquias, as quais foram identificadas, colocadas em saco de papel e transportadas até o Laboratório de Fitomelhoramento dessa instituição para serem mensurados dezesseis caracteres, sendo treze quantitativos: comprimento da ráquila (CR), distância da primeira flor feminina a inserção da ráquila na ráquis (DPFF) e extensão das flores masculinas ao longo da ráquila (DFM); comprimento (CFF) e diâmetro da flor feminina (DFF) e comprimento do estigma (CE); diâmetro da flor masculina (DFM); comprimento da flor (CFM), da antera (CA) e do filete da flor masculina (CF), obtidos em mm; e número de flores femininas (NFF) e de masculinas (NFM) e de estames (NE); e três qualitativos: a cor da ráquila (CorR), da flor feminina (CorFF) e da masculina (CorFM) com base na carta de cores (MUNSELL COLOR CHARTS, 1977).

Os dados obtidos foram organizados em planilhas do Excel e submetidos às análises de estatística descritiva.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

No período de estudo foram coletadas amostras de ráquias em 27 inflorescências nos 19 acessos. O acesso 12003 emitiu três inflorescências; cinco acessos (12038, 12033, 12034, 12024, 12001, 12028) produziram duas inflorescências, os demais uma. Os acessos apresentaram grande variação para todos os caracteres, com média 85,64 cm para o comprimento da ráquila (CR), podendo alcançar até 115,50 cm (Tabela 1). Desse comprimento médio 33,31 cm apresentou apenas flores masculinas formando diades, em 13,17 cm não ocorreu nenhum tipo de flor (DPFF) e em 39,16 cm ocorreram duas flores masculinas ladeando uma feminina formando triades. Cada ráquila teve, em média, 38 flores femininas e 250 masculinas, variando de 1 a 71 flores femininas e de 195 a 369 masculinas.

Acesso	CR (cm)	DPFF (cm)	DFM (cm)	FFR (n°)	FMR (n°)	CFF (mm)	DFD (mm)	CE (mm)	CFM (mm)	DFM (mm)	NE (n°)	CF (mm)	CA (mm)
12003	81,38	9,07	28,93	66,32	302,10	4,81	5,72	3,46	6,33	3,78	15	3,01	3,38
12010	115,50	16,20	35,80	68,40	285,80	4,39	5,82	2,94	7,82	3,61	12	3,06	2,35
12038	87,18	13,10	36,85	45,20	226,30	4,55	5,17	3,35	6,43	3,89	12	2,81	3,51
12016	107,00	23,12	32,58	56,50	223,40	5,49	5,69	3,42	7,37	3,73	12	2,85	3,97
12033	82,91	12,11	36,41	57,20	211,40	5,36	5,69	3,85	6,48	3,77	12	2,82	3,69
12034	75,45	12,27	37,82	46,45	231,40	4,85	4,67	3,80	6,27	3,59	12	2,85	3,37
12017	93,47	19,23	30,96	45,90	194,80	4,65	5,59	3,45	6,18	2,62	12	2,32	2,95
12024	79,04	10,66	40,13	33,40	217,40	5,13	4,22	2,95	4,89	3,42	12	2,83	3,14
12001	72,70	11,18	31,19	21,55	212,60	4,23	4,21	3,28	5,86	3,77	12	2,72	3,51
12013	108,55	22,85	48,20	32,70	222,40	4,51	6,46	3,69	7,36	3,93	12	2,80	3,61
22023	95,07	15,19	50,60	31,80	217,60	5,19	4,95	3,66	5,49	4,75	12	3,49	4,01
12002	73,64	10,64	29,83	36,45	213,10	5,12	5,83	4,35	6,78	3,54	12	2,93	3,28
12026	58,02	5,95	23,48	22,80	195,00	4,91	5,08	3,92	6,49	3,66	12	2,80	3,80
12028	106,80	16,61	57,20	70,45	242,90	4,82	5,24	3,67	6,84	3,93	12	2,69	3,84
12032	84,22	13,13	32,12	41,50	221,60	4,98	5,04	3,97	6,56	3,99	12	2,84	4,19
62004	75,98	8,56	9,65	15,70	334,40	5,52	6,61	4,66	4,78	2,24	9	2,30	2,03
62011	83,25	11,34	7,53	6,80	320,40	5,44	7,57	4,58	4,77	2,84	9	2,53	2,48
62013	69,89	8,84	4,08	4,30	324,20	5,07	7,10	4,13	4,19	2,59	9	2,44	2,06
62016	77,22	10,25	59,60	1,00	369,40	5,25	5,90	4,31	4,37	2,71	9	2,65	2,04
Média	85,64	13,17	33,31	37,07	250,85	4,96	5,61	3,76	6,07	3,49	11	2,78	3,22
Max	115,50	23,12	59,60	70,45	369,40	5,52	7,57	4,66	7,82	4,75	14	3,49	4,19
Min	58,02	5,95	4,08	1,00	194,80	4,23	4,21	2,94	4,19	2,24	9	2,30	2,03

CR: comprimento da ráquila; DPFF: distância da1 flor feminina a inserção da ráquila; DFM: disposição das flores masculinas na ráquila; FF: n° de flores femininas; FM: n° de flores masculinas; LFF: largura da flor feminina; DFF: diâmetro da flor feminina; CE: comprimento do estigma; CFM: comprimento da flor masculina; LFM: largura da flor masculina; NE: número de estames por flor masculina; CF: comprimento do filete; CA: comprimento da antera.

Tabela 1. Médias, valores máximos e mínimos para 13 caracteres de inflorescência caracterizados em 19 acessos de *Oenocarpus bataua* conservados na embrapa amazonia oriental, Belém, Pa.

Resultados semelhantes foram encontrados por Núñez et al. (2015) ao avaliarem inflorescências de patauzeiro na Amazônia colombiana. As flores femininas e masculinas apresentaram tamanhos distintos. Mas, o destaque deu-se para o número de estames (NE) que, na maioria dos acessos, foi de 12 estames. No acesso 12003 o NE variou de 9 a 15 estames, enquanto nos acessos 62004, 62011, 62013, 62016 foi de 9 estames, mostrando-se um caráter discriminatório entre os acessos de *O. bataua*.

A cor predominante das flores foi o amarelo claro (2.5YR, 7.5YR, 5Y, 2.5Y) havendo concordância para as cores da ráquila e da flor feminina em seis graduações 2.5YR 8/2, 7.5YR 8/4, 5Y 8/4, 2.5Y 8/4, 7.5 YR 8/6, 7.5 YR 8/2, e sete graduações de amarelo para flores masculinas 7.5YR 8/6, 7.5YR 7/4, 2.5 Y8/8, 5Y 8/6, 5Y 3/6, 7.5YR 8/2, 7.5 YR 8/4. Pimentel e Jardim (2009) relatam que variações ambientais podem influenciar na coloração dos frutos de indivíduos de açazeiro, podendo-se inferir que o mesmo pode ocorrer para espécie em estudo.

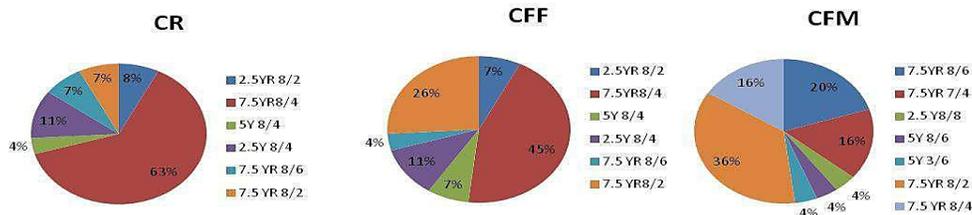


Figura 1. Variação de cores da ráquila (CR), da flor feminina (CFF) e flor masculina (CFM) em inflorescências recém abertas de acessos de *Oenocarpus bataua* Mart. conservados na Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA.

## CONCLUSÃO

Os acessos de *O. bataua* caracterizados possuem diferenças para caracteres de inflorescências, onde se pode evidenciar indivíduos com sugestão de um maior potencial produtivo.

## REFERÊNCIAS

**Alelo Embrapa.** 2021. Disponível em: <http://alelobag.cenargen.embrapa.br/AleloConsultas/Passaporte/index.do>. Acesso em: 01 de março. 2021.

CLEMENT, C. R. Melhoramento de espécies nativas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. de; INGLIS, M. C. V. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 423-441.

GOMES-SILVA, DAP; WADT, LH de O.; EHRINGHAUS, C. Ecologia e manejo de pataú (*Oenocarpus bataua* Mart.) Para produção de frutos e óleo. **Embrapa Acre-Documentos (INFOTECA-E)**, 2004.

MUNSELL COLOR CHARTS. **Munsell Color Charts for Plant Tissues**. New York, 1977.

MUSHTAQ, M.; AKRAM, S.; HASANY, S. M. Seje (*Oenocarpus/Jessenia bataua*) Palm Oil. In: **Fruit Oils: Chemistry and Functionality**. Springer, Cham, p. 883-898. 2019.

NÚÑEZ, L. A.; ISAZA, C.; GALEANO G. Ecología de la polinización de tres especies de *oenocarpus* (arecaceae) simpátricas en la amazonia colombiana. **Revista de Biología Tropical**, v. 63, n. 1, p. 35-55, mar. 2015.

OLIVEIRA, M. do S. P. Caracterização morfológica de frutos em acessos de tucumazeiro (*Astrocaryum vulgare* Mart.). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3., 2001, Londrina. **Anais...** Londrina: IAPAR, 2001. p. 351.

OLIVEIRA, M. do S. P. de; OLIVEIRA, N. P. de. Pataú. In: LOPES, R.; OLIVEIRA, M. S. P.; CAVALLARI, M.M.; BARBIERI, R. L.; CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S. **Palmeiras Nativas do Brasil**. Brasília, DF: Embrapa, 2015. p. 309-338.

PIMENTEL, M.S.; JARDIM, M.A.G. Morfologia das infrutescências e inflorescências do açai-preto (*Euterpe oleracea* Mart.) e das etnovarietades branco, espada e tinga (*Euterpe* spp.). In: JARDIM, M. A. G. (Org.). **Diversidade biológica das áreas de proteção ambiental, Ilhas do Combu e Algodão-Maiandeuá**. Museu Paraense Emílio Goeldi: Coleção Adolpho Ducke, Belém. p.79-87,2009

SERRA, J. L.; CRUZ RODRIGUES, A. M. da; FREITAS, R. A. de; ALMEIDA MEIRELLES, A. J. de; DARNET, S.H.; SILVA, L. H. M. da. Fontes alternativas de óleos e gorduras de plantas da Amazônia: ácidos graxos, metil-tocóis, carotenóides totais e composição química. **Food research international**, v. 116, p. 12-19, 2019.

# CAPÍTULO 3

## CONFIRMAÇÃO DE SINONIMIA VIA DNA BARCODING DE *Anomalocardia brasiliiana* (Gmelin, 1791) PARA *Anomalocardia flexuosa* (Linnaeus, 1767) NA ILHA DE UPAON-AÇU, MARANHÃO, BRASIL

Data de aceite: 24/05/2021

Data de submissão: 12/05/2021

Programa de Pós-graduação em Recursos  
Aquáticos e Pesca – PPGRAP  
São Luís-MA  
<http://lattes.cnpq.br/9400992635027394>

### Ana Karolina Ribeiro Sousa

Universidade Estadual do Maranhão – UEMA,  
Programa de Pós-graduação em Recursos  
Aquáticos e Pesca – PPGRAP  
São Luís-MA.  
<http://lattes.cnpq.br/4851964305612105>

### Ícaro Gomes Antonio

Universidade Estadual do Maranhão – UEMA,  
Centro de Ciências Agrárias  
São Luís-MA  
<http://lattes.cnpq.br/0189911180033855>

### Veronica Maria de Oliveira

Universidade Estadual do Maranhão – UEMA,  
Centro de Educação, Ciências Exatas e  
Naturais  
São Luís-MA  
<http://lattes.cnpq.br/0882206169409388>

### Marcelo Silva de Almeida

Universidade Estadual do Maranhão – UEMA,  
Programa de Pós-graduação em Recursos  
Aquáticos e Pesca – PPGRAP  
São Luís-MA  
<http://lattes.cnpq.br/4599168767483133>

### Maria Claudene Barros

Universidade Estadual do Maranhão (CESC/  
UEMA), Departamento de Química e Biologia  
Caxias-MA  
<http://lattes.cnpq.br/5604314745118032>

### Elmary da Costa Fraga

Universidade Estadual do Maranhão – UEMA,

**RESUMO:** A identificação de espécies da família Veneridae baseado apenas em caracteres morfológicos tem gerado incertezas taxonômicas. Neste sentido, o presente trabalho teve por objetivo confirmar via DNA barcoding a sinonímia de *Anomalocardia brasiliiana* com *Anomalocardia flexuosa* na Ilha de Upaon-Açu, Maranhão, Brasil. Foi aplicada a metodologia DNA Barcoding, na qual utiliza-se um fragmento do gene Citocromo Oxidase Subunidade I (COI). As amostras foram obtidas entre 2018-2019 em dois pontos da Ilha de Upaon-Açu. No sequenciamento de 20 amostras foram obtidos fragmentos do gene COI para *A. flexuosa* com 656 pb. A partir dessas sequências obteve-se 12 haplótipos com diversidade haplotípica (h) de 0,900, dois haplótipos ocorreram nas duas populações. A média de divergência genética intraespecífica foi 0,63%. A árvore filogenética agrupou os espécimes em um clado fortemente suportados com 100% de *bootstrap*. O percentual de divergência apresentou valor baixo e similaridade superior a 99% no comparativo entre *A. flexuosa* e *A. brasiliiana*, espécie disponível no BOLDSYSTEMS. Com isso o DNA barcoding confirmou quanto à identificação do sarnambi presente na Ilha de Upaon Açú é *Anomalocardia flexuosa* e corroborou com estudos que apontam *Anomalocardia brasiliiana* em sinonímia com esta espécie.

**PALAVRAS – CHAVE:** Manguezais, Litoral, Sistemática, Identificação, Divergência.

## CONFIRMATION OF SYNONYMS VIA DNA BARCODING OF *Anomalocardia brasiliiana* (Gmelin, 1791) WITH *Anomalocardia flexuosa* (Linnaeus, 1767) IN UPAON-AÇU ISLAND, MARANHÃO, BRAZIL

**ABSTRACT:** The identification of species of the Veneridae family based only on morphological characters has generated taxonomic uncertainties. In this sense, the present study to confirm via DNA barcoding the synonym of *Anomalocardia brasiliiana* with *Anomalocardia flexuosa* on the Island of Upaon-Açu, Maranhão, Brazil. The DNA Barcoding methodology was applied, in which a fragment of the Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) gene is used. Samples were obtained between 2018-2019 at two points on the island of Upaon-Açu. In the sequencing of 20 samples, fragments of the COI gene for *A. flexuosa* with 656 bp were obtained. From these sequences, 12 haplotypes were obtained with haplotypic diversity (h) of 0.900, two haplotypes occurred in both populations. The average of intraspecific genetic divergence was 0.63%. The phylogenetic tree grouped the specimens in a clade strongly supported with 100% bootstrap. The percentage of divergence showed a low value and similarity greater than 99% in the comparison between *A. flexuosa* and *A. brasiliiana*, a species available in BOLDSYSTEMS. Thus, DNA barcoding confirmed the identification of the sarnambi present on the island of Upaon Açu is *Anomalocardia flexuosa* and corroborated with studies that point to *Anomalocardia brasiliiana* in synonymy with this species.

**KEYWORDS:** Mangroves, Coastline, Systematics, Identification, Divergence.

## 1 | INTRODUÇÃO

As espécies da família Veneridae são moluscos bivalves, comuns no litoral brasileiro, em ambientes com características diversas como praias arenosas e enlameadas, manguezais e fundos de ambientes de corais (RIOS, 1994; DENADAI et al., 2006; ROCHA e MATTHEWS-CASCON, 2015). Está família reúne aproximadamente 500 espécies vivas, no Brasil foram registradas 40 espécies de Veneridae, pertencentes a sete subfamílias e a 25 gêneros (ROCHA e MATTHEWS-CASCON, 2015).

A exploração dos Veneridae nas praias, mangue e/ou bancos de mariscagem é comum nas diferentes regiões do Brasil (EVANGELISTA-BARRETO et al., 2014; SILVA, 2015; ANTONIO et al., 2019; FUNO et al., 2019). Essa atividade vem sendo de grande importância para comunidades de pescadores que comercializam esse recurso com o intuito de complementar a renda da família e/ou subsistência (MONTELES et al., 2010; RODRIGUES et al., 2010; FIGUEREDO, 2014; FREITAS et al., 2019).

De acordo com Rios (1994) o gênero *Anomalocardia* Schumacher, 1817 apresenta a seguinte classificação taxonômica: Filo Mollusca, Classe Bivalvia, Subclasse Eutherodonta, Ordem Venerida, Família Veneridae, Subfamília Chioninae e Gênero *Anomalocardia*. Problemas com sinonímia é comum com gêneros da Veneridae. Para o gênero *Anomalocardia* foram realizados trabalhos de revisões de diversas espécies,

verificando divergências e atualizando a sistemática (HUBER, 2010). Atualmente o gênero possui quatro espécies aceitas (MOLLUSCABASE, 2021), entretanto apenas *A. flexuosa* encontra-se no litoral brasileiro (ROCHA e MATTHEWS-CASCON, 2015). Essa espécie possui diversas sinónimas, uma das principais e mais conhecida no Brasil é a *A. brasiliiana*, sendo ainda utilizado em publicações científicas (MAIA et al., 2018; BARBOSA et al., 2018; COSTA et al., 2019).

Contradições entre os diferentes estudos morfológicos realizados dificultam a identificação de espécies venerídeos, afetando demais estudos ecológicos desses organismos (CANAPA et al., 1996; DENADAI et al., 2006; MYKKELSEN et al., 2006). Pesquisas genéticas de identificação e caracterização populacional, avaliação de estoque de moluscos bivalves vêm sendo realizados utilizando o gene Citocromo Oxidase subunidade I (COI) com a finalidade de auxiliar na identificação precisa das espécies (RODRIGUES et al., 2010; LEMER et al., 2014; FERNANDES et al., 2018; LOPES et al., 2018; LOPES, et al., 2019). Portanto, o trabalho teve por objetivo confirmar via DNA barcoding a sinónima de *Anomalocardia brasiliiana* com *Anomalocardia flexuosa* na Ilha de Upaon-Açu, Maranhão, Brasil.

## 2 | MATERIAIS E MÉTODOS

As amostras foram obtidas durante o período de um ano (2018-2019) em dois pontos da Ilha de Upaon-Açu, nos estuários dos municípios de Paço do Lumiar e Raposa (Figura 1), realizada coleta única nos dois pontos no período de maré enchente, os indivíduos foram coletados de forma manual e aleatória em uma área aproximada de 5 m<sup>2</sup> e aproximadamente 10 cm de profundidade no sedimento.

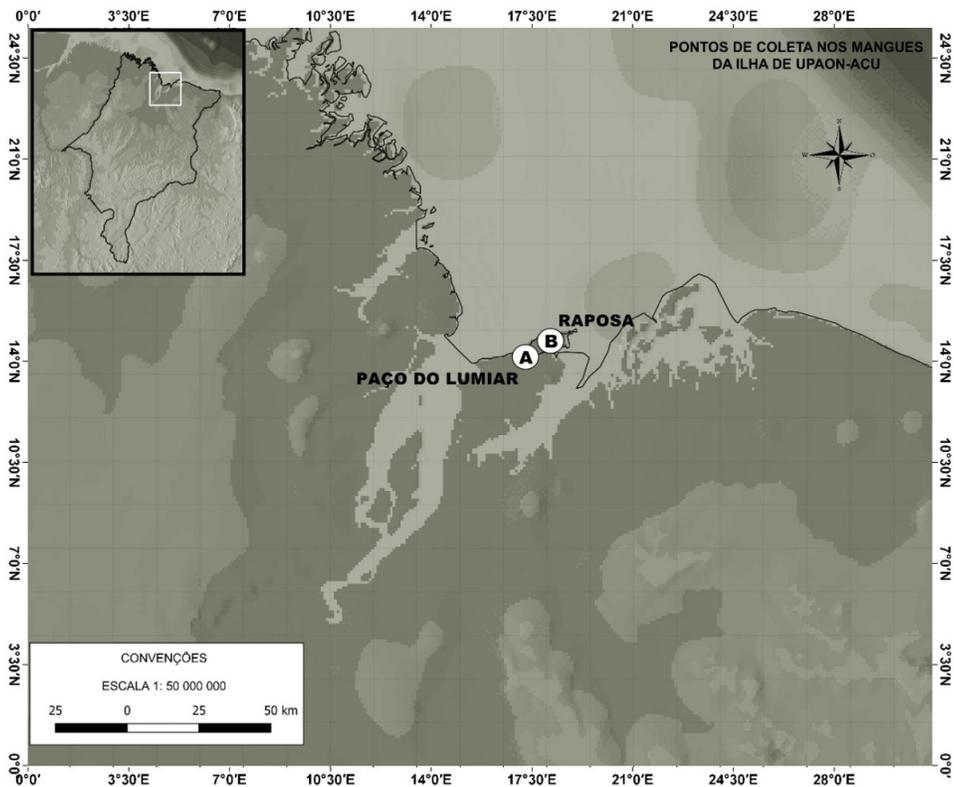


Figura 1. Mapa dos pontos de amostragem na Ilha de Upaon-açu, Maranhão, Brasil.

Fonte: Autor

No laboratório o músculo adutor foi removido e preservado em etanol a 100% e mantido a 20°C negativo até a extração do DNA. O DNA foi isolado usando-se o protocolo kit Wizard Genomic DNA Purification da Promega. A amplificação do DNA de seqüências parciais do gene mitocondrial COI foi obtida com os primers LCOC11490 e HCOC12198 desenhados por Folmer et al. (1994). A reação de amplificação foi realizada nas seguintes condições: desnaturação inicial a 95° C por 3 min; 35 ciclos de 95° C durante 1 min (Desnaturação); 48° C durante 1 min (Anelamento); 72° C por 1,5 min (Extensão); e uma extensão final a 72° C durante 7 min durante o último ciclo. Os resultados das PCRs foram observados em eletroforese com gel de agarose 1%, corado com Green.

Os produtos das PCRs foram purificados utilizando o kit ExoSap-IT® e utilizados em uma reação de sequenciamento com o auxílio do Kit "Big Dye TM Terminator v 3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction" (Applied Biosystems). As reações de sequenciamento foram realizadas em placas usando o termociclador com o programa: Desnaturação inicial a 96 ° C por 10 min; 25 ciclos, sendo 96°C por 50 segundos (Desnaturação); 50°C por 5 segundos (Hibridização); e 60°C por 4 minutos (Extensão). A reação de sequenciamento

foi precipitada com EDTA/Acetato de sódio/etanol e analisados em sequenciadores de DNA automático (ABI 3.500).

O alinhamento das sequências foi realizado com o Clustal W (THOMPSON et al., 1994). As edições das sequências foram feitas usando o editor de sequências BioEdit versão 7.2.5 (HALL, 1999). O programa MEGA X versão 10.1 (KUMAR et al., 2018) foi utilizado para verificar a composição nucleotídica, matriz de distância genética e análises filogenéticas na qual utilizou-se o modelo Kimura-2-parâmetros e o método de agrupamento de vizinhos (SAITOU e NEI, 1987). Para verificar a significância dos agrupamentos utilizou-se a análise de bootstrap (FELSENSTEIN, 1985). Para a análise da diversidade haplotípica foi utilizado o programa DNAsp 6.11.01 (ROZAS et al., 2017).

Foram incorporados ao banco de dados uma sequência do gene COI obtida do GenBank da espécie *Calyptogena magnifica* (AY191982) de Hurtado et al. (2003) e *Protothaca mcgintyi* (DQ458490) de Kapner e Bieler (2006), utilizadas como grupo externo e sequências de *A. brasiliiana* (FJ481182) de Arruda et al. (2009). Ambas espécies do grupo externo possuem novas nomenclatura. *C. magnifica* possui novo gênero passando a ser identificada como *Turneroconcha magnifica* (Boss & R. D. Turner, 1980) (KRYLOVA & SAHLING, 2020), e *P. mcgintyi* é sinônima de *Leukoma metodon* (Pilsbry & H. N. Lowe, 1932) (CHEN, et al., 2011).

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) (RATNASINGHAM e HEBERT, 2007).

### 3 | RESULTADO

Foram obtidas 20 sequências de um fragmento de gene COI com 656 pb. A média da composição nucleotídica do fragmento analisado da *A. flexuosa* (Figura 2) foi de 22,9% Adenina (A), 14,8% Citosina (C), 21% Guanina (G) e 41,3% Timina (T), estes valores estão dentro do esperado para a espécie.

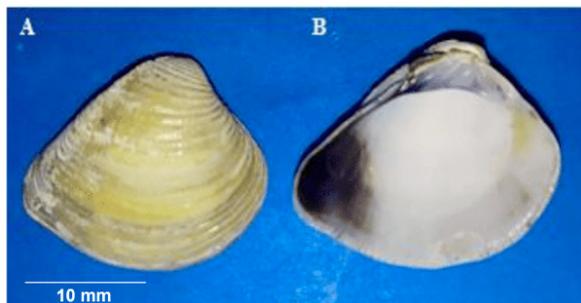


Figura 2. *Anomalocardia flexuosa* coletada na Ilha de Upaon Açú, Maranhão, Brasil. (A = vista externa da valva direita, B = vista interna da valva esquerda).

Das 20 sequências de *A. flexuosa* foram obtidas doze haplótipos com uma diversidade haplotípica (h) de 0,900 e diversidade nucleotídica ( $\pi$ ) de 0,006. Quando analisado isoladamente cada população foi observado que os maiores valores de diversidade haplotípica ocorreram para as amostras de Paço do Lumiar com  $h=0,9333$ , em Raposa foi de  $h = 0,9121$ . Dentre os doze haplótipos encontrados, os haplótipos H3 e H4 foram os mais frequentes, ocorrendo nas duas populações com frequência de três e seis vezes, respectivamente. Foram observados sete haplótipos exclusivos para a população de Raposa (H6 a H12) e três para população de Paço do Lumiar (H1, H2 e H5).

As sequências de COI obtidas foram submetidas a plataforma BOLDSYSTEMS (Barcode of Life Data Systems) com a finalidade de obter a identificação molecular. A porcentagem de identificação das espécies no BOLDSYSTEMS para o gênero *Anomalocardia* variou de 99,31 a 99,83% de similaridade para espécie *A. brasiliana* sinônima da *A. flexuosa* (Tabela 1).

Sendo verificados de forma individual, os percentuais de divergência apresentaram padrões baixos no comparativo das sequências obtidas do gênero *Anomalocardia* com a sequência da espécie *A. brasiliana* disponível no Genbank, valores que variam entre 0,6 e 1,9% (Tabela 2).

Identificação Morfológica	Identificação Molecular	Similaridade (%)
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAR1)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,48
<i>Anomalocardia</i> sp.(SAR5)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,83
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAR10)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,83
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAR12)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,31
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAR14)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,48
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAR15)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,48
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAR17)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,83
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAP24)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,65
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAP25)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,48
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAP26)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,65
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAP27)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,65
<i>Anomalocardia</i> sp. (SAP28)	<i>Anomalocardia brasiliana</i> <sup>sn</sup>	99,83

Tabela 1: Percentual de similaridade genética obtida por comparações de sequências no BOLDSYSTEMS (Barcode of Life Data Systems) para *Anomalocardia* sp. (sn – sinonímia de *A. flexuosa*)

Espécie	% Distância Genética												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1-SAP24 <i>A. flexuosa</i> _H1	-												
2-SAP25 <i>A. flexuosa</i> _H2	2,1	-											
3-SAP26 <i>A. flexuosa</i> _H3	2,1	0,7	-										
4-SAP27 <i>A. flexuosa</i> _H4	2,1	0,7	0,0	-									
5-SAP28 <i>A. flexuosa</i> _H5	2,1	0,4	0,7	0,7	-								
6-SAR1 <i>A. flexuosa</i> _H6	2,3	0,9	0,2	0,2	0,9	-							
7-SAR5 <i>A. flexuosa</i> _H7	2,1	0,7	1,1	1,1	0,4	1,3	-						
8-SAR10 <i>A. flexuosa</i> _H8	1,7	0,7	1,1	1,1	0,4	1,3	0,4	-					
9-SAR12 <i>A. flexuosa</i> _H9	2,5	1,1	0,4	0,4	1,1	0,6	1,5	1,5	-				
10-SAR14 <i>A. flexuosa</i> _H10	2,3	0,9	0,2	0,2	0,9	0,4	1,3	1,3	0,4	-			
11-SAR15 <i>A. flexuosa</i> _H11	2,3	0,9	0,2	0,2	0,9	0,4	1,3	1,3	0,2	0,4	-		
12-SAR17 <i>A. flexuosa</i> _H12	2,1	0,7	0,7	0,7	0,4	0,9	0,4	0,4	1,1	0,9	0,9	-	
13- <i>Anomalocardia brasiliana</i> _GB	0,6	1,5	1,5	1,5	1,5	1,7	1,5	1,1	1,9	1,7	1,7	1,5	-

Tabela 2: Matriz de distância genética (K2P) entre as espécies de sarnambi obtidas a partir de sequências do gene COI (SAR = Raposa, SAP = Paço do Lumiar e GB = Genbank).

A árvore filogenética foi gerada baseada no método de agrupamento de vizinhos (NJ), através do algoritmo de Kimura-2-Parâmetros (K2P) revelando a formação de um clado fortemente suportados com 100% de *bootstrap* para o táxon identificado neste estudo (Figura 3). Os resultados observados mostraram um agrupamento de *A. flexuosa* e *A. brasiliana*, corroborando com a divergência intraespecífica e índice de similaridade para afirmar que ambas são a mesma espécie.

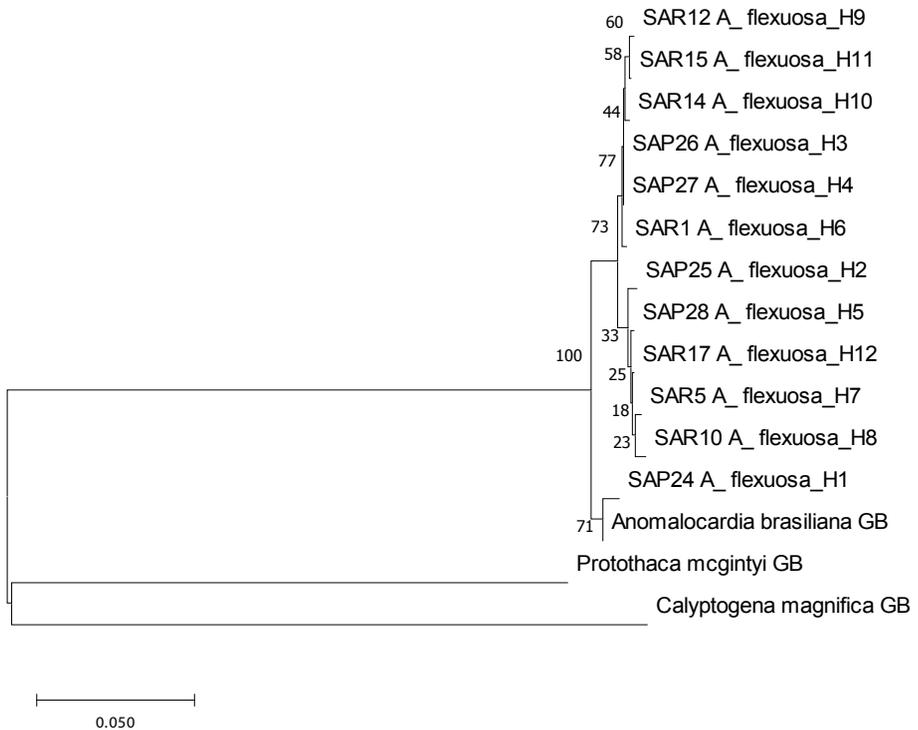


Figura 3. Árvore filogenética de haplótipos utilizando o método de Neighbor-Joining e algoritmo Kimura-2-parâmetros, baseada em sequências do gene COI em sarnambis da espécie *A. flexuosa*. Os números dos nós representam os valores de *bootstrap* (1000 réplicas). (SAR = Raposa, SAP = Paço do Lumiar e GB = Genbank).

## 4 | DISCUSSÃO

A utilização do gene Citocromo oxidase subunidade I permitiu inferir quanto a identificação do táxon analisado: *A. flexuosa*. Este marcador se mostrou como uma ferramenta poderosa em estudos filogenéticos, fornecendo informações sobre a sistemática do grupo moluscos bivalves (KAPPNER e BIELER, 2006; MIKELSEN et al., 2006; ARRUDA et al., 2009; TURECK, 2010; MELO et al., 2010; MELO et al., 2013; LOPES, et al., 2018; LOPES, et al., 2019).

A média da composição nucleotídica do fragmento de gene COI analisado exibiu valores dentro do esperado para a espécie. Arruda et al. (2009) em estudos de DNA Barcode com *A. brasiliana* (sinônima de *A. flexuosa*) encontrou maior porcentagem de Timina e Adenina.

A diversidade haplotípica de *A. flexuosa* da Ilha Upaon Açu apresentou valores altos para cada população analisada (Raposa e Paço do Lumiar). Valores elevados de diversidade haplotípica são comuns para a espécie, resultado semelhante foi observado em populações de *A. brasiliana* estudadas Arruda et al. (2009). A divergência intraespecífica das duas

espécies apresenta valores inferiores a 1%, indicando ser o mesmo status taxonômico.

Espécies Veneridae são planctônicas em seu estágio larval (RIOS, 1994) essa condição torna esses organismos geneticamente semelhantes em regiões extensas, onde essas espécies co-habitam, embora não necessariamente em toda a sua extensão, em caso de barreira natural ou artificial (OLIVEIRA et al., 2005; ARRUDA et al., 2009). O que possivelmente leva a semelhança genética entre as populações da espécie estudada de *A. flexuosa* e *A. brasiliiana* em diferentes áreas (ARRUDA et al., 2009).

A identificação molecular da *A. flexuosa* a partir da comparação com sequências depositadas na plataforma BOLDSYSTEMS confirmou o status taxonômico mostrando altos índices de similaridade genética de *A. brasiliiana* com valores superiores a 99%.

A árvore filogenética apresentou o agrupamento robusto com distância genética abaixo de 3% corroboram para condição de sinonímia entre *A. flexuosa* e *A. brasiliiana*. O Consortium for the Barcode of Life (CBOL) delimita que o valor de corte para identificação molecular de espécie é de 2 a 3% de divergência genética. Se a sequência de DNA de um exemplar diferir menos que 3% ou obter um índice de similaridade superior a 97% no BOLDSYSTEMS da sequência de uma das espécies já identificadas, ele será identificado como pertencente aquela espécie (HEBERT et al., 2003; SOLÉ-CAVA e WÖRHEIDE, 2007). Estas condições ocorreram com a espécie *A. flexuosa*.

Os espécimes analisados possuíam concha trigonal inflada, pesada e densa, coloração variada, umbos subcentrais voltados para região anterior, ninfa serrilhada, charneira composta por três dentes cardinais em cada valva, com posterior da valva esquerda serrilhado. Morfologicamente a descrição original de *Venus flexuosa* (Linnaeus, 1867) e da *A. brasiliiana* são similares (Rios 1994; Amaral et al., 2006). A revisão do gênero *Anomalocardia* por (Huber, 2010), verificou diversas divergências, entre elas identificou que *A. brasiliiana* é uma espécie sinonímia de *A. flexuosa*. Entretanto *A. brasiliiana* ainda é utilizada em publicações científicas equivocadamente (BARBOSA et al., 2018; MAIA et al., 2018; COSTA et al., 2019). Em estudo de bioprospecção de invertebrados bênticos em alguns municípios da Ilha de São Luís (CAMPELO et al., 2017) foram encontrados e identificados morfologicamente algumas espécies de Veneridae. Um dos táxons foi identificado apenas o gênero: *Anomalocardia*. Com resultados deste estudo é possível afirmar que a espécie deste gênero, encontrados nos estuários da Ilha de Upaon-Açu (Ilha de São Luís), é *A. flexuosa*. Segundo Arruda et al., (2009) o uso da caracterização molecular e a identificação correta de estoques bivalves são importantes para seu manejo com a finalidade de conhecer o potencial genético e mostrar a importância de programas de conservação dessas populações em ambientes distintos.

## 5 | CONCLUSÃO

Para as amostras de *A. flexuosa* o cenário genético observado permitiu inferir quanto

a sua identificação na Ilha de Upaon Açu, o que confirmou a sua sinonímia com a espécie *A. brasiliana*.

## REFERÊNCIAS

- ANTONIO, I. G.; FUNO, I. C. S.; LOPES, L. M. F.; MOREIRA, H. Marisqueiras do Paço do Lumiar-MA: Caracterização socioambiental e da atividade de mariscagem. In: FIGUEREDO, M. B.; FREITAS, J. (Org.) **Aspectos socioeconômicos e ambientais de comunidades pesqueiras do Estado do Maranhão**. 1ª Ed. São Luís: Ed. UEMA, P 102-111, 2019.
- ARRUDA, C. C. B.; BEASLEY, C. R. VALLIOTO, M.; MARQUES-SILVA, N. S.; TAGLIARO, C. H. Significant genetic differentiation among populations of *Anomalocardia brasiliana* (Gmelin, 1791): a bivalve with planktonic larval dispersion. **Genetics and Molecular Biology**, 32,2 423 – 430. 2009.
- BARBOSA, I. D. S.; BRITO, G. B.; SANTOS, G. L.; SANTOS, L. N.; TEIXEIRA, L. S. G.; ARAUJO, R. G. O.; KORN, M. G. A. **Multivariate data analysis of trace elements in bivalve molluscs: characterization and food safety evaluation**. Food Chemistry. 2018.
- CAMPELO, C. M. A., OLIVEIRA V. M., MOCHEL, F. R., LIMA, L. G., LUVIZOTTO-SANTOS, R. Bioprospecção de Macro invertebrados Bênticos para Ensaio Eco toxicológicos de Sedimentos Marinhos e Estuarinos. **Boletim Do Laboratório De Hidrobiologia**. Vol. 27: 33-42, 2017.
- CHEN, J.; LI, Q.; KONG, L.; ZHENG, X. Molecular phylogeny of venus clams (Mollusca, Bivalvia, Veneridae) with emphasis on the systematic position of taxa along the coast of mainland China. **Zoologica Scripta**. 40(3): 260-271. 2011.
- CANAPA, A.; MAROTA, I.; ROLLO F.; OLMO E. Phylogenetic analysis of Veneridae (Bivalvia): comparison of molecular and paleontological data. **Journal of Molecular Evolution**. 43: 517-522. 1996.
- COSTA, A. L. B.; LIMA, L. G.; PARISE, C. K.; SANTOS, J. H. S.; SANTOS, A. L. S.; CARVALHO NETO, F. C. Reconstituição Paleambiental do Quaternário no Estuário do Rio Santo Antônio, Ilha do Maranhão – Brasil. **Revista Geociências**, v. 38, n. 1, 2019.
- DENADAI, M. R.; ARRUDA, E. P.; DOMANESCHI, O.; AMARAL, C. Z. Veneridae (Mollusca, Bivalvia) da costa Norte do Estado de São Paulo, Brasil. **Biota Neotropica**, 6(3):1-34. <http://dx.doi.org/10.1590/S1676-0603200600030001> 2006.
- EVANGELISTA-BARRETO, N. S.; DALTRO, A. C. S.; SILVA, I. P.; BERNARDES, F. de S. Indicadores socioeconômicos e percepção ambiental de pescadores em São Francisco do Conde, Bahia. **Boletim do Instituto de Pesca**, São Paulo, v. 40, n. 3, p. 459 – 470, 2014.
- FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: An approach using bootstrap. **Evolution**, 39:783-791. 1985.
- FERNANDES, M. R.; SALGUEIRO, F.; MIYAHIRA, I. C.; CAETANO, H. S. mtDNA analysis of *Mytilopsis* (Bivalvia, Dreissenidae) invasion in Brazil reveals the existence of two species. **Hydrobiologia**, 817: 97 – 110. 2018.

FIGUEREDO, M. B. **Análises Comparativo de la gestion pesqueira entre el litoral de Maranhão Brasil y de Galicia – España**. Tese. Biología Ambiental. P215. 2014.

FOLMER, O.; BLACK, M.; HOEH W.; LUTZ, R.; VRIJENHOEK, R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. **Molecular Marine Biology Biotechnology**. Vol3: 294-299. 1994.

FREITAS, J.; CAVALCANTE, R. C. C.; COELHO, A. V.; OLIVEIRA, C. A.; FIGUEREDO, M. B. Levantamento socioeconômico dos pescadores da Comunidade Arraial, Zona Rural do Município de São Luís, Maranhão, Brasil. In: FIGUEREDO, M. B.; FREITAS, J. (Org.) **Aspectos socioeconômicos e ambientais de comunidades pesqueiras do Estado do Maranhão**. 1ª Ed. São Luís: Ed. UEMA, P. 12-24. 2019.

FUNO, I. C. S. A.; MONTELES, J. S.; MARINHO, Y. F.; SANTOS, G. M.; ANTONIO, I. G. Conhecimento tradicional: saberes e fazeres das marisqueiras do município de Raposa-Maranhão. In: FIGUEREDO, M. B.; FREITAS, J. (Org.) **Aspectos socioeconômicos e ambientais de comunidades pesqueiras do Estado do Maranhão**. 1ª Ed. São Luís: Ed. UEMA, P. 112-133. 2019.

HALL, T. A. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium**, Ser 41:95-98. 1999.

HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L.; DEWAARD, J. R. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society B**, v. 270, p. 313-321, 2003.

HUBER, M. **Compendium of bivalves. A full-color guide to 3'300 of the world's marine bivalves. A status on Bivalvia after 250 years of research**. Suiça, Conch Books, 901 p. [CD-ROM]. 2010.

HURTADO, L. A.; MATEOS, M., Lutz, R. A.; VRIJENHOEK, R. C. Coupling of Bacterial Endosymbiont and Host Mitochondrial Genomes in the Hydrothermal Vent Clam *Calyptogena magnifica*. **Applied and Environmental Microbiology**, 69(4), 2058–2064. 2003.

KAPPNER, I.; BIELER, R. Phylogeny of Venus clams (Bivalvia: Venerinae) as inferred from nuclear and mitochondrial gene sequences. **Mol. Phylogen. Evol.** in press. 2006.

KRYLOVA, E. M.; SAHLING, H. A new genus *Turneroconcha* (Bivalvia: Vesicomidae: Pliocardiinae) for the giant hydrothermal vent clam '*Calyptogena*' *magnifica*. **Zootaxa**. 4808(1): 79-100. 2020.

KUMAR S., STECHER G., LI M., KNYAZ C., TAMURA K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. **Molecular Biology and Evolution**. v. 35, p. 1547-1549, 2018.

LEMER, S.; BUGÉ, B.; BEMIS, A.; GIRIBET, G.; First molecular phylogeny of the circumtropical bivalve family Pinnidae (Molusca, Bivalvia): Evidence for high levels of cryptic species diversity. **Molecular Phylogenetics and Evolution**. V. 75: 11-23. 2014.

LINNAEUS, C. Systema naturae per regna tria naturae: secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Ed. 12. 1., **Regnum Animale. 1 & 2. Holmiae [Stockholm], Laurentii Salvii**. pp. 1-532 [1766] pp. 533-1327. 1767.

LOPES, R. G. P. S.; ANTONIO, I. G.; TCHAIKA, L.; BARROS, M.C.; FRAGA, E.C. Molecular identification of native oysters on the coast of Maranhão, Brazil. **Boletim do Instituto de Pesca**, [S.l.], v. 44, n. 4, p. 2725-2729, dec. 2018. ISSN 1678-2305.

LOPES, R. G. P. S.; ANTONIO, I. G.; TCHAIKA, L. BARROS, M.C.; FRAGA, E.C. Marcadores moleculares confirmam a ocorrência da ostra *Crassostrea rhizophorae* (Guilding, 1828) no litoral maranhense. In: Silva-Neto, B. R. (Org.) **Inventário de recursos genéticos**. Atena Editora. ISBN 978-85-7247-486-3 DOI 10.22533/at.ed.863191807. 155-166p. 2019.

MAIA, A. M. L. R.; MEDEIROS, E.; HENRY-SILVA, G. G. Distribution and density of the bivalve *Anomalocardia brasiliiana* in the estuarine region of Northeastern Brazil. **Brazilian Journal of Biology**. Vol. 78. Nº1. 32-40f. 2018.

MIKKELSEN, P. M.; BIELER, R.; KAPPNER, I.; RAWLINGS, T. A. Phylogeny of Veneroidea (Mollusca: Bivalvia) based on morphology and molecules. **Zoological Journal of the Linnean Society**, 148(3):439-521. 2006.

MONTELES, J. S.; FUNO, I. C. A; CASTRO, A. C. L. Caracterização da pesca artesanal nos municípios de Humberto de Campos e Primeira Cruz – Maranhão. **Boletim do Laboratório de Hidrobiologia**, 23:65-74. 2010.

MOLLUSCABASE. **Gênero**: Tivela. Página inicial. Disponível em: < <http://www.molluscabase.org/aphia.php?p=search>>. Acesso em: 15 de fev. de 2021.

OLIVEIRA M. E. G. C.; RUSSO C. A. M.; LAZOSKI C.; VIANNA P. R. F. G.; SOLÉ-CAVA A. M. Genetic variation and population structure of Neotropical mud-mussels (*Mytella* spp). **Genetics and Molecular Research**. 4:197-202. 2005.

RATNASINGHAM, S.; P.D.N. HEBERT. BOLD: The Barcode of Life Data System ([www.barcodinglife.org](http://www.barcodinglife.org)). **Molecular Ecology Notes**, v. 7, p.355-364, 2007.

RIOS, E. C. **Seashells of Brazil**. 2.ed. Rio Grande: Fundação Universidade do Rio Grande, 492 p. 1994.

ROZAS, J; SANCHEZ-DELBARRIO, J. C; MESSENGUER, X; ROZAS, R. DNAsp v. 6, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. **Bioinformatics**, v.19, p. 2496-2497, 2017.

ROCHA, V. P.; MATTHEWS-CASCON, H. Distribution patterns inference of the family Veneridae (Mollusca, Bivalvia) in Brazil through secondary database. **Neotropical Biology and Conservation**. 10 (3):123-131. 2015.

RODRIGUES, A. M. L.; BORGES-AZEVEDO, C. M.; HENRY-SILVA, G. G. Aspectos da biologia e ecologia do molusco bivalve *Anomalocardia brasiliiana* (Gmelin, 1791) (Bivalvia: Veneridae). **Revista Brasileira de Biociências**, 8 (4): 377-383. 2010.

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.

SILVA, L. K. T. **Pesca artesanal entre mudanças socioambientais: estudo de caso na APA Bonfim – Guaraíra/RN-Brasil**. Dissertação (Mestrado). Centro de Biociências. Universidade Federal do Rio Grande do Norte. 111f. 2015.

SOLÉ-CAVA, A. M.; WÖRHEIDE, G. The perils and merits (or The Good, the Bad and the Ugly) of DNA barcoding of sponges: a controversial discussion. In: CUSTÓDIO, M. R.; LÔBO-HAJDU, G.; HAJDU, E.; MURICY, G. (Eds.). **Porifera Research: Biodiversity, Innovation and Sustainability**, Rio de Janeiro, v. 28, p. 603-612, 2007.

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.

# CAPÍTULO 4

## DESENVOLVIMENTO E IMPLANTAÇÃO DE METODOLOGIA MOLECULAR BASEADA EM PCR-SSP PARA GENOTIPAGEM DA MUTAÇÃO V617F DE *JAK2*

Data de aceite: 24/05/2021

Data de submissão: 03/05/2021

### **Ariane Laguila Altoé**

Universidade Estadual de Maringá  
Maringá, Paraná  
<http://lattes.cnpq.br/5836714713824700>

### **Cristiane Maria Colli**

Universidade Estadual de Maringá  
Maringá, Paraná  
<http://lattes.cnpq.br/3420923047181628>

### **Evelyn Castillo Lima Vendramini**

Universidade Estadual de Maringá  
Maringá, Paraná  
<http://lattes.cnpq.br/9512017404038518>

### **Jeane Eliete Laguila Visentainer**

Universidade Estadual de Maringá  
Maringá, Paraná  
<http://lattes.cnpq.br/5473783252016094>

### **Quirino Alves de Lima Neto**

Universidade Estadual de Maringá  
Maringá, Paraná  
<http://lattes.cnpq.br/1100770635050904>

### **Ana Maria Sell**

Universidade Estadual de Maringá  
Maringá, Paraná  
<http://lattes.cnpq.br/4645023765493660>

**RESUMO:** A proteína *JAK2* participa do crescimento e da proliferação celular e as mutações no gene *JAK2* podem resultar em

aumento do número de células sanguíneas e no desenvolvimento de neoplasias mieloproliferativas. Desta forma, este estudo teve o objetivo de desenvolver e implantar a técnica de PCR-SSP (*Sequence-Specific Primer-Polymerase Chain Reaction*) para a detecção da mutação V617F de *JAK2*. Para tanto, foi realizada uma revisão de literatura sobre metodologias de genotipagem da mutação em questão e os *primers* foram confeccionados baseados no modelo proposto por Xavier (2009), testados e ajustados às melhores condições de amplificação. A técnica de PCR-SSP foi padronizada e mostrou-se eficaz para a detecção da mutação *JAK2*V617F. Por ser pouco dispendiosa, este método diminui custos e pode ser implantado inclusive em laboratórios de biologia molecular de pequeno porte, auxiliando o diagnóstico de pacientes com doenças mieloproliferativas e favorecendo as pesquisas relacionadas a este gene.

**PALAVRAS-CHAVE:** Técnicas de genotipagem, Doenças Mieloproliferativas-Mielodisplásicas, Janus Quinase 2.

### DEVELOPMENT AND IMPLANTATION OF PCR-SSP FOR THE GENOTYPING OF *JAK2* V617F MUTATION

**ABSTRACT:** The *JAK2* protein promotes cells growth and proliferation, and mutations in the *JAK2* gene can result in increase of the number of blood cells and in development of myeloproliferative neoplasms. This study aimed to develop and implement the PCR-SSP (*Sequence-Specific Primer-Polymerase Chain Reaction*) to detect the *JAK2*V617F mutation. Therefore, a literature review about genotyping

methodologies for this mutation was conducted and primers were based on the model proposed by Xavier (2009), tested and adjusted to the best amplification condition. The PCR-SSP technique was standardized and was effective for the detection of the *JAK2V617F* mutation. As it is not expensive, the technique reduces costs and can be implanted even in small molecular biology laboratories, helping the diagnosis of patients with myeloproliferative diseases and favoring research related to this gene.

**KEYWORDS:** Genotyping techniques, Myelodysplastic-Myeloproliferative Diseases, Janus Kinase 2.

## 1 | INTRODUÇÃO

Em 1951, William Dameshek introduziu o termo doenças mieloproliferativas (MPD) aos transtornos clonais de células-tronco hematopoiéticas relacionados a superprodução e a proliferação anômala de uma ou mais linhagens mieloides na medula óssea e ao aumento de células maduras no sangue periférico. Clinicamente, isso está associado aos riscos de complicações hemorrágicas, trombóticas e evolução fibrótica ou leucêmica (CAMPBELL; GREEN, 2006; PEDRAZZINI et al., 2016; LEVINE et al., 2005; BENCH et al., 2013). Ainda segundo Dameshek (1951), nesse grupo de doenças se inseriam, dentre outras patologias, quatro representantes clássicos: a Policitemia Vera (PV), a Trombocitemia Essencial (TE), a Mielofibrose Primária (MFP) e a Leucemia Mieloide Crônica (LMC). Até o momento, não há cura para essas doenças (GOULDING et al., 2008; ZHAO et al., 2011).

Com a descoberta do cromossomo Filadélfia (Ph) em 1960, a LMC foi classificada como uma doença mieloproliferativa com cromossomo Filadélfia positivo (Ph+), já que a translocação entre os cromossomos 9 e 22 era encontrada nos indivíduos portadores da patologia (NOWELL; HUNGERFORD, 1960). Como consequência, formava-se uma proteína quimérica BCR-ABL com atividade de tirosina-quinase (MARCHIANI, 2015; MEIRELES, 2011; SPIVAK, 2002). A PV, a TE e a MPF foram referenciadas como doenças mieloproliferativas com cromossomo Filadélfia negativo (Ph-), devido à ausência da translocação 9;22. Neste grupo de doenças, geralmente estão envolvidas mutações no gene *JAK2* (*Janus kinase 2*), de modo que seu aparecimento foi constatado em 98% dos pacientes com PV e em 50-60% dos pacientes com TE e MPF (PEDRAZZANI, 2016; MARCHIANI, 2015; LEVINE et al., 2005; BENCH, 2013). Em 2008, a OMS (Organização Mundial da Saúde) alterou o termo doenças mieloproliferativas (DMPs) para neoplasias mieloproliferativas (NMPs) devido ao caráter neoplásico da proliferação celular (MARCHIANI, 2015).

Nos seres humanos, o gene *JAK2* localiza-se no braço curto do cromossomo 9 (9p24.1) e tem papel essencial na diferenciação mieloide, principalmente no que diz respeito à linhagem eritroide. Uma vez ativado, o gene *JAK2* desencadeia a ativação de mediadores, que por sua vez estimulam a ativação e a transcrição de genes promotores da eritropoiese (ZAGO; CALADO, 2013). A quinase Janus 2 (*JAK2*), codificada pelo gene *JAK2*, é membro da família de quinases Janus (*Janus kinases* - *JAKs*), da qual também fazem

parte as proteínas JAK1, JAK3 e TYK2 (*tyrosina kinase 2*). As JAKs possuem sete domínios homólogos (JH1-JH7) localizados em quatro regiões, sendo eles JH1 (*JAK homology 1* - domínio quinase); JH2 (*JAK homology 2* - domínio pseudoquinase); FERM (*band four-point-one, ezrin, radixin, moesin homology domains* - domínios JH5, JH6, JH7 e parte do JH4); e SH2-like (*SRC homology 2-like* - domínios JH3 e outra parte do JH4) (XAVIER, 2009; SCHINDLER et al., 2007). Além disso, as proteínas JAKs são influenciadas por fatores de crescimento e pela sinalização mediada por citocinas, bem como participam das alterações observadas em moléculas de sinalização intracelular, como a ativação constitutiva de STAT3 (*Signal transducer and activator of transcription 3*) e a super expressão de Bcl-xl.

A principal variação genética presente nas neoplasias mieloproliferativas cromossomo Filadélfia negativas (Ph- NMPs) é a mutação adquirida no gene *JAK2*, c.1849G>T (rs77375493), que resulta na codificação de uma proteína alterada com a substituição do aminoácido valina para fenilalanina no códon 617, abreviada como V617F, na quinase Janus 2, JAK2V617F (FANTASIA et al., 2014). Esta variação é esquematicamente representada na Figura 1.

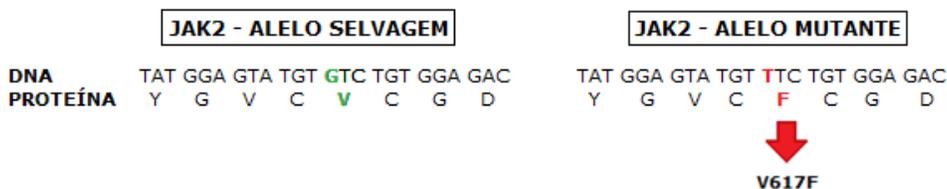


Figura 1. Sequência de DNA e tradução de proteínas para os alelos selvagem (representado em verde) e mutante (representado em vermelho) de *JAK2*. A substituição de guanina por timina resulta em substituição de valina (V) por fenilalanina (F) no códon 617, caracterizando a mutação V617F de *JAK2* (seta vermelha).

Fonte: Adaptado de Levine, 2005.

Como a mutação no gene *JAK2*, essencialmente *JAK2V617F*, está presente em grande parte dos afetados pelas neoplasias mieloproliferativas citadas, a detecção dessa mutação é um critério para o diagnóstico dessas patologias de acordo com a Organização Mundial da Saúde (LEVINE et al., 2005; BENCH, 2013; ARBER et al., 2016).

Diversas técnicas moleculares foram desenvolvidas para a detecção da mutação *JAK2V617F*, como a reação em cadeia da polimerase (PCR – *Polymerase Chain Reaction*) alelo específico, PCR em tempo real, PCR-RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism Polymerase Chain Reaction*) e técnicas de sequenciamento (BENCH, 2013; ZHAO et al., 2011). Existem, entre esses métodos moleculares, variações na sensibilidade, no custo de reagentes, no tempo de execução e nos equipamentos necessários para a sua realização: técnicas de sequenciamento, por exemplo, demandam equipamentos mais caros e complexos; a PCR-RFLP, por sua vez, utiliza enzimas de restrição, um

reagente de alto custo. Paralelamente, a técnica de PCR-SSP (*Polymerase Chain Reaction – Sequence Specific Primers*) que usa iniciadores (*primers*) específicos para detectar a sequência de nucleotídeos dos alelos polimórficos, foi escolhida como método deste estudo principalmente porque tem baixo custo e não necessita de equipamentos complexos para seu desenvolvimento, o que significa que até mesmo os laboratórios de biologia molecular de pequeno porte seriam capazes de empregar esse método diagnóstico. Além disso, a técnica molecular em questão possui uma sensibilidade de detecção de carga alélica variável entre 0,1 a 5%, sendo capaz de diagnosticar a maioria dos pacientes portadores de neoplasias mieloproliferativas (BENCH, 2013; ZHAO et al., 2011; QUIRINO et al., 2019).

Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi desenvolver e implantar a técnica de PCR-SSP para a detecção da mutação V617F do gene *JAK2*. Esta padronização poderá auxiliar no diagnóstico de pacientes portadores de neoplasias mieloproliferativas.

## 2 | MATERIAIS E MÉTODOS

O material biológico utilizado foi o sangue total, coletado em EDTA, de indivíduos positivos e negativos para a mutação *JAK2*, previamente genotipados por sequenciamento do tipo Sanger e armazenados no Laboratório de Imunogenética da Universidade Estadual de Maringá (LIG-UEM). O DNA foi extraído com o kit comercial QIAprep Spin Miniprep Kit (QIAGEN®, Germany), de acordo com as recomendações do fabricante para ser usado nas reações. O uso destas amostras biológicas foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisa envolvendo Seres Humanos da Universidade Estadual de Maringá (UEM) (parecer 318.552, CAAE 14508313.2.0000.0104).

Para a padronização da técnica de PCR-SSP, que se baseia na especificidade da amplificação das sequências de DNA mutadas com o uso de um *primer* específico para a mutação, três *primers* foram elaborados com base no modelo proposto por Xavier (2009). O *primer forward* JAK2-F1 foi construído para amplificar a região conservada do gene *JAK2*, a qual está presente em todas as amostras de DNA e é utilizada para verificar a integridade da reação PCR (controle interno); logo, independente do fragmento a ser analisado conter ou não o alelo mutado, será gerado um produto de amplificação (amplicon) de 364 pb (pares de bases). O *primer forward* JAK2-F2 foi construído para anelar na sequência de nucleotídeos que contém o SNV (*Single Nucleotide Variation*) com o rs77375493, o que geraria um produto de 203 pb. Por fim, foi construído o *primer reverse* JAK2-R1, que é complementar à sequência final a ser amplificada e, portanto, não atinge a região do SNV (Tabela 1).

Primers	Sequência	Escala de síntese
JAK2-F1	5'-ATCTATAGTCATGCTGAAAGTAGGAGAAAG	25N
JAK2-F2	5'-AGCATTGGTTTTAAATTATGGAGTATAT <u>I</u>	25N
JAK2-R1	5'-CTGAATAGTCCTACAGTGTTTTTCAGTTTCA	25N

Tabela 1. *Primers* adquiridos para a padronização segundo Xavier, 2009. Observe o pareamento incorreto intencional na sequência do primer JAK2-F2 (destacado em vermelho) e o nucleotídeo genótipo-específico para a mutação *JAK2V617F* sublinhado.

Fonte: Autor, 2021.

A reação de PCR-SSP ocorreu com volume final de 10  $\mu$ L, contendo tampão 1X; 0,2 mM de dNTP; 1,5 mM de  $MgCl_2$ ; 0,5  $\mu$ M de cada um dos *primers forward* (JAK2-F1 e JAK2-F2) (*Life Technologies*, Brasil) e 1  $\mu$ M do primer reverse JAK2-R1; 1 U/ $\mu$ L de *Taq DNA Polymerase* (*Invitrogen™*, USA) e 100 ng/ $\mu$ L de DNA. As condições de termociclagem da PCR, feitas em termociclador Veriti (*Applied Biosystems*), foram: 1 ciclo de incubação inicial a 94°C por 10 minutos; 36 ciclos de desnaturação a 94°C por 30 segundos, anelamento a 58°C por 30 segundos e extensão a 72°C por 30 segundos; e 1 ciclo de extensão final a 72°C por 6 minutos. Os produtos amplificados foram avaliados por meio de eletroforese em gel de agarose a 3% corado com SYBR Safe DNA Gel Stain (*Invitrogen Life Technologies*, Grand Island, NY), corrido a 150W, 300mA, 150V por 15 minutos e visualizado em luz ultravioleta.

### 3 | RESULTADOS

Após a realização da técnica de PCR-SSP utilizando os *primers* confeccionados (JAK2-F1, JAK2-F2 e JAK2-R1) para a detecção da mutação *JAK2V617F*, dois cenários eram esperados dependendo do genótipo do indivíduo analisado: (1) as amostras que eram negativas para a mutação *JAK2V617F* (sequência selvagem) gerariam um amplicon de 364 pb, resultado da amplificação entre os *primers* JAK2-F1 e JAK2-R1; (2) as amostras positivas para a mutação *JAK2V617F* (sequência contendo o alelo mutado) gerariam o mesmo amplicon de 364pb, resultado da amplificação entre os *primers* JAK2-F1 e JAK2-R1, e um segundo amplicon de 203 pb (contendo o SNP), gerado pela amplificação entre os *primers* JAK2-F2 e JAK2-R1. Diante do sucesso dos resultados, a validação da técnica foi confirmada e a sua padronização estabelecida (Figura 2).

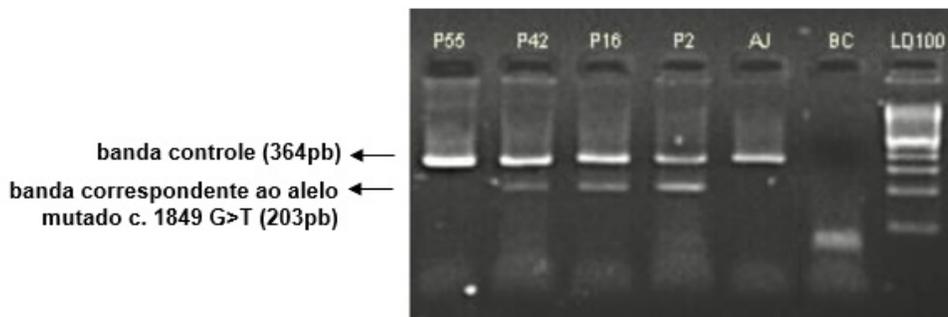


Figura 2. Eletroforese em gel de agarose 3% da PCR-SSP para detecção da mutação V617F do gene *JAK2*. P42, P16 e P2: Controles positivos para a mutação V617F do gene *JAK2*; P55 e AJ: Controles negativos; BC: Controle negativo da reação - sem DNA; LD100: marcador de peso molecular de 100 pares de base (pb). Note que as amostras P55 e AJ contêm apenas a banda controle, resultado da amplificação entre os primers *JAK2*-F1 e *JAK2*-R1. As amostras P42, P16 e P2 contêm, além da banda controle, a banda indicativa da sequência contendo o alelo mutado (*JAK2*V617F), resultado da amplificação entre os primers *JAK2*-F2 e *JAK2*-R1.

Fonte: Autor, 2021.

## 4 | CONCLUSÃO

A técnica desenvolvida, além de eficaz para a mutação em questão, facilita a genotipagem e auxilia o diagnóstico de pacientes suspeitos de apresentarem neoplasias mieloproliferativas. Como todo esse processo oferece sensibilidade adequada a baixo custo, mesmo os laboratórios de biologia molecular de pequeno porte podem realizar esta metodologia, o que impulsiona as pesquisas atuais e futuras a respeito do gene *JAK2* e as consequências de suas mutações.

## REFERÊNCIAS

ARBER, Daniel A. et al. **The 2016 revision to the World Health Organization classification of myeloid neoplasms and acute leukemia**. *Blood*, v.127, n.20, p.2391–2406, 2016.

BENCH, Anthony J. et al. **Molecular diagnosis of the myeloproliferative neoplasms: UK guidelines for the detection of *JAK2* V617F and other relevant mutations**. *British Journal of Haematology*, v.160, p.25–34, 2013.

CAMPBELL, Peter J. e GREEN, Anthony R. **The myeloproliferative disorders**. *New England Journal of Medicine*, v.355, p.2452-2466, 2006.

DAMESHEK, William. **Some speculations on the myeloproliferative syndromes**. *Blood*, v. 6, n.4, p.372-375, 1951.

FANTASIA, Francesca et al. **A highly specific q-RT-PCR assay to address the relevance of the *JAK2*WT and *JAK2*V617F expression levels and control genes in Ph-negative myeloproliferative neoplasms**. *Annals of Hematology*, v.93, p.609–616, 2014.

GOULDING, C. et al. **The JAK2V617F tyrosine kinase mutation identifies clinically latent myeloproliferative disorders in patients presenting with hepatic or portal vein thrombosis.** International Journal of Laboratory Haematology, v.30, n.5, p.415–419, 2008.

SPIVAK, Jerry L. **Diagnostic Evaluation of the Chronic Myeloproliferative Disorders.** The Israel Medical Association Journal, v.4, n.11, p.1028-1031, 2002.

LEVINE, Ross L. et al. **Activating mutation in the tyrosine kinase JAK2 in polycythemia vera, essential thrombocythemia, and myeloid metaplasia with myelofibrosis.** Cancer Cell, v.7, n.4, p.387–397, 2005.

MARCHIANI, Mariana. **Estudo do perfil genético de pacientes com Neoplasias Mieloproliferativas (NMP) cromossomo Filadélfia negativo.** Dissertação (Mestrado em Medicina: Ciências) - USP. São Paulo, p.1-17. 2015.

MEIRELES, Catarina Filipa Amorim. **Doenças mieloproliferativas.** Dissertação (Mestrado Integrado em Medicina) - ICBAS. Porto, Portugal. p. 2-10.

NOWELL, Peter C. e HUNGERFORD, David A. **Chromosomestudies on normal and leukemic human leukocytes.** Journal of the National Cancer Institute, v.25, n.1, p.85-109, 1960.

PEDRAZZANI, Fabiane Spagnol. **Impacto da análise molecular da mutação JAK2V617F no diagnóstico de Neoplasias Mieloproliferativas Crônicas de acordo com os critérios da OMS 2016.** Dissertação (Mestrado em Medicina: Ciências Médicas) - UFRGS. Rio Grande do Sul, p.1-68. 2016.

QUIRINO, Marília Gonçalves et al. **Methods for blood group antigens detection: cost-effectiveness analysis of phenotyping and genotyping.** Hematology, Transfusion and Cell Therapy, v.41, n.1, p.44-49, 2019.

SCHINDLER, Christian et al. **JAK-STAT signaling: from interferons to cytokines.** The Journal of Biological Chemistry, v.282, n.282, p.20059-20063, 2007.

SNPEDIA [homepage na internet]. **SNP rs77375493** [acesso em 27 mar 2020]. Disponível em: <https://www.snpedia.com/index.php/Rs77375493>.

U.S. NATIONAL LIBRARY OF MEDICINE [homepage na internet]. **Genetics Home Reference** [acesso em 27 mar 2020]. Disponível em: <https://ghr.nlm.nih.gov/gene/JAK2>.

XAVIER, Sandra Guerra. **Estudo da mutação V617F-JAK2 em pacientes com acidente vascular encefálico isquêmico, trombose venosa cerebral, trombose da veia porta e síndrome de Budd-Chiari.** Tese (Doutorado em Medicina: Hematologia) - UFRJ. Rio de Janeiro, p.37. 2009.

ZAGO, Marco Antônio e CALADO, Rodrigo Tocantins. **Eritropoese e eritropoetina: produção e destruição de hemácias.** In: Tratado de Hematologia. 1. ed. Atheneu, 2013. cap.3, p.15-22.

ZHAO, Anna et al. **Development of a Highly Sensitive Method for Detection of JAK2V617F.** Journal of Hematology & Oncology, v.4, n.40, 2011.

# CAPÍTULO 5

## DNA *BARCODE* CONFIRMA A OCORRÊNCIA DE ESPÉCIES ENDÊMICAS DO NORDESTE BRASILEIRO NOS TRIBUTÁRIOS DA BACIA DO RIO MEARIM, MARANHÃO/ BRASIL

Data de aceite: 24/05/2021

Data de submissão: 12/05/2021

### **Amanda Caroline Cardoso e Silva**

Pós-Graduanda em Biodiversidade Ambiente e Saúde (PPGBAS), Universidade Estadual do Maranhão (CESC/UEMA)  
Caxias-MA  
<http://lattes.cnpq.br/1213699477392740>

### **Marcelo Silva de Almeida**

Pós-Graduando em Recursos Aquático e Pesca (PPGRAP), Universidade Estadual do Maranhão - UEMA  
São Luís-MA  
<http://lattes.cnpq.br/4599168767483133>

### **Maria Claudene Barros**

Doutora em Ciências Biológicas pela Universidade Federal do Pará, Centro de Estudos Superiores de Caxias – CESC/UEMA  
Caxias-MA  
<http://lattes.cnpq.br/5604314745118032>

### **Elmary da Costa Fraga**

Doutor em Genética e Biologia Molecular Universidade Federal do Pará, Centro de Estudos Superiores de Caxias – CESC/UEMA  
Caxias-MA  
<http://lattes.cnpq.br/9400992635027394>

**RESUMO:** O presente trabalho teve como objetivo identificar via DNA *Barcode* a ictiofauna dos tributários da bacia do Rio Mearim, buscando ampliar o conhecimento da fauna de peixes desta bacia e verificando possíveis ocorrências de

espécies endêmicas no Nordeste brasileiro. As coletas foram realizadas utilizando apetrechos de pesca. A identificação taxonômica foi realizada com o auxílio de literatura específica. O DNA total foi extraído utilizando o kit Promega. Isolamos e amplificamos o gene (COI), por meio da PCR, os produtos da PCR foram purificados e posteriormente sequenciados em sequenciador automático de DNA. As sequências foram alinhadas e editadas no programa Bioedit. As análises filogenéticas e as médias de divergências genéticas foram realizadas no programa MEGA X. Utilizou-se a plataforma BOLDSystems para identificação das sequências de DNA *Barcode*. Os produtos do sequenciamento resultaram em 152 sequências com 649 pb, correspondendo a três ordens, 14 famílias, 25 gêneros e 26 espécies. A árvore filogenética revelou a formação de clados fortemente suportados com 100% de *bootstrap*. A ocorrência das espécies *Acestrorhynchus lacustris*, *Pygocentrus nattereri*, *Serrasalmus rhombeus*, *Surubim lima*, *Pimelodus blochii*, *Pimelodus ornatus*, *Cynodon gibbus*, *Loricaria cataphracta*, *Platydoras brachylecis*, *Triportheus signatus*, *Schizodon dissimilis*, *Steindachnerina notonota* e *Hassar affinis* nos tributários Grajaú e Flores, demonstra uma ictiofauna diversificada compondo-se principalmente de espécies endêmicas do Nordeste brasileiro.

**PALAVRAS-CHAVE:** Peixes, DNA mitocondrial, COI.

## DNA BARCODE CONFIRMS THE ENDEMIC SPECIES OF NORTHEAST BRAZIL IN THE TAXES OF THE MEARIM RIVER BASIN, MARANHÃO / BRAZIL

**ABSTRACT:** The present work had as objective to identify, via DNA Barcode, the ichthyofauna of the tributaries of the Rio Mearim basin, seeking to expand the knowledge of the fish fauna of this basin and verifying possible occurrences of endemic species in Northeast Brazil. The collections were carried out using fishing equipment. Taxonomic identification was performed with the help of specific literature. The total DNA was extracted using the Promega kit. We isolated and amplified the gene (COI), by means of PCR, the PCR products were purified and subsequently sequenced in an automatic DNA sequencer. The sequences were aligned and edited in the Bioedit program. Phylogenetic and mean analyzes of genetic divergences were performed using the MEGA X program. The BOLDSystems platform was used to identify DNA barcode sequences. The sequencing products resulted in 152 sequences with 649 bp, corresponding to three orders, 14 families, 25 genera and 26 species. The phylogenetic tree revealed the formation of strongly supported clades with 100% *bootstrap*. The occurrence of the species *Acestrorhynchus lacustris*, *Pygocentrus nattereri*, *Serrasalmus rhombeus*, *Surubim lima*, *Pimelodus blochii*, *Pimelodus ornatus*, *Cynodon gibbus*, *Loricaria cataphracta*, *Platydoras brachylecis*, *Triportheus signatus*, *Schizodon dissimilis*, *Steindachnerina notonota* e *Hassar affinis* diversified ichthyofauna composed mainly of endemic species in the Northeast of Brazil.

**KEYWORDS:** Fish, Mitochondrial DNA, COI.

## 1 | INTRODUÇÃO

### 1.1 Aspectos da ictiofauna

A composição da ictiofauna do Nordeste brasileiro é compreendida, entre a foz do Rio Amazonas e a Foz do Rio São Francisco (ICMBIO, 2016). O Estado do Maranhão, localizado na área de transição, entre o semiárido nordestino e a floresta amazônica é considerado o segundo maior da Região Nordeste em extensão territorial, sua grande rede hidrográfica compreende dez bacias, onde localizam-se um conjunto de rios perenes e sistemas lacustres (MARANHÃO, 2011), que abriga uma rica fauna de peixes de água doce (SOARES, 2005; BARROS et al., 2011; RAMOS et al., 2014). Essas características tornam as bacias maranhenses ecossistemas ideais para estudos que visem a busca de informações quanto à diversidade, ao endemismo e à distribuição da sua ictiofauna.

A bacia do Rio Mearim é considerada a maior do estado e desempenha papel importante na economia e na alimentação de comunidades ribeirinhas (MARANHÃO, 2011). No entanto, apesar da grande importância que esta bacia apresenta, o conhecimento de sua ictiofauna ainda é limitado. A maioria dos estudos realizados para esta bacia e para os seus tributários, restringiram-se a exame de espécimes para registros taxonômicos e filogeográficos, com muitos dos táxons analisados apresentando incertezas taxonômicas (SOARES, 2005; ABREU et al., 2019; GUIMARÃES et al., 2020).

Além disso poucos estudos utilizando dados moleculares, tem se realizado com o objetivo de caracterizar e identificar corretamente as espécies deste ecossistema. Dessa forma, existe uma grande necessidade de investigações que contemplem o conhecimento da biodiversidade dos peixes dessa região.

Estudos moleculares em ictiofaunas maranhenses têm demonstrado a eficácia da utilização da ferramenta DNA *Barcode* na identificação e discriminação das espécies (NASCIMENTO et al., 2016; LIMA et al. 2019; TEIXEIRA et al., 2019), possibilitando assim um incremento no conhecimento da biodiversidade de peixes para a região. Entretanto, ainda há muito a se investigar sobre os peixes que habitam os Rios costeiros do estado do Maranhão e no Nordeste do Brasil, principalmente devido à falta de estudos taxonômicos e ecológicos (PIORSKI, 2010; BARROS et al., 2011; RAMOS et al., 2014).

Assim, o presente estudo teve como objetivo identificar via DNA *Barcode* a ictiofauna dos tributários da bacia do Rio Mearim, afim de ampliar o conhecimento da fauna de peixes desta bacia, verificando-se as possíveis ocorrências de espécies endêmicas no Nordeste brasileiro, contribuindo com a taxonomia, e assim fornecer informações que poderão subsidiar futuros programas de manejo e conservação da ictiofauna deste ecossistema.

## 2 | METODOLOGIA

### 2.1 Área de estudo e obtenção das Amostras

Os espécimes foram coletados nos tributários Grajaú e Flores (Figura 1 e 2). Para obtenção dos espécimes, utilizou-se apetrechos de pesca como rede de arrasto, malhadeira e tarrafas de diferentes aberturas (10 a 200 mm), sendo estas devidamente autorizadas pelo Instituto Chico Mendes de Biodiversidade e Conservação (ICMBIO) nº64601-1 de 28/09/2018. Os espécimes coletados foram acondicionados em sacos plásticos e transportados em gelo ao Laboratório de Genética e Biologia Molecular (GENBIMOL) do Centro de Estudos Superiores de Caxias da Universidade Estadual do Maranhão - CESC/UEMA, onde foram etiquetadas, fotografadas e retiradas amostras de tecido muscular.

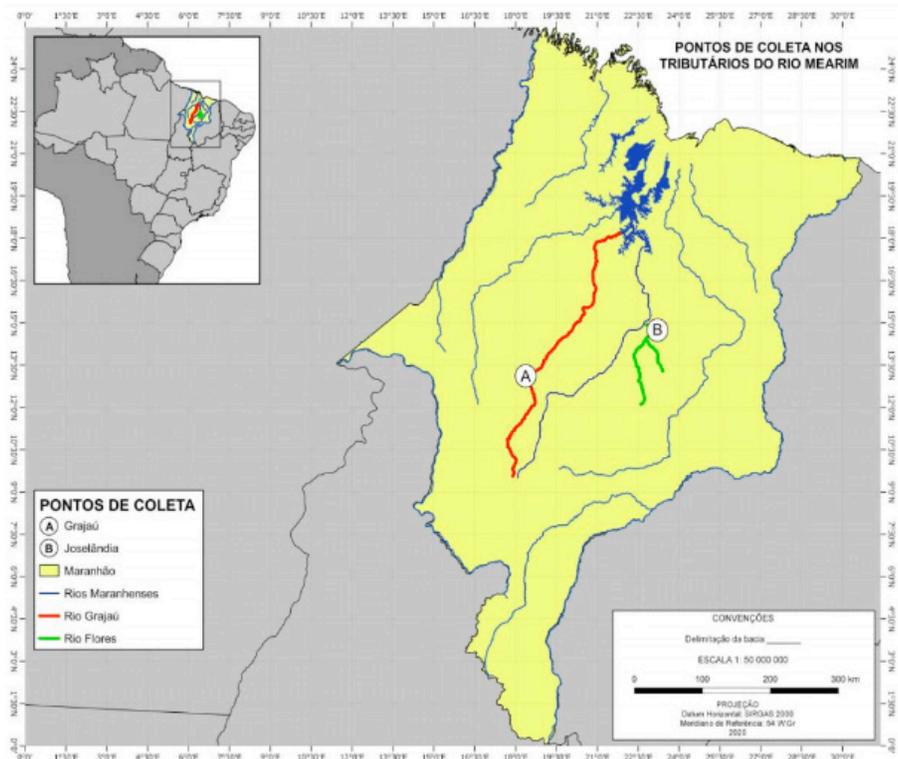


Figura 1. Localização dos Tributários onde foram obtidos os espécimes.

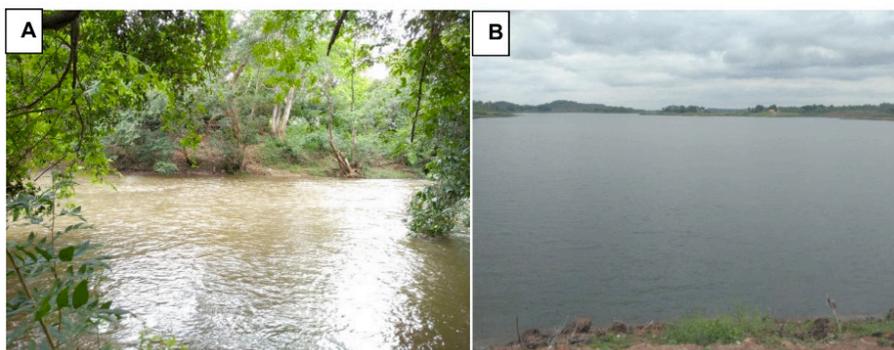


Figura 2. Tributários da bacia do Rio Mearim. (A) Rio Grajaú; (B) Rio Flores.

Posteriormente, os tecidos foram preservados em álcool 80% e mantidos sob refrigeração a  $-20^{\circ}\text{C}$ . Os exemplares foram fixados em formalina 10% e conservados em álcool 70%. A identificação dos espécimes foi realizada através de literatura específica (BRITSKI et al., 1999; SOARES, 2005; PIORSKI et al., 2007). As amostras de tecidos encontram-se depositados no banco de tecidos do Laboratório de Genética e Biologia molecular (GENBIMOL) do CESC/UEMA.

## 2.2 Procedimentos genéticos

O DNA total foi extraído utilizando o kit Wizard Genomic DNA Purification da Promega seguindo as instruções do fabricante. O isolamento e amplificação da região genômica do fragmento do gene COI foi realizado através da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) usando-se *primers* específicos: COIF1: '5-TCAACCAACCACAAAGACATTGCC-AC-3'; e COIR1: '5 TAGACTTCTGGGTGGCCAAAGAATCA-3' como descrito por (WARD et al., 2005). Todos os produtos de PCR foram purificados utilizando o kit ExoSap-IT® (USB Corporation) seguindo instruções dos fabricantes. Os produtos das PCRs purificados foram utilizados em uma reação de sequenciamento utilizando-se o Kit "Big Dye TM Terminator v 3.1 Cycle Sequencing Ready Reaction" (Applied Biosystems). Após a precipitação os produtos foram submetidos à eletroforese em um sequenciador automático de DNA (ABI 3500).

## 2.3 Análises dos dados

As sequências obtidas foram alinhadas e editadas manualmente no programa Bioedit (HALL, 1999). A composição nucleotídica, matriz de distância genética e as análises filogenéticas foram geradas no programa MEGA X (KUMAR et al., 2018), através de métodos de análise de agrupamento de vizinhos (NJ), utilizando o modelo evolutivo de substituição nucleotídica Kimura-2 parâmetros (K2P) (KIMURA, 1980), com 1000 réplicas de *bootstrap* (FELSENSTEIN, 1985).

A identificação molecular foi realizada por comparação das sequências obtidas com dados disponíveis na plataforma bioinformática BOLDSystems (Barcode of Life Data Systems) (RATNASINGHAM; HEBERT, 2007).

# 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

## 3.1 Análise do fragmento

Foram obtidas e analisadas 152 sequências, correspondendo a três ordens, 14 famílias, 25 gêneros e 26 espécies (Tabela 1). A ordem Characiformes foi a mais rica e abundante, com 10 espécies provenientes do Rio Grajaú e 11 espécies do Rio Flores, seguida da ordem Siluriformes com oito espécies do Rio Grajaú e três espécies do Rio Flores. Essa maior riqueza de espécies para as ordens Characiformes e Siluriformes é esperada para peixes neotropicais como já relatada em outros estudos (BUCKUP et al., 2007; BARROS et al., 2011; REIS et al. 2013; MELO et al., 2016).

ORDEM	FAMÍLIA	ESPÉCIE	Rios		
			Gra	Flor	N
CHARACIFORMES	Anostomidae	<i>Leporinus</i> sp.	10	1	11
		<i>Schizodon</i> sp.	5	-	5
	Characidae	<i>Triportheus</i> sp.	7	15	22
		<i>Myloplus</i> sp.	1	-	1
		<i>Astyanax</i> sp.	1	-	1
		<i>Moekhausia dichroura</i> (Kner, 1858)	-	3	3
		<i>Roeboides</i> sp.	-	3	3
	Serrasalminidae	<i>Serrasalmus rhombeus</i> (Linnaeus, 1766)	5	4	9
		<i>Pygocentrus nattereri</i> (Kner, 1858)	1	9	10
	Prochilodontidae	<i>Prochilodus</i> sp.	-	1	1
	Cynodontidae	<i>Cynodon gibbus</i> (Spix & Agassiz, 1829)	-	3	3
	Curimatidae	<i>Steindachnerina</i> sp. (Steindachner, 1876)	1	4	5
		<i>Psectrogaster</i> sp.	-	7	7
	Erythrinidae	<i>Hoplias malabaricus</i> (Bloch, 1794)	4	1	5
	Acestrorhynchidae	<i>Acestrorhynchus lacustris</i> (Lütken, 1875)	2	-	2
SILURIFORMES	Pimelodidae	<i>Surubim lima</i> (Bloch & Schneider, 1801)	10	4	14
		<i>Pimelodus blochii</i> (Valenciennes, 1840)	14	8	22
		<i>Pimelodus ornatus</i> (Kner, 1858)	1	-	1
	Auchenipteridae	<i>Auchenipterus</i> sp.	-	1	1
	Heptapteridae	<i>Pimelodella</i> sp.	1	-	1
	Loricariidae	<i>Hypostomus plecostomus</i> (Linnaeus, 1758)	7	-	7
		<i>Loricaria</i> sp.	9	-	9
	Doradidae	<i>Platydoras brachylecis</i> (Piorski, Garavello, Arce H. & Sabaj Pérez, 2008)	1	-	1
		<i>Hassar</i> sp. (Kindle, 1894)	4	-	4
PERCIFORMES	Cichlidae	<i>Geophagus</i> sp.	3	-	3
		<i>Cichlasoma orientale</i> (Kullander, 1983)	1	-	1
<b>TOTAL</b>	<b>14</b>	<b>26</b>	<b>88</b>	<b>64</b>	<b>152</b>

Tabela 1. Relação dos táxons de ocorrência nos Rios Grajaú e Flores da bacia do Rio Mearim/MA analisados por meio do gene mitocondrial COI.

As sequências obtidas, constituíram-se de um fragmento de 649 pares de bases (pb). Na análise para esse fragmento, verificou-se que 360 sítios mostraram – se conservados e 289 foram variáveis.

### 3.2 Análises filogenéticas e distância genética

A árvore filogenética obtida evidenciou que os indivíduos considerados pertencentes à mesma espécie se agruparam em conjuntos coerentes com valor de 100% de *bootstrap*, revelando a formação de clados bem definidos e fortemente suportados (Figura 3). Para as espécies *Hoplias malabaricus*, *Steindachnerina* sp., *Leporinus* sp. e *Sorubim lima* foi observada a formação de subclados, sugerindo a existência de diferenciação intraespecífica nestes táxons.

A matriz de distância genética revelou que a média de divergência genética intraespecífica variou de 0 a 1,7%. Já a média de divergência genética interespecífica variou de 4,34 a 32,04%, a maior divergência ocorreu entre as espécies *Geophagus* sp. e *Acestorhynchus lacustris* pertencentes às famílias Cichlidae e Acestorhynchidae, respectivamente. A menor foi observada entre as espécies *Serrasalmus rhombeus* e *Pygocentrus nattereri*. Em estudos realizados por Machado (2016) este ressalta que os gêneros *Serrasalmus* e *Pygocentrus* são considerados grupos irmãos, o que explica a ocorrência de uma menor divergência entre essas espécies.

Vale ressaltar que as médias intraespecíficas foram obtidas apenas das espécies representadas por mais de um exemplar. De acordo com Ward et al. (2009) a média de distância genética intraespecífica deve ser menor que a interespecífica. Para que o sucesso do DNA *Barcode* seja alcançado, as sequências de DNA dentro de uma mesma espécie necessitam apresentar maior similaridade do que entre espécies (CARVALHO et al., 2008).

### 3.3 Identificação Molecular (BOLDSystems)

As sequências obtidas dos espécimes dos Rios Grajaú e Flores foram comparadas com sequências presentes na plataforma bioinformática BOLDSystems V.4.0 para obter a identificação a partir das similaridades por meio do DNA Barcode, considerando - se a divergência de 2 a 3% como valor limite para determinar as espécies (WARD et al., 2009; CARVALHO et al., 2011). As espécies identificadas morfológicamente como *Acestorhynchus lacustris* (Lütken, 1875), *Pygocentrus nattereri* (Kner, 1858), *Serrasalmus rhombeus* (Linnaeus, 1766), *Sorubim lima* (Bloch & Schneider, 1801), *Pimelodus blochii* (Valenciennes, 1840), *Pimelodus ornatus* (Kner, 1858), *Hypostomus plecostomus* (Linnaeus, 1758), *Cichlasoma orientale* (Kullander, 1983), *Platydoras brachylecis* (Piorski, Garavello, Arce H.; Sabaj Pérez, 2008), *Cynodon gibbus* (Spix & Agassiz, 1829), *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) e *Moenkhausia dichroua* (Kner, 1858) tiveram sua identificação confirmada com base nos dados moleculares obtidos, pois as sequências de seus exemplares mostraram valores de similaridades inferiores a 3% (Tabela 2).

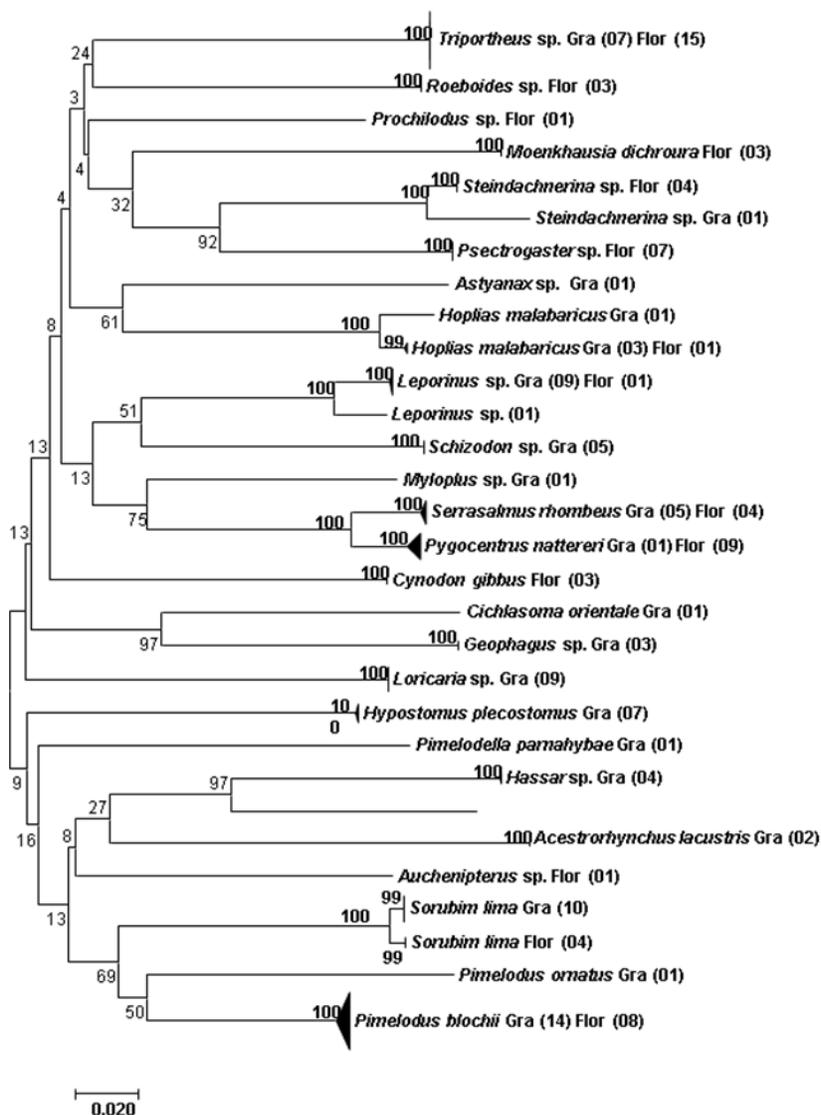


Figura 3. Árvore filogenética obtida pelo método de agrupamento de vizinhos (NJ) utilizando o algoritmo Kimura-2 parâmetros (K2P) baseada em seqüências do gene COI de peixes dos Rios Grajaú e Flores. Os números dos nós representam os valores de *bootstrap* (1000 réplicas); valores entre parênteses (número de espécimes analisados).

Segundo Hebert et al. (2003) se a seqüência de DNA de um exemplar diferir menos que 3% ou obter um índice de similaridade superior a 97% no BOLDSystems da seqüência de uma das espécies já conhecidas, ele será identificado como pertencente àquela espécie.

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)	
		Gra	Flor
<i>Acestrorhynchus lacustris</i>	<i>Acestrorhynchus lacustris</i>	99.84	-
<i>Pygocentrus nattereri</i>	<i>Pygocentrus nattereri</i>	99.52	100
<i>Serrasalmus rhombeus</i>	<i>Serrasalmus rhombeus</i>	99.84	100
<i>Sorubim lima</i>	<i>Sorubim lima</i>	99.35	100
<i>Pimelodus blochii</i>	<i>Pimelodus blochii</i>	100	100
<i>Pimelodus ornatus</i>	<i>Pimelodus ornatus</i>	99.51	-
<i>Hypostomus plecostomus</i>	<i>Hypostomus plecostomus</i>	99.52	-
<i>Cichlasoma orientale</i>	<i>Cichlasoma orientale</i>	99.83	
<i>Platydoras brachylecis</i>	<i>Platydoras brachylecis</i>	100	
<i>Cynodon gibbus</i>	<i>Cynodon gibbus</i>	-	100
<i>Hoplias malabaricus</i>	<i>Hoplias malabaricus</i>	-	100
<i>Moenkhausia dichroua</i>	<i>Moenkhausia dichroua</i>	-	98,64

Tabela 2. Identificação molecular das espécies de peixes dos Rios Grajaú e Flores realizada através de comparações das sequências obtidas com sequências disponíveis na plataforma BOLDSystems para o gene COI.

Os espécimes identificados morfológicamente apenas em nível de gênero quando comparadas com amostras da plataforma BOLDSystems obtiveram como resultados os dados observados na Tabela 3.

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)	
		Gra	Flor
<i>Triportheus sp.</i>	<i>Triportheus signatus</i>	99.84	100
<i>Steindachnerina sp.</i>	<i>Steindachnerina notonota</i>	98.25	100
<i>Schizodon sp.</i>	<i>Schizodon dissimilis</i>	99.52	-
<i>Pimelodella sp.</i>	<i>Pimelodella parnahybae</i>	99.30	-
<i>Hassar sp.</i>	<i>Hassar affinis</i>	99.62	-
<i>Loricaria sp.</i>	<i>Loricaria cataphracta</i>	99.84	-
<i>Myloplus sp.</i>	<i>Myloplus sp.</i>	99.49	-
<i>Geophagus sp.</i>	<i>Geophagus proximus.</i>	97.11	-
<i>Auchenipterus sp.</i>	<i>Auchenipterus menezesi</i>	-	100
<i>Psectrogaster sp.</i>	<i>Psectrogaster rhomboides</i>	-	100
<i>Roeboides sp.</i>	<i>Roeboides margaretae</i>	-	99.49
<i>Prochilodus sp.</i>	<i>Prochilodus lacustris</i>	-	100
	<i>Prochilodus nigricans</i>	-	99,33

Tabela 3. Identificação molecular realizada através de comparações das sequências obtidas com sequências disponíveis na plataforma BOLDSystems para o gene COI dos espécimes de peixes dos Rios Grajaú e Flores identificados morfológicamente a nível de gênero.

As espécies *Triportheus* sp., *Schizodon* sp., *Steindachnerina* sp., *Hassar* sp. quando submetidas a identificação molecular verificou-se ser *Triportheus signatus* (Garman, 1890), *Schizodon dissimilis* (Garman, 1890), *Steindachnerina notonota* (Miranda Ribeiro, 1937), *Hassar affinis* (Steindachner, 1881), respectivamente (Figura 4). Vale ressaltar que essas espécies são endêmicas para as bacias do Nordeste brasileiro, e suas ocorrências nos tributários do Rio Mearim confirma que as bacias maranhenses apresentam em sua composição, uma diversidade de peixes endêmicos da região Nordeste, o que encoraja a realização de outros estudos que visem ações de manejo e conservação para os tributários da bacia do Rio Mearim. Estudos demonstram que o conhecimento da ictiofauna do Nordeste é parcial, evidenciando a carência existente nas informações básicas que compõem a fauna de peixes da região (ROSA, et al., 2003; LANGEANI et al., 2009; ALBUQUERQUE et al., 2012).

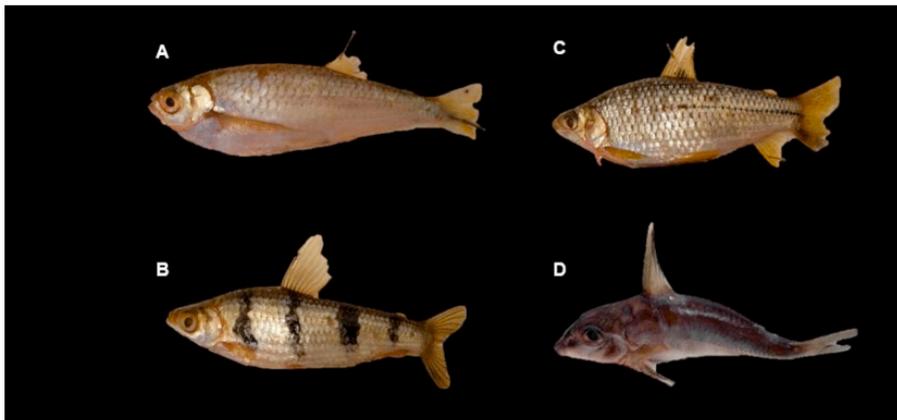


Figura 4. Espécies identificadas nos tributários do Rio Mearim que são endêmicas do Nordeste brasileiro. (A) *Triportheus signatus*; (B) *Schizodon dissimilis*; (C) *Steindachnerina notonota*; (D) *Hassar affinis*.

A espécie *Pimelodella* sp. apresentou similaridade consistente com *Pimelodella parnahybae*. Esta espécie foi registrada em estudos anteriores para a bacia do Rio Parnaíba por Ramos et al. (2014) e para a bacia do Rio Itapecuru por Nascimento et al. (2016). A espécie *Loricaria* sp. apresentou similaridade de 99,84% com *Loricaria cataphracta*, a mesma foi registrada em nível genérico para a bacia do Rio Itapecuru/MA por Nascimento et al. (2016), sendo registrada em nível específico por Abreu et al. (2019) em estudos realizados nas bacias costeiras do Maranhão e por Teixeira et al. (2019) na bacia do Rio Turiaçu.

A espécie identificada morfologicamente como *Myloplus* sp. confirmou-se apenas seu nível genérico com similaridade de 100%. Vale ressaltar que o gênero *Myloplus* tem sido registrado em bacias maranhenses em estudos realizados por Barros et al. (2011),

Nascimento et al. (2016) e Abreu et al. (2019) não descartando a ocorrência de espécies desse gênero para os tributários da bacia do Rio Mearim.

A espécie identificada morfológicamente como *Geophagus* sp. apresentou similaridade de 97,11% com *Geophagus proximus*, entretanto esta espécie tem sua distribuição registrada para a bacia do Rio Amazonas (PAULY; FROESE, 2019). Segundo Hubert; Renno (2006) a relação entre os componentes da ictiofauna maranhense e do Rio Amazonas têm sido explicadas em termos de dispersão costeira e, dessa forma, influenciadas principalmente pelas variações em nível do mar durante os períodos de progressão.

Piorski (2010) ressalta que devido às características geológicas da região onde se encontram as bacias hidrográficas maranhenses, possíveis eventos de transgressões marítimas ocorridos entre o Mioceno e o Holoceno poderiam em algum momento ter permitido a comunicação entre afluentes de bacias distintas. Diante disto, essas hipóteses possivelmente esclarecem a ocorrência de espécies oriundas da Amazônia nos tributários Grajaú e Flores.

A espécie identificada morfológicamente como *Auchenipterus* sp. apresentou similaridade de 100% com *Auchenipterus menezesi*, a mesma tem sido registrada nas bacias do Rio Itapecuru e Mearim por Abreu et al. (2019) e no Rio Pindaré por Guimarães et al. (2020).

Os exemplares identificados morfológicamente como *Psectrogaster* sp. e *Roeboides* sp. apresentaram similaridade consistente com *Psectrogaster rhomboides* e *Roeboides margaretae* respectivamente. Ambas as espécies têm ocorrência registrada para o Rio Itapecuru, Rio Parnaíba, Rio Mearim e Rio Pindaré (BARROS et al., 2011; RAMOS et al., 2014; NASCIMENTO et al., 2016; ABREU et al., 2019; GUIMARÃES et al., 2020).

A espécie *Prochilodus* sp. mostrou similaridade de 100% com *Prochilodus lacustris* e 99,33% com *Prochilodus nigricans*. Melo et al. (2018), ressaltam que as espécies deste gênero apresentam diferenciação morfológica muito sutil. Silva et al. (2020) analisando as populações de *Prochilodus* no sistema hidrológico Pindaré-Mearim verificou que estas apresentam baixos níveis de variabilidade e distância genética, revelando portando apenas um único táxon entre as espécies de *P. lacustris* e *P. nigricans* apontando para necessidade de uma revisão taxonômica entre estas espécies.

Os espécimes de *Leporinus* sp. apresentaram similaridade com três espécies do mesmo gênero (Tabela 4). Dos 11 espécimes analisados, apenas um mostrou similaridade de 99,82% para *Leporinus piau*, 10 espécimes apresentaram similaridade de 100% para *Leporinus friderici*, 99,84% para *Leporinus piau* e 99,84% para *Leporinus* sp6. Nos trabalhos realizados por Fraga et al. (2014) e Aragão (2015) com *Leporinus* de bacias maranhenses, foram observados resultados similares, mostrando um processo de diferenciação genética neste táxon. Conforme, Krinski; Miyazawa (2013), as espécies deste gênero constantemente têm passado por revisões decorrentes das relações ecológicas e taxonômicas pouco

esclarecidas, provavelmente havendo um número incerto de espécies descritas.

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)
<i>Leporinus</i> sp. (Subclado I)	<i>Leporinus piau</i>	99,82
<i>Leporinus</i> sp. (Subclado II)	<i>Leporinus friderici</i>	100
	<i>Leporinus piau</i>	99,84
	<i>Leporinus</i> sp.6	99,84

Tabela 4. Identificação molecular da espécie *Leporinus* sp. dos Rios Grajaú e Flores realizada através de comparações das sequências obtidas com sequências disponíveis na plataforma BOLDSystems para o gene COI.

Os resultados encontrados para os Tributários Grajaú e Flores ressaltam a problemática taxonômica de *Leporinus*, já que esta vem sendo observada em estudos realizados em outras bacias maranhenses, como na bacia do Rio Itapecuru e na bacia do Rio Turiaçu (Nascimento et al., 2016; Teixeira et al., 2019). Segundo Henriques (2010) a resolução de problemas relacionados à identificação de uma espécie exige uma cuidadosa análise morfológica de taxonomistas especialistas antes que quaisquer recomendações finais possam ser feitas, sendo assim as análises de DNA *Barcode* e a análise morfológica devem caminhar juntas na resolução desta problemática.

Dos cinco espécimes analisados de *Hoplias malabaricus*, quatro apresentaram similaridade de 100% com *Hoplias malabaricus* e um espécime mostrou similaridade de 97,92% com *Hoplias malabaricus* (Tabela 5).

Morfológica	Molecular	Similaridade (%)
<i>Hoplias malabaricus</i> (Subclado I)	<i>Hoplias malabaricus</i>	100
<i>Hoplias malabaricus</i> (Subclado II)	<i>Hoplias malabaricus</i>	97,92

Tabela 5. Identificação molecular da espécie *Hoplias malabaricus* dos Rios Grajaú e Flores realizadas através de comparações das sequências obtidas com sequências disponíveis na plataforma BOLDSystems para o gene COI.

A espécie identificada como *Hoplias malabaricus* apresentou divergência entre seus espécimes de 2,5%, refletindo o observado na análise de NJ, onde essa espécie apresentou-se dividida em dois subclados, com indicativo de duas linhagens para os tributários da bacia do Rio Mearim. No estudo realizado por Pires et al. (2019 e 2021) em bacias maranhenses, estes encontraram resultados semelhantes citando a ocorrência de quatro linhagens diferentes para *Hoplias malabaricus* utilizando fragmentos de regiões genômicas mitocondriais e nuclear, sendo que pelo menos duas delas ocorrem na bacia do Rio Mearim, o que explica a ocorrência das duas linhagens apresentadas no presente estudo.

## 4 | CONCLUSÃO

No presente estudo a utilização da técnica DNA *Barcode* para identificação das espécies de peixes presentes nos tributários Grajaú e Flores mostrou-se eficaz, identificando e confirmando 95% das espécies analisadas. Concluimos que diante dos resultados encontrados estamos diante de um ecossistema composto por espécies endêmicas do Nordeste brasileiro, assim, a ocorrência destas nos tributários estudados pode encorajar ações de manejo e conservação para a ictiofauna da bacia do Rio Mearim.

## REFERÊNCIAS

- ABREU, J. M. S.; CRAIN, J. M.; ALBERT, J. S.; PIORSKI, N. M. Historical biogeography of fishes from coastal basins of Maranhão State, northeastern Brazil. **Neotropical Ichthyology**, v.17 n.2, 2019.
- ALBUQUERQUE, U.P.; ARAÚJO, E. L.; EL-DEIR, A. C. A.; LIMA, A. L. A.; SOUTO, A.; BEZERRA, B. M.; FERRAZ, E. M. N.; FREIRE, E. M. X.; SAMPAIO, E. V. S. B.; LAS-CASAS, F. M. G.; MOURA, G. J. B.; PEREIRA, G. A.; MELO, J. G.; RAMOS, M. A.; RODAL, M. J. N.; SCHIEL, N.; LYRA-NEVES, R. M.; ALVES, R. R. N.; AZEVEDO-JUNIOR, S. M.; TELINO JUNIOR, W. R.; SEVERI, W. Caatinga Revisited: Ecology and Conservation of an Important Seasonal Dry Forest. **The Scientific World Journal**, p. 1-18, 2012.
- ARAGÃO, D. G. **Identificação molecular (Dna barcode) e variabilidade genética em *Leporinus piau* (Characiformes: anostomidae) de bacias hidrográficas do estado do Maranhão, Brasil.** Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual do Maranhão, São Luís, 2015.
- BARROS, M. C.; FRAGA, E. C.; BIRINDELLI, J. L. O. Fishes from the Itapecuru River basin, State of Maranhão, northeast Brazil. **Journal of Biology**, v.71, n.2, p.375-380, 2011.
- BRITSKI, H. A.; SILIMON, K. Z. S.; LOPES, B. S. Peixes do Pantanal. Manual de identificação. Embrapa, Corumbá, São Paulo, p.184, 1999.
- BUCKUP, P. A.; MENEZES, N. A.; GHAZZI, M. S. **Catálogo das espécies de peixes de água doce do Brasil.** Museu Nacional, Rio de Janeiro, 2007.
- CARVALHO, D. C.; OLIVEIRA, D. A. A.; POMPEU, P. S.; LEAL, C. G.; OLIVEIRA, C.; HANNER, R. Deep barcode divergence in Brazilian freshwater fishes: the case of the São Francisco River basin. **Mitochondrial DNA**, v. 22, p. 80–86, 2011.
- CARVALHO, D. C.; SEERIG, A.; MELO, D. C.; SOUSA, A. B.; PIMENTA, D.; OLIVEIRA, D. A. A. Identificação molecular de peixes: o caso do Surubim (*Pseudoplatystoma* spp). **Revista Brasileira Reprodução Animal**, v.32, n.4, p.215-219, 2008.
- FELSENSTEIN, J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. **Evolution**, v. 39, p. 783-791, 1985.
- FRAGA, E.; SILVA, L. M. M.; SCHNEIDER, H.; SAMPAIO, I.; BARROS, M. C. Variabilidade genética em populações naturais de *Leporinus piau* (Anostomidae, Characiformes) da bacia do Rio Itapecuru. **Revista Trópica**, v.8, n. 2, p.28-40, 2014.

FROESE, R.; PAULY, D. FishBase, World Wide Web electronic publication. Disponível em [http: < www.fishbase.com >](http://www.fishbase.com), version (12/2020). Acesso em: março de 2021.

GUIMARÃES, E. C.; BRITO, P. S.; GONÇALVES, C. S.; OTTONI, F. P. An inventory of Ichthyofauna of the Pindaré River drainage, Mearim River basin, Northeastern Brazil. **Biota Neotropica**, v. 20, n. 4, 2020.

HALL, T. A. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. **Nucleic Acids Symposium**, 1999.

HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L. e WARD, J. R. Biological identifications through DNA barcodes. **Proceedings of the Royal Society B**, v. 270, p. 313-321, 2003.

HENRIQUES, J. M. **Identificação molecular (DNA Barcode) dos peixes pertencentes a Bacia do Rio Ribeira de Iguape e dos Rios Costeiros do Estado de São Paulo**. Dissertação (mestrado) – Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências, Botucatu, 2010.

HUBERT, N.; RENNO, J. F. Historical biogeography of South American freshwater fishes. **Journal of Biogeography**, v. 33, p. 1414–1436, 2006.

ICMBIO. **Lista vermelha: peixes**. 2016. Disponível em: <[http://www.icmbio.gov.br/portal/biodiversidade/fauna-brasileira/livro\\_vermelho.pdf](http://www.icmbio.gov.br/portal/biodiversidade/fauna-brasileira/livro_vermelho.pdf)> Acesso em: março de 2021.

KIMURA, M. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. **Journal of Molecular Evolution**, v. 16, p. 111-120, 1980.

KRINSKI, D.; MIYAZAWA, C.S. Karyotypic analysis in *Leporellus vittatus* and *Leporinus striatus* (Teleostei, Characiformes, Anostomidae) from Upper Paraguay Basin, Mato Grosso State, Brazil. **Estudos de Biologia**, v. 35, n. 85, p. 113-120, 2013.

KUMAR, S.; STECHER, G.; LI, M.; KNYAR, C.; TAMURA, K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. **Molecular Biology and Evolution**, v. 35, p. 1547-1549, 2018.

LANGANI, F.; BUCKUP, P. A.; MALABARBA, L. R.; PY-DANIEL, L. H. R.; LUCENA, C. A. S.; ROSA, R. S.; ZUANON, J. A. S.; LUCENA, Z. M. S.; OYAKAWA, O. T.; GOMES-FILHO, G. **Peixes de água doce**, p.211-230. In: ROCHA, R.M.; BOEGER, W.A. Estado da arte e perspectivas para a zoologia no Brasil. Sociedade Brasileira de Zoologia, Curitiba, 2009.

LIMA, R. C.; ALMEIDA, M. S. BARROS, M. C.; FRAGA, E. C. **Identificação e caracterização molecular de peixes da APA do Inhamum, leste maranhense, Brasil**. In: NETO, B. R. S. Conceitos básicos da genética. Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.

MACHADO, V. N. **Diversidade genética dos peixes serrasalmideos na Amazônia**. Tese (Doutorado em Biodiversidade e Biotecnologia da Rede BIONORTE). Universidade Federal do Amazonas, 2016.

MELO, B. F.; DORINI, B. F.; FORESTI, F.; OLIVEIRA, CLAUDIO. Little Divergence among mitochondrial lineages of *Prochilodus* (Teleostei, Characiformes). **Frontiers in genetics**, v. 9, p. 1-9, 2018.

MELO, B. F.; SIDLAUSKAS, B. L.; HOEKZEMA, K.; FRABLE, B. W.; VARI, R. P.; OLIVEIRA, C. Molecular Phylogenetics of the neotropical fish family Prochilodontidae (Teleostei: Characiformes). **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 102, p. 189–201, 2016.

NASCIMENTO, M. H. S.; ALMEIDA, M. S.; VEIRA, M. N. S.; FILHO, L. D.; LIMA, R. C.; BARROS, M. C.; FRAGA, E. C. DNA barcoding reveals high levels of genetic diversity in the fishes of the Itapecuru Basin in Maranhão, Brasil. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 3, 2016.

PIORSKI, N. M. **Diversidade genética e Filogeografia das espécies *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) e *Prochilodus lacustris* Steindachner, 1907 no nordeste do Brasil**. Tese (Doutorado em Ciências Biológicas). Área de Concentração: Genética e Evolução. Universidade Federal de São Carlos. 2010.

PIORSKI, N. M.; CASTRO, A. C. L.; SOUSA NETO, M. A. S. Peixes do cerrado da Região Sul Maranhenses. In: Barreto, L. **Cerrado do Norte do Brasil. North cerrado of Brasil**. Pelotas: Ed. USEB, 378p. 2007.

PIRES, W. M. M.; BARROS, M. C.; FRAGA, E. C. Diversidade genética em *Hoplias malabaricus* (Bloch, 1794) revela diferentes linhagens em bacias maranhenses In: NETO, B. R. S. **Conceitos básicos da genética**. Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.

PIRES, W. M. M.; BARROS, M. C.; FRAGA, E. C. DNA Barcoding unveils cryptic lineages of *Hoplias malabaricus* from Northeastern Brazil. **Revista Braz. J. Biol.**, v. 81, n. 4, p.917-927, 2021.

RAMOS, T. P. A.; RAMOS, R. T. C.; RAMOS, S. A. Q. A. Ichthyofauna of the Parnaíba river Basin. Northeastern Brazil. **Biota Neotropica**, v.14, p. 1–8, 2014.

RATNASINGHAM, S.; HEBERT, P. D. N. BOLD: The barcode of Life Data System ([www.barcodinglife.org](http://www.barcodinglife.org)). **Molecular Ecology Notes**, n.7, p.355–364, 2007.

REIS, R. E.; KULLANDER, S. O.; FERRARIS J. R. C. **Check list of the freshwater fishes of South and Central America**. Porto Alegre: Edipucrs, v.9, n.5, 2013.

ROSA, R. S.; MENEZES, N. A.; BRITSKI, H. A.; COSTA, W. J. E.; GROTH, F. **Diversidade, padrões de distribuição e conservação dos peixes da caatinga**. In: LEAL, I.R.; TABARELLI, M.; SILVA, J. M. C. Ecologia e conservação da Caatinga, p. 135-180. Editora Universitária da Universidade Federal de Pernambuco, 2003.

SILVA, J. L. N.; FRANÇA, E. R. R.; SILVA, F. C.; BARROS, M. C.; FRAGA, E. C. **Marcadores mitocondriais revelam baixa variabilidade genética de *Prochilodus* no sistema hidrológico Pindaré - Mearim** In: As Ciências Biológicas e a Interface com vários Saberes 2., 2ed., p. 168-181. Atena Editora, 2020.

SOARES, E. C. **Peixes do Mearim**, Fish of the Mearim River. São Luís: Instituto Geia. p. 143, 2005.

TEIXEIRA, B. R. S.; BARROS, M. C.; FRAGA, E. C. **Dna barcoding confirma a ocorrência de espécies amazônicas na ictiofauna do rio Turiaçu, Maranhão/Brasil**. In: NETO, B. R. S. Conceitos básicos da genética. Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.

WARD, R. D., ZEMLBAK, T. S., INNES, B. H., LAST, P.R.; HEBERT, P. D. N. DNA barcoding Australia's fish species. **Philosophical transactions of the Royal Society B**, v. 360, n. 1462, p. 1847 – 1857, 2005.

WARD, R. D; HANNER, R.; HEBERT, P. D. N. The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. **Journal of Fish Biology**, v. 74, p. 329-356. 2009.

## FENOLOGIA E CRESCIMENTO DE GIRASSOL EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA E ARRANJOS ESPACIAIS EM PLANTIO DIRETO

Data de aceite: 24/05/2021

Data de submissão: 15/03/2021

### **Gisele da Silva Machado**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<http://lattes.cnpq.br/5098167810727715>

### **Clovis Pereira Peixoto**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0002-6618-1700>

### **Marcos Roberto da Silva**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0001-5808-9130>

### **Ana Maria Pereira Bispo de Castro**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0001-8898-2624>

### **Jamile Maria da Silva dos Santos**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0002-7509-3147>

### **Ademir Trindade Almeida**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0001-5233-7607>

### **Ellen Rayssa Oliveira**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0002-8610-1827>

**RESUMO:** Embora o girassol se destaque por apresentar ampla capacidade de adaptação em diferentes ambientes, caracterizar-se pela sua rusticidade, tolerância a baixas temperaturas, relativa resistência à seca e rendimento pouco influenciado pela altitude e fotoperíodo, não apresenta mesmo desempenho nos diferentes agroecossistemas. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a fenologia e o crescimento de híbridos de girassol nas condições do Recôncavo Sul da Bahia em diferentes épocas de semeadura e arranjos espaciais de plantas. Os experimentos foram instalados no Campo Experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, em dois anos de cultivo. Para cada época de semeadura foi instalado um experimento no delineamento em blocos casualizados em esquema de parcelas subdivididas no espaço, onde nas parcelas ficaram os tratamentos principais os diferentes arranjos espaciais de planta arranjo 1- A1(0,45 m X 0,49 m); arranjo 2- A2 (0,70 m X 0,32m) e arranjo 3- A3 (0,90 m X 0,25 m), e nas subparcelas os tratamentos secundários que foram os híbridos de girassol (Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3) em seis repetições. As três épocas de semeadura foram: época 1, EP1 (segunda quinzena de maio); época 2, EP2 (segunda quinzena de junho) e época 3, EP3 (segunda quinzena de julho) nos dois anos da pesquisa. Avaliou-se a fenologia da planta do girassol, o acúmulo da massa da matéria seca (MST) bem como a área foliar (AF) ao longo do ciclo da cultura. A variação temporal da MST e da AF foi ajustada pela função polinomial exponencial  $\ln(y) = a + bx^{1.5} + cx^{0.5}$ . O encurtamento no ciclo dos híbridos principalmente na EP3 nos dois

anos de estudo é influenciado pela precipitação pluvial. A redução no acúmulo de massa da matéria seca e da área foliar é significativamente influenciada pelas épocas de semeadura.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Helianthus annuus* L., massa da matéria seca, área foliar.

## GROWTH AND PHENOLOGY OF SUNFLOWER UNDER DIFFERENT SOWING DATES AND ARRANGEMENTS SPATIAL IN NO-TILLAGE

**ABSTRACT:** Although sunflower stands out for presenting wide adaptability to different environments, characterized by its hardiness, tolerance to low temperatures on drought resistance and yield little influenced by altitude and photoperiod does not have the same performance on different agroecosystems. The objective of this study was to evaluate the phenology and growth of sunflower hybrids under the conditions of southern Bahia Recôncavo in different sowing dates and spatial arrangements of plants. The experiments were conducted on the experimental farm of the Federal University of Bahia Recôncavo in two crop years. For each sowing date was an experiment in a randomized block design in split plot in space, where the main plot treatments were the different spatial arrangements of plant arrangement 1 - A1 (0.45 m X 0.49 m) arrangement; 2 - A2 (0.70m X 0.32m) and arrange 3 - A3 (0.90 m X 0.25 m), the subplots and secondary treatments that were hybrids of sunflower (250 Helium, Helium 253 and Aguará 3) in six replicates. The three sowing dates were: season 1, EP1 (second half of May); season 2, EP2 (second half of June) and then 3, EP3 (second half of July) in the two years of research. Reviewed the phenology of sunflower plant, the accumulation of total dry matter (TDM) and the leaf area (LA) along the crop cycle. The temporal variation of the MST and the AF was adjusted by exponential polynomial  $\ln(y) = a + bx^{1.5} + cx^{0.5}$ . Shortening the cycle of hybrid EP3 mainly in the two years of study is influenced by rainfall. The reduction in the accumulation of dry matter and revely area is significantly influenced by sowing dates.

**KEYWORDS:** *Helianthus annuus* L., dry matter mass, leaf area.

## 1 | INTRODUÇÃO

O girassol é cultivado com sucesso em boa parte do território brasileiro, principalmente nos estados de Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, além da região Sul do país (LIRA et al., 2011). No entanto, o grande desafio é a sua expansão nas diferentes regiões do Nordeste brasileiro.

Para os agricultores do estado da Bahia, a cultura do girassol se apresenta como uma opção no processo de diversificação de cultivos, com possibilidade de aumentar a renda e ampliar os processos de comercialização pela possibilidade de usos na alimentação humana, animal, por apresentar aptidão ornamental e propriedades medicinais (BAHIABIO, 2007).

Embora o girassol se destaque por apresentar ampla capacidade de adaptação em diferentes ambientes, caracterizar-se pela sua rusticidade, tolerância a baixas temperaturas, relativa resistência a seca e rendimento pouco influenciado pala altitude e fotoperíodo não apresentam mesmo desempenho nos diferentes agroecossistemas (SACHS et al., 2006;

AFFÉRI et al., 2008; JONER et al., 2011).

Para que o pesquisador possa incrementar a produtividade e garantir o sucesso da cultura, faz-se necessário não só o uso de técnicas como a época de semeadura ideal e os arranjos espaciais que configurem melhor a planta na área, como também o conhecimento da fenologia da cultura (SMIDERLE et al., 2005).

A descrição fenológica constitui-se em uma ferramenta eficaz no manejo de uma cultura, já que possibilita identificar, por meio da observação dos caracteres morfológicos da planta, seu momento fisiológico, ao qual se encontra, associado a uma série de necessidades por parte do vegetal que, uma vez atendidas, possibilitarão o normal desenvolvimento da cultura e, conseqüentemente, bons rendimentos (PEIXOTO e PEIXOTO, 2009).

É de fundamental importância o conhecimento das características da planta e do ambiente, para que as necessidades da cultura sejam atendidas, uma vez que os fatores climáticos que condicionam o ambiente são determinantes no grau de adaptação dos indivíduos (CRUZ, 2011). O conhecimento dos diferentes fatores, que influenciam no acúmulo de matéria seca e no incremento da área foliar de qualquer planta, em função do tempo é imprescindível para a identificação de materiais promissores (BENICASA, 2004; PEIXOTO e PEIXOTO, 2009).

Sabendo-se da interação presente nas espécies vegetais entre genótipos e ambiente, e que existe variação do desempenho desses em função da região e da época de semeadura, faz-se necessário a avaliação contínua desses materiais, visando o conhecimento do desempenho agrônômico bem como da adaptação dos mesmos nas condições locais, a fim de se proceder à indicação de cultivares (PORTO et al., 2007).

Assim, objetivou-se avaliar a fenologia e o crescimento de híbridos de girassol baseado na quantidade de material acumulado na planta (massa da matéria seca) e em sua superfície fotossintetizante (área foliar) nas condições do Recôncavo Sul da Bahia em diferentes épocas de semeadura e arranjos espaciais de plantas.

## 2 | MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram instalados no Campo Experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, em Cruz das Almas, Bahia, em dois anos de cultivo. A cidade está situada a 12° 40' 19" de latitude Sul e 39° 06' 22" de longitude Oeste de Greenwich, tendo 220 m de altitude. O clima é tropical quente e úmido Am e Aw, segundo a classificação de Köppen, com pluviosidade média anual de 1200 mm, com variações entre 900 e 1300 mm, sendo os meses de março a agosto os mais chuvosos e de setembro a fevereiro os mais secos. A temperatura média anual é de 24°C e umidade relativa de 80% (MENDONÇA et al., 2020). O solo é classificado como Latossolo Amarelo Distrocoeso, de textura média, relevo plano, bem drenado e profundo (SANTOS, 2013).

Para cada época de semeadura foi instalado um experimento no delineamento em

blocos casualizados em esquema de parcelas subdivididas no espaço, onde nas parcelas ficaram os tratamentos principais os diferentes arranjos espaciais de planta arranjo 1- A1(0,45 m X 0,49 m); arranjo 2- A2 (0,70 m X 0,32m) e arranjo 3- A3 (0,90 m X 0,25 m), e nas subparcelas os tratamentos secundários que foram os híbridos de girassol (Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3) em seis repetições.

As três épocas de semeadura foram: época 1, EP1 (segunda quinzena de maio); época 2, EP2 (segunda quinzena de junho) e época 3, EP3 (segunda quinzena de julho) nos dois anos da pesquisa.

As parcelas experimentais foram compostas por oito linhas de 6,0 m de comprimento, espaçadas entre si pelos diferentes arranjos espaciais de planta, mantendo-se a população fixa de aproximadamente 45.000 plantas por hectare. Foram utilizadas três linhas descontando-se 0,50 m de cada extremidade como área útil para a obtenção da produtividade de aquênios. Duas linhas foram usadas como a área útil para a retirada de amostras destrutivas que foram utilizadas para as análises de crescimento e as demais linhas como bordaduras.

No período da semeadura foi realizada a dessecação de plantas que serviram de palhada na área experimental via pulverização com o herbicida Glifosate na dosagem de 1,5 L e 0,5 L de U46 diluídos em 100 L de água. A semeadura foi realizada manualmente no primeiro ano e com o auxílio de plantadeira manual tipo matraca no segundo ano em sistema plantio direto em palha de *Brachiaria decumbens* no ano 1 e de milho (*Pennisetum glaucum*) no ano 2, sendo semeadas três sementes por cova. Aos 14 dias após a semeadura foi realizado o desbaste das plantas deixando uma planta por cova.

Para avaliar o desempenho dos híbridos de girassol foram acompanhadas as diferentes fenofases, utilizando a descrição esquemática das fases de desenvolvimento do girassol, segundo Schineiter e Miller (1981). Para a determinação da massa da matéria seca total (g planta<sup>-1</sup>) e da área foliar (dm<sup>2</sup>), foram realizadas coletas quinzenais de cinco plantas aleatórias por parcela nas linhas destinadas a análise de crescimento, a partir dos trinta dias após a emergência (DAE) até a maturação fisiológica da cultura.

A massa da matéria seca total resultou da soma da massa seca das diversas frações da planta (raiz, haste, folhas, capítulo), após secarem em estufa de ventilação forçada (65 ± 5 °C), até atingirem massa constante. A área foliar foi determinada mediante a relação da massa da matéria seca das folhas e a massa da matéria seca de dez discos foliares obtidos com o auxílio de um perfurador de área conhecida.

As variáveis massa da matéria seca total (MST) e área foliar (AF), foram submetidas à análise da variância para cada ano de pesquisa e a variação temporal da MST e da AF foi ajustada pela função polinomial exponencial  $\ln(y) = a + bx^{1,5} + cx^{0,5}$ , utilizada por PEIXOTO (1998) e CRUZ (2011) para representar a progressão do crescimento ao longo do ciclo, em que (y) é a variável MST ou AF, em função do tempo, sendo a, b e c os coeficientes empíricos determinados estatisticamente e x a variável tempo em dias após a emergência.

### 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se que as médias de temperatura, radiação e umidade relativa do ar, durante o período que o experimento foi desenvolvido, variaram pouco, enquanto o mesmo não ocorreu para a precipitação pluvial, havendo variação não só de um ano para o outro, mas entre os meses no mesmo ano. Foi observado que no mês de julho do primeiro ano houve uma queda na precipitação pluvial chegando a 64 mm e no segundo essa escassez de água foi mais acentuada nos meses de setembro e outubro com precipitações médias em torno de 48 mm e 29,5 mm, respectivamente.

De maneira geral a precipitação pluvial variou entre os meses que foram desenvolvidos os experimentos de 64 mm a 159 mm no ano 1 e de 29,5 mm a 130 mm no ano 2. No entanto, a precipitação pluviométrica desde a sementeira até a colheita foi de 447,7; 405,6 e 368,4 mm nas EP1, EP2 e EP3, respectivamente no ano 1 e 466,6; 422,3 e 307,2 mm para o ano 2. Desse modo, não foi possível atingir a precipitação mínima de 500 mm exigida pela cultura para se estabelecer e apresentar um bom desenvolvimento.

O consumo de água pela cultura do girassol varia em função das condições climáticas, da duração do ciclo e do manejo do solo e da cultura (CASTRO e FARIAS, 2005). As necessidades hídricas do girassol ainda não estão perfeitamente definidas, existindo informações que indicam desde menos 200 mm até mais de 900 mm por ciclo (DUTRA et al., 2012). Entretanto, na maioria dos casos, 500 a 700 mm de água, bem distribuídos ao longo do ciclo, resultam em rendimentos próximos ao potencial máximo (CARVALHO, 2004).

Houve uma distribuição insatisfatória durante o ciclo, e ocorreram muitas variações no período em que os ensaios foram desenvolvidos, a falta de água pode ter afetado o crescimento e o bom desenvolvimento das plantas principalmente quando o déficit hídrico coincidiu com os estádios de maior demanda por água pela cultura do girassol que corresponde o período entre 10 a 15 dias antes do início do florescimento e 10 a 15 dias após o final da floração (enchimento de aquênios) (COSTA e FARIAS, 2005).

A planta de girassol não é tida como altamente tolerante à falta de água, mas apresenta características importantes como um sistema radicular profundo e vigoroso e que se desenvolve muito bem quando não há impedimentos físicos nos solos. Segundo Dutra et al. (2012) esta tolerância ao déficit hídrico do solo, é em função do maior perfil explorado (capacidade de extrair aproximadamente 92% de água disponível na camada de solo), incrementa a absorção de água e de nutrientes além de servirem como ancoragem da planta.

Outro fator importante para que as plantas tenham se desenvolvido bem, mesmo com muita variação na distribuição de água durante o período do ensaio nos dois anos foi o manejo do solo, os experimentos foram implantado em sistema plantio direto, que segundo Calegari e Costa (2009) entre os vários benefícios que essa técnica possibilita

como melhoria dos atributos físicos, químicos e biológicos do solo, aumenta a capacidade de armazenamento de água, promovendo um conforto térmico para as plantas.

O desenvolvimento fenológico do girassol entre a semeadura e a maturação fisiológica é dado por uma sequência de alterações morfológicas e fisiológicas na planta. Os principais estádios fenológicos bem como a duração dos mesmos nos híbridos de girassol Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3 nas diferentes épocas de semeadura nos anos de 2011 e 2012 podem ser observados na Tabela 1.

A importância do estudo fenológico do girassol deve-se ao fato de que o período de desenvolvimento das várias fases é influenciado pela interação genótipo x ambiente, sendo que o acompanhamento das fenofases permite identificar as variações entre plantas crescendo em diferentes condições de manejo e ambiente.

Muitas práticas culturais que requerem o conhecimento de uma fase específica para seu melhor emprego, como a aplicação de adubação de cobertura, de herbicida pós-emergente ou a coleta de folhas para análise de tecido, entre outras, podem ser adequadamente executadas quando se refere, de forma precisa, a uma determinada fase fenológica.

Como podem ser observados na Tabela 1, os ciclos de maturação dos híbridos variaram entre os anos e entre as épocas de semeadura. De maneira geral a terceira época de semeadura foi a que os híbridos apresentaram menor ciclo total, ou que tiveram seus ciclos mais reduzidos independente do ano. Verifica-se que no ano 1 este encurtamento foi de 16 dias da EP1 para a EP3 e no ano 2 foi de sete dias entre a primeira e terceira época.

FASES FENOLÓGICAS									
ÉPOCAS	HÍBRIDOS	S - VE	R1	R4	R5	R6	R7	R9	CICLO TOTAL
DAE									DAS
Ano 1									
EP1	H250	6	29	46	67	72	78	90	103
	H253	6	34	51	72	77	93	96	108
	AGUARÁ	6	31	48	69	74	90	92	105
EP2	H250	7	30	36	48	62	83	98	105
	H253	7	35	41	53	67	88	103	110
	AGUARÁ	7	32	38	50	64	85	100	107
EP3	H250	7	29	50	58	66	69	76	87
	H253	7	34	55	63	71	74	81	92
	AGUARÁ	7	31	52	60	68	71	78	89
ÉPOCAS	HÍBRIDOS	S - VE	R1	R4	R5	R6	R7	R9	CICLO TOTAL
DAE									DAS

		Ano 2							
EP1	H250	7	35	47	54	63	68	77	97
	H253	7	40	52	59	68	73	82	102
	AGUARÁ	7	37	49	56	65	70	79	99
EP2	H250	7	38	49	65	78	88	93	98
	H253	7	43	54	70	83	93	98	103
	AGUARÁ	7	40	51	67	80	90	95	100
EP3	H250	9	34	46	57	62	67	73	90
	H253	9	39	51	62	67	72	79	95
	AGUARÁ	9	36	48	59	64	69	76	92

EP1= 1ª época de semeadura (segunda quinzena de maio); EP2 = 2ª época de semeadura (segunda quinzena de junho); EP3 = 3ª época de semeadura (segunda terceira de julho); VE= estágio vegetativo; DAE= dias após a emergência das plântulas; DAS= dias após a semeadura nos dois anos agrícolas.

Tabela 1. Duração média das principais fases de desenvolvimento dos híbridos de girassol (Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3), semeados em três épocas de semeadura (EP1, EP2 e EP3), nos anos de 2011 e 2012, em Cruz das Almas - BA.

Observou-se que independentemente do ano, houve maior precocidade do híbrido H250, por ocasião dos períodos fenológicos estudados, com diferença no ciclo total de dois dias em relação ao híbrido Aguará 3 e de cinco dias em relação ao híbrido H253. Nesse trabalho o ciclo total do híbrido H250 variou de 87 a 105 dias e o H253 de 92 a 110 dias não fugindo muito do recomendado pela empresa de sementes fornecedora, que é de 85 a 105 dias para H250 e de 87 a 110 para o H253. Trabalho desenvolvido por SILVA et al. (2007), também encontrou precocidade para o híbrido H250 em cinco dias em relação ao H251, nos estádios R5.1, R5.5, R6 e R9.

Observa-se ainda que na EP1 os ciclos totais dos híbridos foram reduzidos em seis dias no segundo ano em relação ao primeiro. Na EP2 o mesmo ocorreu, sendo que foi reduzido o ciclo total em sete dias. Entretanto, para EP3 houve acréscimo em três dias no ciclo total. Embora para alguns autores a temperatura do ar e a radiação solar sejam os fatores do clima que mais influenciam na duração do ciclo total e dos subperíodos do girassol (SENTELHAS e UNGARO, 1998; SMIDERLE et al., 2002; THOMAZ et al., 2012), isso não foi observado nesse trabalho, uma vez que tanto a temperatura do ar como a radiação variaram pouco entre os anos avaliados.

Essas reduções nos ciclos totais observados nas EP1 e EP2 do ano 2 em relação ao ano 1 podem ter ocorrido por uma menor precipitação pluvial no segundo ano, no qual a precipitação foi de 73,8 mm na EP1 e 115,1 mm na EP2, o que pode ter levado a planta acelerar a fase reprodutiva nos estádios R5-R6 na EP1 e no estádio R9 na EP2.

No entanto, na EP3 a redução no ciclo total dos híbridos foi maior no ano primeiro ano do que no segundo, processo inverso ao observado nas outras épocas de semeadura,

mas que corroboram as observações de que a precipitação pluvial foi o fator que mais influenciou no ciclo total da cultura, uma vez que no ano 1 a precipitação foi 64,1 mm no período de crescimento inicial no ano 2 foram 99,4 mm. Cruz, (2011) avaliando a cultura da soja, também observou encurtamento da fase vegetativa (VE-R1) nas EP1 e EP2 em função de ocorrências de veranicos e menores precipitações pluviais, no Oeste da Bahia.

Uma adequada disponibilidade de água durante o período da germinação à emergência é necessária para obtenção de uma boa uniformidade na germinação e na emergência das plantas e, conseqüentemente, na população desejada de plantas de forma que não venha causar danos posteriores. Quando a deficiência hídrica incide nos estádios iniciais da estação de cultivo do girassol a planta manifesta, a nível celular, perdas no turgor e, em consequência, redução do crescimento, afetando sobremaneira, a morfologia de órgãos como raízes, folhas, caules e capítulos (SILVA et al., 2012).

Na Tabela 2, observam-se os valores médios obtidos para os fatores climáticos como precipitação pluvial, temperaturas, mínimas, médias e máximas do ar e radiação solar relacionadas às fases de desenvolvimento (VE-R1, R1-R4, R4-R6 e R6-R9) da cultura e as diferentes épocas de semeadura avaliadas nos dois anos que foi desenvolvida a pesquisa. A cultura do girassol tolera uma faixa de temperatura entre 10 a 24°C sem causar redução significativa na produção, e a temperatura ótima para seu desenvolvimento situa-se na faixa entre 27 e 28°C, logo os valores das temperaturas mínimas, médias e máximas durante os experimentos, não variaram muito e estão dentro desse padrão não afetando os subperíodos fenológicos.

Apesar de ter ocorrido uma variação entre as radiações solares nas épocas de semeadura e nos subperíodos, a precipitação pluvial nesse trabalho é o que mais influenciou na duração dos ciclos de maturação dos híbridos, apresentando relação direta, ou seja, quanto menor foi a precipitação em determinados subperíodos, menor foi a duração do ciclo como pode ser observado na Tabela 2. Em trabalho desenvolvido com a cultura do girassol em diferentes condições edafoclimáticas do Sudeste Paranaense, Ribeiro et al., (2011) também verificaram que os valores de radiação interceptada nos subperíodos tiveram uma variabilidade menor em relação aos valores de precipitação pluvial.

Ano 1							
Épocas de Semeadura	Fases Fenolog.	Duração	Precipitação (mm)	Temperatura (°C)			Radiação (M. J. m <sup>2</sup> dia)
				Max	Méd.	Min.	
EP1	VE - R1	30	158,8	26,0	22,1	19,4	17,7
	R1 - R4	18	48,4	28,8	22,2	19,3	16,0
	R4 - R6	27	53,8	26,3	21,6	18,4	16,3
	R6 - R9	9	28,6	28,8	22,2	18,1	19,7
EP2	VE - R1	31	53,5	26,3	21,9	18,5	15,5
	R1 - R4	7	16,9	26,0	21,5	18,4	17,3
	R4 - R6	28	91,6	26,3	21,8	18,5	18,7
	R6 - R9	37	119,7	26,3	21,7	18,1	19,2
EP3	VE - R1	30	94,8	26,3	21,8	18,4	18,9
	R1 - R4	22	44,8	27,0	21,9	18,0	21,1
	R4 - R6	17	71,1	25,9	21,6	18,4	16,9
	R6 - R9	11	15,3	28,4	23,3	19,5	20,8
Ano 2							
Épocas de Semeadura	Fases Fenolog.	Duração	Precipitação (mm)	Temperatura média (°C)			Radiação (M. J. m <sup>2</sup> dia)
				Max	Méd.	Min.	
EP1	VE - R1	36	182,6	26,1	22,0	19,4	14,2
	R1 - R4	13	28,5	27,0	22,3	19,0	15,2
	R4 - R6	17	36,3	26,3	21,3	18,1	15,2
	R6 - R9	15	96,1	25,5	21,2	18,3	16,8
EP2	VE - R1	39	197,3	26,0	21,8	19,0	13,9
	R1 - R4	12	39	26,0	21,3	18,0	15,1
	R4 - R6	30	107,2	26,1	21,7	18,4	19,2
	R6 - R9	16	18,8	28,8	23,0	19,1	19,1
EP3	VE - R1	36	141,8	26,0	21,3	18,2	16,9
	R1 - R4	14	20,7	27,1	22,1	18,6	18,6
	R4 - R6	16	18,8	28,8	23,0	19,1	19,1
	R6 - R9	12	24,7	27,0	22,0	18,7	14,9

EP1= 1ª época de semeadura (segunda quinzena de maio); EP2 = 2ª época de semeadura (segunda quinzena de junho); EP3 = 3ª época de semeadura (segunda quinzena de julho); VE – R1(subperíodos que vai da emergência até a formação do broto floral); R1 – R4 (do broto floral a floração inicial); R4 – R6 (da floração inicial ata a floração final) e R6 - R9 (vai da floração final ata a maturação fisiológica), nos dois anos agrícolas.

Tabela 2. Precipitação pluvial (mm), Temperatura média do ar (°C) e radiação solar (M.J. m<sup>2</sup> dia) nos anos estudados, relacionadas com as fases de desenvolvimento do girassol em cada época de semeadura, em Cruz das Almas - BA.

Ainda na Tabela 2, observa-se uma redução de dez dias na duração dos subperíodos R4 - R6 (período compreendido entre o início o final da floração) na EP1 no segundo ano

em relação ao primeiro, sendo que também a precipitação pluvial nesses subperíodos foi menor no ano 2 (36,3 mm) em relação ao ano 1 que foi de (53,8 mm). Para as EP2 e EP3 a variação na duração do mesmo subperíodos (R4 – R6) foi de 2 e 1 dia, respectivamente, de um ano para outro.

No primeiro ano fica evidente que os maiores encurtamentos dos subperíodos nas diferentes épocas de semeadura, ocorreram principalmente na fase reprodutiva (R6-R9) na EP1 e EP3; sendo que na EP2, correu no subperíodo R1-R4. Essas fases apresentaram maior sensibilidade às variações climáticas, principalmente a falta de água. No segundo ano, as fenofases de maior redução coincidiram com o subperíodos R1-R4 na EP1 e EP2 e no subperíodo R6-R9 na EP3.

As necessidades hídricas do girassol aumentam com o desenvolvimento da planta, a porcentagem média de água usada na cultura é de aproximadamente 20% durante o estágio vegetativo, 55% durante o florescimento e 25% na fase de enchimento do grão (DUTRA et al., 2012). Em geral, a falta ou excesso de água numa cultura são prejudiciais ao seu desenvolvimento. A determinação das necessidades hídricas das culturas, em seus diferentes estádios de desenvolvimento, é uma etapa importante até para a escolha da época de semeadura ideal, pois a água só não é desejável por ocasião da colheita.

Os parâmetros utilizados para medir o crescimento vegetal, são basicamente a massa da matéria seca (fitomassa) da planta e a dimensão do aparelho fotossintetizante (área foliar). De acordo com a análise de variância, o efeito da época de semeadura foi significativo tanto para matéria seca como para área foliar nos dois anos de pesquisa.

Para a variável massa da matéria seca, a interação arranjo x híbrido só não apresentou significância aos 90 DAE, ano 1 e aos 45 DAE no ano 2. Na interação arranjo x época de semeadura, todas as avaliações foram significativas e na interação híbrido x época de semeadura só não houve significância aos 75 e 90 DAE no primeiro ano e aos 45 DAE no segundo ano.

Para a variável área foliar, observou-se que na interação arranjo x híbrido não houve significância aos 75 e 90 DAE no ano 1 e aos 45 DAE no ano 2. Na interação arranjo x época de semeadura também não houve significância aos 30 e 90 DAE no ano 1 e foi significativa em todas as avaliações no ano 2. Para a interação híbrido x época de semeadura só não houve significância aos 90 DAE no ano 1 e aos 30 DAE no ano 2.

A variação média da MST acumulada pelos híbridos de girassol nas três épocas de semeadura e nos três arranjos espaciais de planta em Cruz das Almas - BA estão apresentados na Figura 1 (primeiro ano) e Figura 2 (segundo ano).

Pode-se observar a superioridade das épocas de semeadura EP1 e EP2, em relação à EP3, onde ocorreram reduções acentuadas no acúmulo da matéria seca, nos dois anos. Esse menor acúmulo de MST na EP3 pode estar relacionado entre outros fatores com uma menor precipitação pluvial nessa época nos dois anos de ensaios. A falta de água pode levar a redução da expansão celular, fechamento de estômatos, redução na fotossíntese,

afetando severamente a produção de fitomassa.

A variação da MST, oriunda das frações folhas, hastes e raiz, apresentaram a tendência de uma curva sigmoideal esperada, em quase todos os híbridos e épocas de semeadura (com exceção da EP3, principalmente no ano 2), em relação ao tempo que em geral, aumenta até um máximo, sofre uma inflexão e diminui progressivamente até a senescência da cultura.

Esta tendência de variação em relação ao tempo, para o acúmulo de matéria seca, passando por um máximo e diminuindo progressivamente até o final do ciclo da cultura, foi encontrado por Carvalho (2004); Neves et al., (2005) e Watanabe (2007) em girassol ornamental no Paraná e indica um balanço negativo da fotossíntese comparada à respiração, devido a fase de senescência foliar, com menor interceptação da energia luminosa, resultando em decréscimo do processo fotossintético.

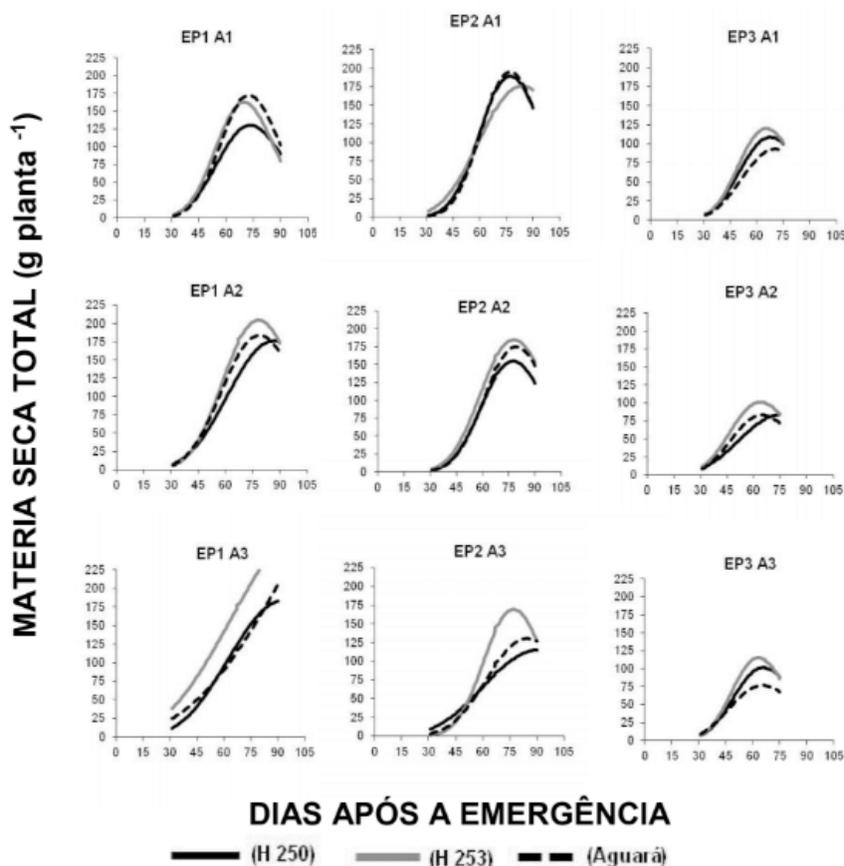


Figura 1. Curvas polinomiais para matéria seca total ( $\text{g planta}^{-1}$ ) em dias após a emergência (DAE) dos híbridos de girassol Hélio 250, Hélio 253 e Aguarã 3 em três épocas de semeadura (EP1 = segunda quinzena de maio; EP2 = segunda quinzena de junho e EP3 = segunda quinzena de julho) em três arranjos espaciais de planta (A1 =  $0,45 \text{ m} \times 0,49 \text{ m}$ ; A2 =  $0,70 \text{ m} \times 0,32 \text{ m}$  e A3 =  $0,90 \text{ m} \times 0,25 \text{ m}$ ), em Cruz das Almas- BA, no primeiro ano.

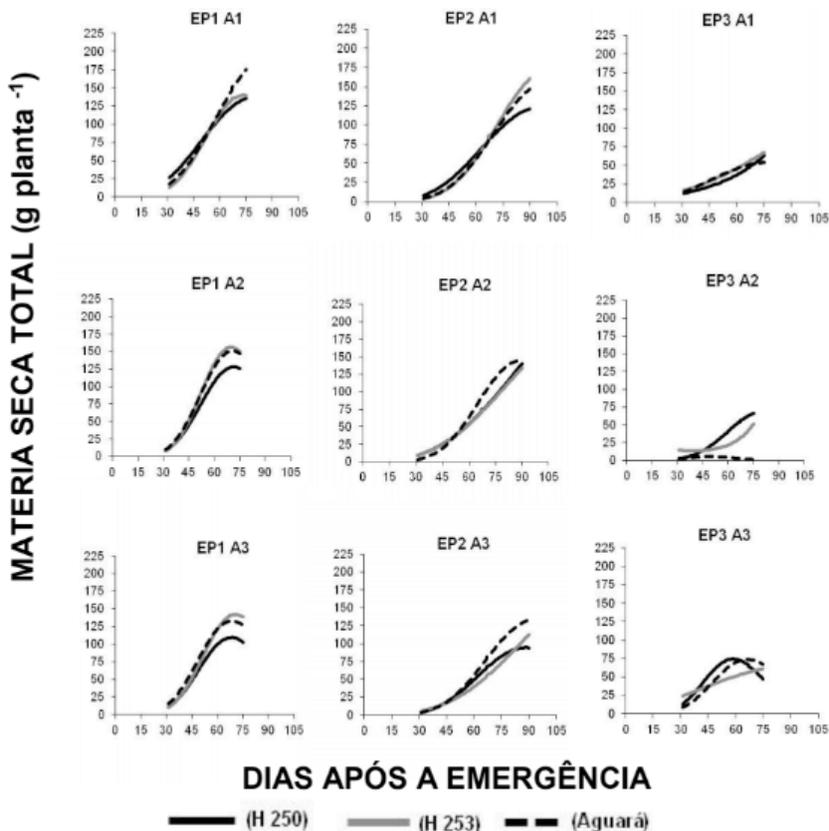


Figura 2. Curvas polinomiais para matéria seca total ( $\text{g planta}^{-1}$ ) em dias após a emergência (DAE) dos híbridos de girassol Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3 em três épocas de semeadura (EP1 = segunda quinzena de maio; EP2 = segunda quinzena de junho e EP3 = segunda quinzena de julho) em três arranjos espaciais de planta (A1 =  $0,45 \text{ m} \times 0,49 \text{ m}$ ; A2 =  $0,70 \text{ m} \times 0,32 \text{ m}$  e A3 =  $0,90 \text{ m} \times 0,25 \text{ m}$ ), em Cruz das Almas - BA, no segundo ano.

Nas fases iniciais do crescimento dos híbridos de girassol o acúmulo de matéria seca total é baixo, ocorrendo similaridade entre as épocas de semeadura entre os períodos de 30 a 45 DAE nos dois anos de ensaios (Figuras 1 e 2). Os acúmulos máximos de matéria seca para EP1 e EP2 ocorreram em torno dos 60 aos 75 DAE (entre R5 e R7, período compreendido entre a floração e início do desenvolvimento de aquênios) e na EP3 em torno dos 60 DAE (R5), em ambos os anos, devido ao encurtamento do ciclo dos híbridos nessa época como pode ter sido observado na (Tabela 1).

Souza (2010) encontrou o acúmulo de matéria seca máximo, entre 51 e 66 DAE, no cultivar Embrapa 122 para as diferentes épocas de semeadura e localidades. Gomes et al. (2010) observaram que os maiores acúmulos de matéria seca para o híbrido Hélio 358 ocorreu aos 95 DAS. E Silva et al. (2012), observaram na cultivar Multissol maior acúmulo de matéria seca aos 110 DAS no tratamento que a cultura não sofreu nenhum

déficit hídrico, decrescendo em seguida.

Segundo Gomes et al. (2010) o máximo acúmulo de massa seca ocorre justamente após a estabilização do crescimento das plantas, podendo ser explicado pelo processo de redistribuição de assimilados da fitomassa (fonte) para a produção de aquênios (dreno), após este estágio de desenvolvimento inicia-se o processo de maturação fisiológica dos aquênios e senescência da cultura com posterior paralisação do acúmulo de fitomassa.

Na Figura 3 e 4 observa-se o desempenho dos híbridos de girassol quanto ao incremento de área foliar. As curvas polinomiais obtidas mostram a tendência parabólica da área foliar para todos os híbridos e em todas as épocas com exceção de alguns híbridos na EP3 nos arranjos A1 e A2 no ano 2. Essa tendência parabólica foi observada também nos resultados de Neves et al. (2005), Fagundes et al. (2007), e Dutra et al. (2012).

Semelhante à matéria seca, observa-se que a área foliar apresentou maior incremento nas épocas (EP1 e EP2) em relação a EP3. Além da menor precipitação pluvial que foi observada na EP3 nos dois anos dos ensaios, a área usada para a semeadura da EP3 no ano 2 foi o primeiro ano de uso como sistema em plantio direto, as sementes demoram 9 dias para emergir (Tabela 1), as parcelas não foram muito uniformes, as plantas não se desenvolveram como esperado e as plantas espontâneas podem ter contribuído por meio da competição nessa fase inicial de desenvolvimento por luz, água e nutrientes o que também desfavoreceu o desempenho das plantas nessa época.

Segundo Dutra et al. (2012) as plantas submetidas a maiores teores de água produzem um maior número de folhas e por consequência aumento da área foliar. Logo a menor ou a redução da área foliar na EP3 observada nesse trabalho em relação as EP1 e EP2 (Figura 3) está relacionada também ao menor número de folhas produzidas pelas plantas nessa época de semeadura.

O incremento máximo da AF na EP1 ocorreu em torno dos 45 DAE tanto no primeiro ano como no segundo. Já a EP2 os incrementos máximos para área foliar ocorreram aos 60 DAE em ambos os anos e na EP3 a área foliar máxima ocorreu aos 60 DAE no ano 1 e aos 45 DAE no ano 2. Neves et al. (2005) trabalhando com girassol ornamental obteve a máxima área foliar aos 42 DAE cultivada em vasos com brita e quartzo e aos 35 DAE com solo. No entanto, Souza (2010) encontrou a máxima área foliar para cultivar Embrapa 122 aos 51 DAE nas duas épocas de semeadura e nas duas localidades.

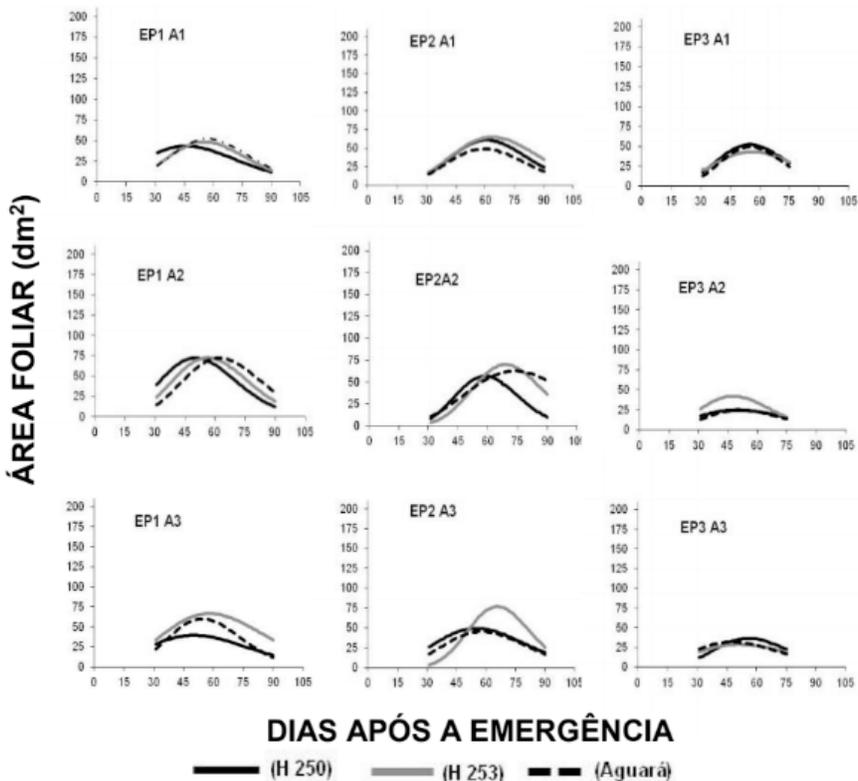


Figura 3. Curvas polinomiais para área foliar ( $\text{dm}^2$ ) em dias após a emergência dos híbridos de girassol Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3 em três épocas de semeadura (EP1 = segunda quinzena de maio; EP2 = segunda quinzena de junho e EP3 = segunda quinzena de julho) em três arranjos espaciais de planta (A1 = 0,45 m x 0,49 m; A2 = 0,70 m x 0,32 m e A3 = 0,90 m x 0,25 m), em Cruz das Almas - BA, no primeiro ano.

A variação da AF em relação ao tempo apresentou a curva parabólica, característica, que em geral, aumenta até um máximo, diminuindo progressivamente até o final do ciclo. Segundo Peixoto et al. (2011) e Cruz et al., (2011) isto ocorre porque a planta ao atingir o tamanho definitivo, entra na fase de senescência, diminuindo a AF, com menor interceptação de energia luminosa resultando em decréscimo no acúmulo da MST, com possível translocação desta para os órgãos de reserva e, conseqüentemente, degeneração do sistema fotossintético. Como a fotossíntese depende da AF, o rendimento da cultura será tanto maior quanto mais rápido a planta atingir o índice de área foliar ótimo e quanto mais tempo à AF permanecer ativa.

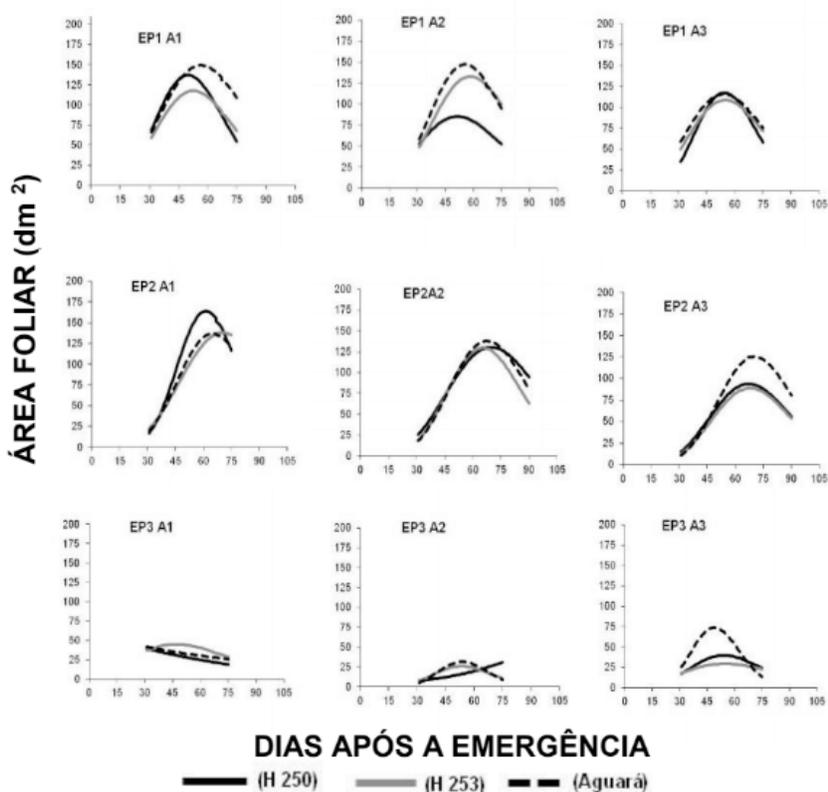


Figura 4. Curvas polinomiais para área foliar ( $\text{dm}^2$ ) em dias após a emergência dos híbridos de girassol Hélio 250, Hélio 253 e Aguará 3 em três épocas de semeadura (EP1 = segunda quinzena de maio; EP2 = segunda quinzena de junho e EP3 = segunda quinzena de julho) em três arranjos espaciais de planta (A1 = 0,45 m x 0,49 m; A2 = 0,70 m x 0,32 m e A3 = 0,90 m x 0,25 m), em Cruz das Almas-BA, no segundo ano.

## 4 I CONCLUSÕES

As informações obtidas por meio do acompanhamento fenológico, acúmulo da massa da matéria seca e o incremento da área foliar, permitem precisar as causas de variação entre os híbridos de girassol submetidos aos diferentes manejos;

O encurtamento do ciclo dos híbridos na EP3 nos dois anos de ensaio é influenciado pela precipitação pluvial;

A redução no acúmulo de massa da matéria seca e da área foliar dos híbridos é significativamente influenciada pela época de semeadura.

## REFERÊNCIA

AFFÉRRI, F. S.; BRITO, L. R.; SIEBENEICHLER, S. C.; PELUZIO, J. M.; NASCIMENTO, L. C. do; OLIVEIRA, T. C. de. Avaliação de Cultivares de Girassol, em Diferentes Épocas de Semeadura, no Sul do Estado do Tocantins, Safra 2005/2006. **Amazônia: Ciência e Desenvolvimento**, Belém, v. 4, n. 7, jul./dez., 2008.

BAHIABIO. **Programa de Bioenergia**, Salvador, 2007. Disponível em: <http://www.bioenergy-world.com/americas/2008/IMG/pdf/BAHIABIO.pdf>

BENICASA, M. M. P. **Análise de crescimento de plantas** (noções básicas). 2. Ed. Jaboticabal: FUNEP, 2004. 42 p.

CALEGARI, A.; COSTA A. Manutenção da cobertura melhora atributos do solo. **Visão Agrícola**, USP ESALQ, ano 6, p. 132-135, jul./dez. 2009.

CARVALHO, D. B. de. Análise de Crescimento de Girassol em Sistema de Semeadura Direta. **Revista Acadêmica: ciências agrárias e ambientais**, Curitiba, v. 2, n. 4, p. 63-70, out./dez. 2004.

CASTRO, C. de e FARIAS, J. R. B. Ecofisiologia do Girassol. In: LEITE, R. M. V. B.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. de (Eds). **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, p. 163-218, 2005.

CRUZ, T. V. **Crescimento e Produtividade de Soja em Diferentes Épocas de Semeadura Com e Sem Controle Químico da Ferrugem Asiática no Oeste da Bahia**. 2011. 164 p. Tese (Doutorado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

DUTRA, C. C.; PADRO, E. A. F do; PAIM, L. R. SCALON, S. de F. Q. Desenvolvimento de plantas de girassol sob diferentes condições de fornecimento de água. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, suplemento 1, p. 2657-2668, 2012.

FAGUNDES, J. D.; SANTIAGO, G.; MELLO, A. M.; BELLÉ, R. A.; STREEK, N. A. Crescimento, desenvolvimento e retardamento da senescência foliar em girassol de vaso (*Helianthus annuus* L.) fontes e doses de nitrogênio. **Ciência Rural**, Santa Maria, V.37, n. 4, p. 978-993, jul-ago, 2007.

GOMES, E. P.; ÁVILA, M. R.; RICKLI, M. E.; PETRI, F. e FEDRI, G. Desenvolvimento e produtividade do girassol sob lâminas de irrigação em semeadura direta na Região do Arenito Caiuá, Estado do Paraná. **Irrigação**, Botucatu, v. 15, n. 4, p. 373-385, outubro-dezembro 2010.

JONER, G.; METZ, P. A. M.; PIZZUTI, L. A. D.; BRONDANI, I. L.; RESTLE, J. Aspectos agronômicos e produtivos dos híbridos de girassol (*Helianthus annuus* L.) Hélio 251 e Hélio 360. **Ciência Animal Brasileira**, v. 12, N. 2 (2011).

LEITE, R. M. V. B. C.; BRIGHENTI, A. M.; CASTRO, C. **Girassol no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, 2005. 641 p.

LIRA, M. A.; CARVALHO, H. W. L. de; CHAGAS, M. C. M. das; BRISTOT, G.; DANTAS, J. A.; LIMA, J. M. P. de. Avaliação das Potencialidades da Cultura do Girassol, como Alternativa de Cultivo no Seminário Nordeste, **Documentos 40**, Natal-RN: EMPARN, 2011, 40 p.

MENDONÇA, A. V. R.; SANTOS, J. P. A.; VERDE, D. dos S. V.; SOUZA, M. O. de.; SOUZA, J. S. Production of seedlings of *Psidium cauliflorum* Landrum & Sobrall. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, n. 2, p. 433 – 445, 2020.

NEVES, M. B. do; BUZETI, S.; CASTILHO, R. M. M. de; BOARO, S. F. Desenvolvimento de plantas de girassol ornamental (*Helianthus annuus* L.) em vasos, em dois substratos com soluções nutritivas e em solo. **Científica**, Jaboticabal, v. 33, n. 2, p. 127-133, 2005.

- PEIXOTO, C. P. **Análise de crescimento e rendimento de três cultivares de soja (*Glycine max* (L) Merrill) em três épocas de semeadura e três densidades de plantas.** 1998. 151 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.
- PEIXOTO, C. P.; PEIXOTO, M. de F. da S. P. **Dinâmica do crescimento vegetal.** In: CARVALHO, C. A. L. de; DANTAS, A. C. V. L.; PEREIRA, F. A. de C.; SOARES, A. C. F.; MELO FILHO, J. F. de; OLIVEIRA, G. J. C. de. Tópicos em Ciências Agrárias. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2009. P. 39-53.
- PORTO, W. S.; CARVALHO, C. G. P. de; PINTO, R. J. B. Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 491-499, abr. 2007.
- RIBEIRO, M. de F. dos S.; DAROS, E.; CAIRES, E. F.; VASCONCELLOS, M. E. da C. Desempenho agrônomo da cultura do girassol em diferentes condições edafoclimáticas no Sudeste Paranaense. **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 3, p. 550-560, 2011.
- SACHS, L. G.; PORTUGAL, A. P.; FERREIRA, S. H. P.; IDA, E. I.; SACHS, P. J. D.; SACHS, J. P. D. Efeito de NPK na produtividade e componentes químicos do girassol. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 27, n. 4, p. 533-546, out./dez. 2006.
- SCHINEITER, A. A. & MILLER, J. F. Description os sunflower growth stages. **Crop Sciencia**, 21:901-3, 1981.
- SENTELHAS, P. C.; UNGARO, M. R. G. Índices Bioclimáticos para a cultura de girassol. **Scientia Agrícola**, v. 55, n. 1. Piracicaba Jan/Apr. 1998.
- SANTOS, H.G. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos.** 3 ed. rev. ampl. Brasília: Embrapa Produção de informação; Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2013. 353 p.
- SILVA, M. de O.; FARIA, M. A. de; MORAIS, A. R.; ANDRADE, G. P.; LIMA, E. M. de C. Crescimento e produtividade do girassol cultivado na entressafra com diferentes lâminas de água. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 11, n. 5, p. 482-488, 2007.
- SILVA, A. R. A. da; BEZERRA, F. M. L.; FREITAS, C. A. S. de; FILHO PEREIRA, J. V.; ANDRADE, R. R. de; FEITOSA, D. R. C. Morfologia e fitomassa do girassol cultivado com déficits hídricos em diferentes estádios de desenvolvimento. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 16, n. 9, p. 959-968, 2012.
- SMIDERLE, O. J. GIANLUPPI, D.; GIANLUPPI, V. Adução nitrogenada, espaçamento e épocas de semeadura de girassol nos cerrados de Roraima. In: EMBRAPA-CNPSo: resultados de pesquisa da EMBRAPA Soja – 2011: girassol e trigo. Londrina, 2002. p. 24-29.
- SMIDERLE, O. J.; JR MOURÃO., M.; GIANLUPPI, D. Avaliação de cultivares de girassol em savana de Roraima. **Acta Amazonica**, vol. 35 (3) 2005: 331 – 336.
- SOUZA, L. H.B. de. Crescimento e desenvolvimento de girassol em diferentes épocas de semeadura no Recôncavo da Bahia. 2010. 88 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

THOMAZ, G. L.; COLASANTE, L. O.; NOGUEIRA, R. R. Produção do girassol e teor de óleo nos aquênios em função da temperatura do ar, precipitação pluvial e radiação solar. **Ciência Rural**, v. 42, n. 8, ago, 2012.

WATANABE, A. A. **Desenvolvimento de plantas de girassol (*Helianthus annuus* L. cv. Pacino) com variação de nutrientes na solução nutritiva e aplicação de Daminozide**. 2007. 105f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista. Instituto de Biociências de Botucatu, Botucatu, 2007.

# CAPÍTULO 7

## VARIABILIDADE EM GENÓTIPOS DE AMENDOIM PRODUZIDOS POR PEQUENOS AGRICULTORES DO RECÔNCAVO BAIANO

*Data de aceite: 24/05/2021*

*Data de submissão: 15/03/2021*

### **Luiz Fernando Melgaço Bloisi**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<http://lattes.cnpq.br/3586065197277532>

### **Clovis Pereira Peixoto**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0002-6618-1700>

### **Ellen Rayssa Oliveira**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0002-8610-1827>

### **Ademir Trindade Almeida**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0001-5233-7607>

### **Elvis Lima Vieira**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<https://orcid.org/0000-0002-7734-6566>

### **Alfredo Melgaço Bloisi**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<http://lattes.cnpq.br/2173090136313357>

### **Gisele da Silva Machado**

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Cruz das Almas – BA  
<http://lattes.cnpq.br/5098167810727715>

**RESUMO:** Objetivou-se avaliar a variabilidade existente entre os genótipos de amendoim produzidos por pequenos agricultores no Recôncavo Sul Baiano, por meio de métodos de agrupamento como os de: Scott Knott, Tocher e UPGMA. O trabalho foi realizado na área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A., no município de Conceição do Almeida – BA, em um delineamento inteiramente casualizado e um esquema fatorial de 15 x 5 (genótipos x análises no tempo), com cinco plantas por linha em duas repetições. Para as análises morfológicas de crescimento utilizou-se o método não destrutivo a partir do 21º dia após a emergência e, para as análises morfológicas do legume e produção, aos 96 dias após emergência. Foram analisadas as seguintes características: altura e diâmetro da haste principal, número de folhas e ramificações, comprimento e diâmetro de legumes, número de grãos por legume, número de legumes, massa da matéria fresca e seca de legumes e massa da matéria seca de grãos. As análises multivariadas foram implementadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico, com base nos métodos UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average), utilizando a Distância Euclidiana Média como medida de dissimilaridade. A otimização foi verificada por meio do método de Tocher. Foi realizada uma correlação de Pearson para demonstrar a importância das características morfológicas de crescimento em relação às características morfológicas do legume e produção. Houve diferença significativa entre as variáveis dos genótipos analisados por meio do teste Scott-Knott, com exceção

das características de produção, onde apenas a variável número de legumes diferiu significativamente. Os métodos de UPGMA e Torch demonstram haver baixa variabilidade entre os genótipos, mas apresentam concordância na formação de grupos. As características morfológicas podem ser consideradas descritores importantes para a distinção de genótipos superiores, pois apresentam diferenças estatísticas pelo teste de Scott-Knott.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Arachis hypogaea* L.; Morfologia; Correlação.

## VARIABILITY IN PEANUT GENOTYPES PRODUCED BY SMALLHOLDERS OF RECÔNCAVO BAIANO

**ABSTRACT:** The objective was to evaluate the variability between peanut genotypes produced by small farmers in Recôncavo Sul Bahia, using clustering methods such as: Scott Knott, Tocher and UPGMA. The work was carried out in the experimental area of Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola SA, in the municipality of Conceição do Almeida - BA, in a completely randomized design and a factorial scheme of 15 x 5 (genotypes x time analyzes), with five plants per line in two repetitions. For morphological analysis of growth, the non-destructive method was used from the 21st day after emergence and, for morphological analysis of the vegetable and production, 96 days after emergence. The following characteristics were analyzed: height and diameter of the main stem, number of leaves and branches, length and diameter of vegetables, number of grains per vegetable, number of vegetables, mass of fresh and dry matter of vegetables and mass of dry matter of grains. Multivariate analyzes were implemented using hierarchical clustering techniques, based on the UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average) methods, using the Average Euclidean Distance as a measure of dissimilarity. The optimization was verified using the Tocher method. Pearson's correlation was performed to demonstrate the importance of the morphological characteristics of growth in relation to the morphological characteristics of the vegetable and production. There was a significant difference between the variables of the genotypes analyzed using the Scott-Knott test, with the exception of production characteristics, where only the variable number of vegetables differed significantly. The UPGMA and Torch methods show low variability between the genotypes, but show agreement in the formation of groups. The morphological characteristics can be considered important descriptors for the distinction of superior genotypes, as they present statistical differences by the Scott-Knott test.

**KEYWORDS:** *Arachis hypogaea* L.; Morphology; Correlation.

## 1 | INTRODUÇÃO

O amendoim é uma dicotiledônea pertencente à família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, gênero *Arachis*, nativo da América do Sul é uma das oleaginosas mais cultivadas no mundo. A espécie se subdivide em duas subespécies, *Arachis hypogaea* L. subespécie *hypogaea* e *Arachis hypogaea* subespécie *fastigiata*.

O amendoim apresenta três tipos botânicos, com destaque no Brasil para os tipos Valência e Virgínia, por serem mais comercialmente cultivados. O grupo Valência, que é o mais utilizado na região do Recôncavo apresenta porte ereto, ciclo curto, sementes de tamanho médio, tegumento de coloração vermelha e 3 a 5 sementes por vagem. Possuem

nós produtivos tanto na haste principal como nas ramificações (SANTOS et al., 1997).

Já as plantas do grupo Virgínia podem apresentar porte ereto ('bunch') ou rasteiro ('runner'), ciclo longo, vagens geralmente com duas sementes grandes, coloração bege, presença de dormência e ausência de flores na haste principal (GODOY et al., 2000).

A cultura do amendoim tem grande interesse para a região do Recôncavo Baiano destacando-se os municípios de Maragogipe e Cruz das Almas como maiores produtores, onde é cultivado basicamente por pequenos e médios produtores com áreas em torno de 20 hectares.

A caracterização de genótipos é essencial para a utilização nos programas de melhoramento, tendo como base características fenotípicas que geram uma grande quantidade de informações. Seleções individuais para caracteres reprodutivos (produtividade, tamanho e forma de vagens e sementes), realizadas em lavouras comerciais, demonstraram a existência de variabilidade, condição que possibilita o emprego de métodos de seleção genética.

A origem dessa variabilidade pode ser explicada por mutações e polinizações cruzadas que, embora em taxas reduzidas, podem ocorrer. Ademais, outra causa muito comum dessa variabilidade são as misturas físicas que podem ocorrer nas lavouras de onde se obtêm as sementes e que foram implantadas em áreas onde havia amendoim de outras cultivares em anos anteriores. Essas misturas também podem ocorrer nas operações pós-colheita podendo promover uma desuniformidade na produção e posterior multiplicação (NORDEN, 1973).

Diante da importância econômica, social e cultural dessa leguminosa na Bahia, em especial no Recôncavo Baiano, tornam-se necessários estudos para a obtenção de dados referentes a variabilidade morfológicas de genótipos cultivados no Recôncavo Sul Baiano.

Sendo assim, objetivou-se avaliar a variabilidade entre genótipos do Grupo Valencia, tipo Vagem Lisa, produzidos por pequenos agricultores do Recôncavo Sul Baiano, por métodos de agrupamento como os de Scott Knott, Tocher e UPGMA.

## 2 | MATERIAL E METÓDOS

O trabalho foi realizado na área experimental da Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola S.A. (EBDA) no município de Conceição do Almeida-BA (Figura 1), situado no Recôncavo Baiano, a 12°46'46" de latitude Sul e 39°10'12" de longitude Oeste de Greenwich, tendo 216 m de altitude.



Figura 1. Localização do município de Conceição do Almeida - BA, no Recôncavo Sul Baiano.

O clima é tropical seco a subúmido e pluviosidade média anual de 1117 mm, assim como a temperatura média de 24,5° C e umidade relativa de 80% (ALMEIDA, 1999), O solo é classificado como Latossolo Amarelo distrocoeso, de textura argilosa e relevo plano (BORGES; SOUZA, 2009).

A EBDA realizou uma coleta de 15 genótipos, do tipo Vagem Lisa, cultivados por pequenos agricultores no Recôncavo Baiano e também do município de Feira de Santana – BA, que embora esteja fora dessa Região (Tabela 1), utiliza genótipos provenientes do Recôncavo Baiano. Foram coletadas amostras de aproximadamente 1,0 kg de legume por genótipo. Foram semeadas em linhas únicas de 5,0 m de comprimento no espaçamento de 0,5 m entrelinhas e 0,1 m entre plantas, para se obter um número satisfatório de sementes.

GENÓTIPO	LOCAL DE COLETA
1	Conceição do Almeida
2	Cruz das Almas
3	Cabaceiras do Paraguaçu
4	São Felipe: Serra da Copioba
5	Cruz das Almas: Mombaça
6	Conceição do Almeida
7	Conceição do Almeida
8	Conceição do Almeida
9	Feira de Santana*
10	Feira de Santana*
11	São Felipe

12	Cruz das Almas: Escola de Agronomia
13	EBDA (sem identificação)
14	EBDA (sem identificação)
15	Conceição do Almeida

\* Apesar dessa cidade não pertencer ao Recôncavo Baiano, os genótipos utilizados são provenientes do Recôncavo.

Tabela1. Ordem dos genótipos coletados na região do recôncavo Baiano e no município de Feira de Santana – BA.

Para as análises, cada genótipo foi semeado em linhas individuais de 5,0 m com 0,5 m entre linhas e 0,1 m entre plantas, em um delineamento inteiramente casualizado e um esquema fatorial de 15 x 5 (genótipos x análises ao tempo), cinco plantas por linha com duas repetições.

Os genótipos foram identificados por números de 1 a 15, e para as análises de crescimento, em decorrência do número limitado de indivíduos, procedeu-se o método não destrutivo, com avaliações quinzenais a partir do 21º dia após emergência (DAE) até o final do ciclo, sendo selecionadas e marcadas com fitilho, cinco plantas ao acaso dentro de cada linha (Figura 2).

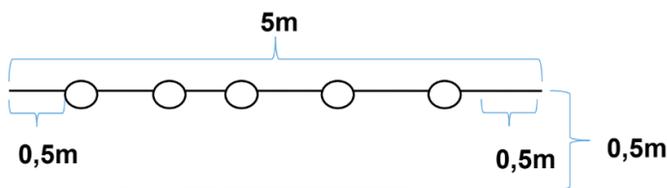


Figura 2. Disposição das linhas em campo e seus respectivos espaçamentos.

Foram analisadas individualmente as seguintes variáveis: altura da haste principal (AHP), diâmetro da haste principal (DHP), número de folhas (NF) e número de ramificações (NR). A altura da planta foi determinada com o auxílio de uma régua graduada em centímetros, como a distância compreendida entre a superfície do solo e a extremidade haste principal. O diâmetro da haste principal foi aferido com o auxílio de um paquímetro, tomando como base o colo da planta. O número de folhas bem como o de ramificações foi obtido por contagem direta.

A determinação dos componentes de produção da planta foi realizada aos 96 DAE, onde foi feita a colheita das cinco plantas marcadas, das quais foram selecionados cinco legumes ao acaso por planta, avaliando-se: comprimento de legume (CL- cm), diâmetro de legume (DL- cm) e número de grãos por legume (NG/L) e a produtividade por planta ( $g\ planta^{-1}$ ), nas quais foram observadas as seguintes variáveis: número de legumes (NL),

massa fresca de legume (MFL-g), massa seca de legume (MSL- g) e massa seca de grão (MSG - g).

Os dados foram submetidos à análise de variância para averiguação de variabilidade das características entre os acessos e, em seguida, os valores médios foram ordenados segundo o teste de agrupamento Scott-Knott a 5% de probabilidade (SCOTT; KNOTT, 1974).

As análises multivariadas foram implementadas por meio de técnicas de agrupamento hierárquico, com base nos métodos UPGMA (Unweighted Pair Group Method Average), utilizando a Distância Euclidiana Média como medida de dissimilaridade. Este método foi utilizado por ser um dos mais difundidos e relevantes, em face de sua importância em estudos relacionados ao melhoramento genético, calculado com base na distância entre os pares de unidades amostrais.

A otimização foi verificada por meio do método de Tocher (CRUZ et al., 2004; CRUZ, 2006). Os dados foram analisados utilizando-se os recursos computacionais dos programas SISVAR (FERREIRA, 2014). Os programas Genes e Statistica 7 foram utilizadas para as análises de dissimilaridade.

### 3 I RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise morfológica do crescimento é importante, pois se pode inferir em aspectos como produção e produtividade. Dessa forma, torna-se relevante relacionar características de crescimento com o rendimento.

As estimativas de correlações simples ( $r$ ) para as combinações das variáveis estudadas são apresentadas na Tabela 2. Por meio da análise de correlação de Pearson entre as variáveis, verifica-se a existência de correlações significativas e positivas em relação às variáveis de crescimento e as características de produção.

	AHP***	DHP	NF	NH	CL	DL	NGL	NTL	MFL	MSL	MSG	QTG
AHP	1											
DHP	-0.32 <sup>ns</sup>	1										
NF	-0.27 <sup>ns</sup>	0.85**	1									
NH	-0.11 <sup>ns</sup>	0.61*	0.72**	1								
CL	-0.32 <sup>ns</sup>	0.41 <sup>ns</sup>	0.48 <sup>ns</sup>	0.22 <sup>ns</sup>	1							
DL	-0.54*	0.30 <sup>ns</sup>	0.53*	0.13 <sup>ns</sup>	0.28 <sup>ns</sup>	1						
NGL	-0.17 <sup>ns</sup>	0.28 <sup>ns</sup>	0.45 <sup>ns</sup>	0.29 <sup>ns</sup>	0.90**	0.15 <sup>ns</sup>	1					
NTL	0.38 <sup>ns</sup>	0.59*	0.50 <sup>ns</sup>	0.62*	0.18 <sup>ns</sup>	-0.15 <sup>ns</sup>	0.14 <sup>ns</sup>	1				
MFL	-0.10 <sup>ns</sup>	0.66**	0.69**	0.75**	0.40 <sup>ns</sup>	0.26 <sup>ns</sup>	0.27 <sup>ns</sup>	0.76**	1			

MSL	-0.05 <sup>ns</sup>	0.61*	0.62*	0.73**	0.22 <sup>ns</sup>	0.19 <sup>ns</sup>	0.13 <sup>ns</sup>	0.73**	0.94**	1		
MSG	-0.02 <sup>ns</sup>	0.49 <sup>ns</sup>	0.56*	0.82**	0.08 <sup>ns</sup>	0.17 <sup>ns</sup>	0.05 <sup>ns</sup>	0.57*	0.84**	0.87**	1	
QTG	0.39 <sup>ns</sup>	0.56*	0.59*	0.74**	0.04 <sup>ns</sup>	-0.04 <sup>ns</sup>	0.05 <sup>ns</sup>	0.85**	0.78**	0.80**	0.81**	1

\*, \*\*: correlação significativa a 5% e 1% probabilidade pelo teste t.

<sup>ns</sup>: correlação não significativa.

\*\*\* AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (número de folhas) e NH (número de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (número de grãos por legume), NL (número de legumes), MFL (Massa fresca de legumes), MSL (Massa seca de legumes), MFG (massa fresca de grãos), MSG (Massa seca de grãos) e NG (número de grãos).

Tabela 2. Correlações de Pearson entre os 15 genótipos de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) coletados em municípios do Recôncavo Baiano e Feira de Santana – BA.

O DHP x NL, apresentaram correlação significativa e positiva (0,59), o que demonstra que quanto maior o diâmetro da haste maior será o número de legumes. A variável DHP também tem correlação significativa e positiva com a MFL (0,66), MSL (0,61) e QTG (0,56).

O NF também apresentou correlação positiva e significativa com MFL, MSL, MSG e QTG com coeficientes de 0,69, 0,62, 0,56 e 0,59, respectivamente, bem como o NH, que apresentou com o NL (0,62), MFL (0,75), MSL (0,73), MSG (0,82) e QTG (0,74). No entanto, para as características morfológicas do legume houve apenas uma correlação significativa entre as variáveis: CL x NGL (0,90 com  $P < 0,01$ ), demonstrando que quanto maior o comprimento do legume maior será o número de grãos por legume.

Correlações positivas também foram observadas para as variáveis MSL x MSG e QTG, com os seguintes coeficientes: 0,87 e 0,80; isso implica que quanto maior for a massa seca de legumes maior será a massa seca de grãos e a quantidade total de grãos. Para as características NTL, MFL, MSL, MSG e QTG houve correlações significativas e positivas entre todas as variáveis. Dados estes, confirmados por Nakagawa et al. (1994), no qual afirmam que a produção de sementes se correlaciona com o número de vagens por planta.

As características morfológicas de crescimento como: AHP, DHP NF e NH, por meio de análises de medias como o Scott-Knott, são importantes para seleção de genótipos superiores, como também para determinar as diferenças encontradas entre os mesmos, demonstrando assim sua variabilidade para uma determinada característica, como pode ser observado na Tabela 3, na qual se verifica a formação de quatro grupos distintos para a variável AHP, indicando que há uma diferença de 9,5 cm entre o valor máximo (29,42 cm) no genótipo nove e mínimo (19,89 cm) no genótipo quatro.

Em estudo realizado por no mesmo período e ano deste trabalho, Silveira (2010) utilizando as variedades BRS Havana e o genótipo Vagem Lisa em diferentes densidades e formas de plantio, encontrou valores finais para AHP de 28,32 cm e de 30,42 cm, respectivamente. Tais valores não apresentaram grandes diferenças em relação ao genótipo nove observado neste trabalho.

Segundo Santos (2000), nas plantas do grupo Valencia ao qual pertence o cultivar Vagem lisa, a altura final mede em torno de 45,0 cm, ao passo que trabalhos realizados por Bellettini et al. (2001), com amendoim Tatu vermelho, cultivado no Paraná, observaram altura máxima de 40,3cm. Difere ainda, de valores encontrados por Gonçalves (2004) e Peixoto et al. (2008) nas condições do Recôncavo Baiano para a cultivar Vagem Lisa.

Plantas com maior diâmetro apresentam maior sobrevivência, principalmente pela maior capacidade de formação e de crescimento de novas raízes (SCALON et al., 2002), sendo muito importante a seleção de genótipos com maiores valores para esta característica.

A variável DHP promoveu a formação de apenas dois grupos sendo o valor máximo de 0,56 cm (genótipo um) e mínimo de 0,41 cm (genótipo 10). Contudo, o genótipo um, apresentou valores superiores aos encontrados por Silveira (2010), para o genótipo Vagem lisos (0,40 cm) e para a variedade Havana (0,42 cm), nas mesmas condições do Recôncavo Baiano.

O número de folhas por planta (NF) apresentou formação de três grupos, demonstrando assim, haver diferença entre os genótipos avaliados, sendo que o genótipo um, apresentou o maior valor (38,22), portanto, superior ao encontrado por Silveira (2010), no mesmo período (24,75) e nas mesmas condições.

Houve também a formação de três grupos para a variável NH, onde o genótipo um também foi superior, com 4,96 hastes. Resultado próximo foi encontrado em trabalho realizado por Peixoto et al. (2008), onde o maior valor encontrado foi de 5,5 hastes por planta. Segundo Silveira (2010) o aumento do número de ramificações secundárias e totais por planta, promove o aumento do número de ginóforos, o que poderá resultar na maior produção de legumes.

As características morfológicas (AHP, DHP, NF e NH) de crescimento podem ser consideradas descritores importantes para a distinção de genótipos superiores, pois apresentaram diferenças estatísticas, com a formação de diferentes grupos, demonstrando assim haver variabilidade entre os genótipos avaliados, os quais, os agricultores o cultivam como se fossem apenas uma única variedade.

GEN	AHP (cm)	DHP (cm)	NF	NH
1	23,10 c	0,56 a	38,22 a	4,96 a
2	22,84 c	0,52 a	28,36 b	4,04 c
3	20,89 d	0,49 a	22,02 c	3,86 c
4	19,89 d	0,50 a	25,14 c	4,18 c
5	24,01 c	0,51 a	28,34 b	4,16 c
6	22,20 d	0,50 a	29,50 b	4,32 b
7	25,93 b	0,52 a	29,58 b	4,10 c
8	25,76 b	0,49 a	31,66 b	4,52 b
9	29,42 a	0,47 b	29,20 b	4,50 b
10	29,08 a	0,41 b	26,76 c	4,16 c
11	26,39 b	0,44 b	25,62 c	4,02 c
12	24,39 c	0,52 a	26,84 c	4,04 c
13	23,82 c	0,45 b	29,46 b	4,36 b
14	24,37 c	0,44 b	24,56 c	3,84 c
15	24,78 c	0,47 b	25,90 c	4,06 c
CV(%)	29,71	29,45	31,23	20,07
Erro Padrão	1,02	0,02	1,24	0,11

\*Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

Tabela 3. Teste Scott-Knott para as variáveis: AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (número de folhas) e NH (número de hastes), em genótipos de amendoim tipo vagem produzidos por pequenos agricultores no Recôncavo Baiano, Cruz das Almas – BA.

Na região do Recôncavo Baiano é observado nos locais de comercialização do amendoim que existe uma grande variabilidade dos legumes vendidos na qual apresentam tamanho, diâmetro, forma e número de grão distintos. Esta observação pode ser confirmada pelos resultados apresentados na Tabela 4, por meio da análise morfológica dos legumes (CL, DL e NGL), quando aplicado o teste de análise de media Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Para o CL houve a formação de quatro grupos, tendo como comprimento máximo 4,21cm (genótipo cinco) e mínimo 2,45 cm (genótipo 11). Já, para a variável DL, houve apenas a formação de dois grupos, os quais apresentaram uma variação de 0,33 cm entre o valor máximo (1,32) e mínimo (1,09). Por sua vez, a variável NGL promoveu a formação de três grupos, sendo o genótipo 11, o que apresentou o menor valor, com apenas dois grãos por legume.

Diante dos resultados obtidos, a semelhanças das características de crescimento, pode se deduzir que a análise morfológica dos legumes por meio do seu comprimento, diâmetro e numero de grãos, podem ser também indicadores de variabilidade entre genótipos estudados, pois, segundo Godoy et al. (2000) cultivares de amendoim podem ser diferenciadas pelo padrão comercial das vagens e pelo número de sementes por vagem.

GEN	CL (cm)	DL (cm)	NGL
1	3.56 b	1.30 a	3.00 a
2	3.13 c	1.31 a	2.60 b
3	3.40 c	1.28 a	2.70 b
4	3.98 a	1.29 a	3.10 a
5	4.21 a	1.29 a	3.30 a
6	3.24 c	1.32 a	2.60 b
7	3.64 b	1.25 a	2.90 a
8	3.59 b	1.15 b	3.20 a
9	3.59 b	1.19 b	3.10 a
10	3.09 c	1.09 b	2.40 b
11	2.45 d	1.15 b	2.00 c
12	3.25 c	1.34 a	2.90 a
13	3.77 b	1.14 b	3.40 a
14	3.26 c	1.17 b	2.90 a
15	3.63 b	1.42 a	3.00 a
CV(%)	15.70	9.65	18.20
Erro Padrão	0,17	0,03	0,16

\*Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

Tabela 4. Teste Scott-Knott para as variáveis: CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (número de grãos por legume), em legumes de amendoim tipo vagem lisa, Conceição do Almeida – BA.

Os componentes da produção da planta (NL, NG, MFL, MSL e MSG) dos diferentes genótipos de amendoim tipo Vagem Lisa estudados não apresentaram em sua maioria, diferenças estatísticas entre si, a exceção do NL. Dessa forma, optou-se por apresentar apenas os genótipos que obtiveram os valores máximos e mínimos, dentre os componentes de rendimento avaliados (Tabela 5).

	GEN/ NL*		GEN/ NG <sup>ns</sup>		GEN/ MFL <sup>ns</sup>		GEN/ MSL <sup>ns</sup>		GEN/ MSG <sup>ns</sup>	
MIN	3 b	7,4	3 a	11	3 a	14	3 a	7,5	3 a	4
MAX	1 a	16,1	1 a	38,6	1 a	42	1 a	24,4	1 a	25
CV%	15,51		24,55		21,59		24,31		55,05	
Erro Padrão	6,07		18,60		17,73		11,60		17,45	

\*Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível de 5% de probabilidade de acordo com o teste Scott Knott.

Tabela 5. Valores máximos e mínimos dos genótipos de amendoim e respectivas variáveis: número de legumes (NL), número de grãos (NG), massa fresca de legumes (MFL), massa seca de legumes (MSL), massa seca de grãos (MSG).

O conjunto dos resultados apresentados é, possivelmente, uma decorrência do equilíbrio entre os componentes do rendimento, devido aos efeitos de compensação entre eles. Uma vez que o NL apresentou diferença significativa optou-se apresentá-lo em forma de gráfico (Figura 3), no qual o genótipo um apresentou melhor resultado tendo 16,1 legumes por planta.

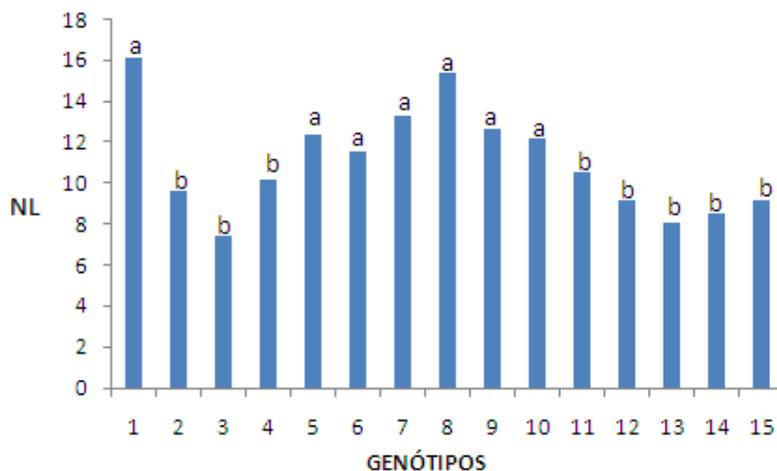


Figura 3. Teste Scott-Knott para as variáveis NL em amendoim tipo vagem lisa, Conceição do Almeida – BA.

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma. UPGMA é um método não-ponderado de agrupamento aos pares, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados (CRUZ; CARNEIRO, 2004).

De acordo com o dendrograma (Figura 4) obtido pelo agrupamento dos genótipos, segundo as variáveis morfológicas de crescimento: AHP, DHP, NF e NH, e morfológicas do legume: CL, DL e NGL. As distâncias genéticas entre os pares de genótipos variaram de 0,29 a 2,52. A menor distância foi obtida entre os genótipos 11 e 13 em quanto que os genótipos 1 e 14, foram o par mais divergente. Um aspecto a ser observado é que não houve a formação de nenhum grupo por meio do ponto de fusão, entretanto o genótipo um apresentou um isolamento em relação aos demais genótipos.

Siqueira (1993) e Carvalho (1994) sugerem como uma explicação para a baixa diversidade entre populações de locais distintos pode ser devida a sua origem a partir de uma população ancestral comum, ou ainda que essas populações possam ter sofrido ação antrópica, dispersão de frutos via animais e polinização cruzada.

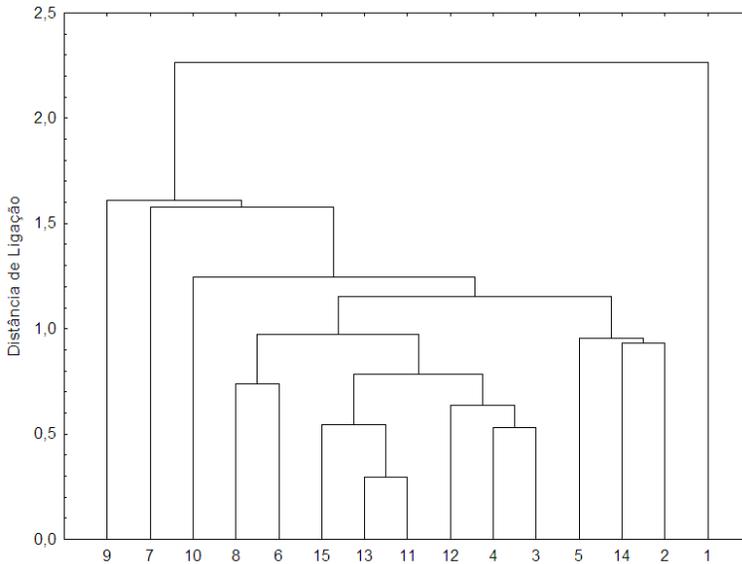


Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade entre os 15 genótipos de amendoim, produzidos por agricultores familiares do Recôncavo Baiano, agrupados pelo método UPGMA, utilizando as seguintes variáveis: AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (número de folhas) e NH (número de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (número de grãos por legume).

As características que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos estudados foram: NH (32,25%), NL (28,30%) e DHP (26,06%). A análise de agrupamento baseada no método de otimização de Tocher tem por objetivo a formação de grupos em que os valores das distâncias intragrupos sejam inferiores a quaisquer distâncias intergrupos (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

A aplicação do método de otimização via Tocher permitiu identificar a formação de dois grupos distintos (Tabela 6) tendo concordância assim com o método de UPGMA que embora não apresente a formação de grupos pelo ponto de fusão, tem o genótipo um como um grupo isolado dos demais, estes resultados demonstram que há baixa variabilidade entre os genótipos estudados.

Uma causa provável para essa baixa variabilidade pode estar em polinizações cruzadas ou misturas físicas, nas quais fazem com que as análises de todas as variáveis pelo método UPGMA e Tocher tendam a ter uma baixa dissimilaridade.

GRUPOS	GENÓTIPOS														
I	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
II	1														

<sup>(1)</sup>AHP (altura da haste principal), DHP (diâmetro da haste principal), NF (número de folhas) e NH (número de hastes), CL (comprimento de legume), DL (diâmetro de legume), NGL (número de grãos por legume).

Tabela 6 - Agrupamento de otimização entre 15 genótipos de amendoim, obtido pelo método Tocher, com base em oito características morfológicas<sup>1</sup>, utilizando-se a distância Euclidiana média. Conceição do Almeida – BA.

## 4 | CONCLUSÃO

Os métodos de UPGMA e Torch demonstram haver baixa variabilidade entre os genótipos, mas apresentam concordância na formação de grupos.

As características morfológicas podem ser consideradas descritores importantes para a distinção de genótipos superiores, pois apresentam diferenças estatísticas, pelo teste de Scott-Knott, com a formação de diferentes grupos, demonstrando assim haver variabilidade entre as características dos genótipos avaliados.

## REFERÊNCIAS

ALMEIDA, O. A. **Informações meteorológicas do CNP**: Mandioca e Fruticultura Tropical. Cruz das Almas – BA: EMBRAPA-CNPMP. 1999. 35p. (EMBRAPACNPMP. Documentos, 34).

BELLETTINI, N. M. T.; ENDO, R. M. Comportamento do amendoim “das águas”, *Arachis hypogaea* L., sob diferentes espaçamentos e densidades de semeadura. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 23, n. 5, p. 1249-1256, 2001.

CARNEIRO, M. S. **Influência do espaçamento no desenvolvimento do amendoim, cultivar Runner IAC 886**. 2006. Monografia (Graduação em Agronomia). Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

CARVALHO, P. E. R. Espécies florestais brasileiras: recomendações silviculturais, potencialidade e uso da madeira. Colombo: EMBRAPA-CNPQ; Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 1994. p. 199-204

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. p.103-165

CRUZ, C.D. Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística experimental (software). Viçosa: UFV, 2006.

FERREIRA, D. F. Sisvar: a Guide for its Bootstrap procedures in multiple comparisons. **Ciênc. Agrotec.** Lavras, v.38, n. 2, p.109-112, 2014.

GODOY, I.J.; MORAES, S.A.; ZANOTTO, M.D.; SANTOS, R.C. Melhoria do amendoim. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p.54-95 GOMES, F.P. *Curso de estatística experimental*. 14.ed. Piracicaba: F.P. Gomes, 2000.

GONÇALVES, J. A. **Arranjo espacial no crescimento e rendimento de amendoim em duas épocas de semeadura no Recôncavo Baiano**. 2004. 97p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias e Ambientais. Universidade Federal da Bahia.

NORDEN, A.J. Breeding of the cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). In: Peanuts-culture and uses. **American Peanut Research and Education Assoc.** Stillwater, Oklahoma, USA. 1973. p.175-208.

PEIXOTO, C. P.; GONCALVES, J. A.; PEIXOTO, M. F. S. P.; CARMO, D. O. Características agronômicas e produtividade de amendoim em diferentes espaçamentos e épocas semeadura no Recôncavo Baiano. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.563-568, 2008.

SANTOS, R.C.; MOREIRA, J.A.N.; FARIAS, R.H.; DUARTE, J.M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.55-59, 2000.

SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A.; BRITO, S. F.; MORAES, J. S. Fenologia de genótipos de amendoim dos tipos botânicos Valência e Virgínia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 32, n.6, p.607- 612, 1997.

SILVEIRA, P.S. **Época de semeadura e densidade de plantas em cultivares de amendoim no recôncavo sul baiano**. 2010. 112p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

SIQUEIRA, C. M. F.; NOGUEIRA, J. C. B.; KAGEYAMA, P. Y. Conservação dos recursos genéticos ex situ do cumbaru *Dipteryx alata* Vog. – Leguminosae. **Rev. Inst. Flor.**, São Paulo, v. 5, n. 2, p. 231-243, 1993.

SCOTT, A.; KNOTT, M. Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance. **Biometrics**, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512, 1974.

## **SOBRE O ORGANIZADOR**

**RENAN MONTEIRO DO NASCIMENTO** - Possui Graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado da Bahia - UNEB (2013). É Especialista em Gestão do Trabalho Pedagógico pela Faculdade Vale do Cricaré - FVC (2013); Especialista em Meio Ambiente e Sustentabilidade pela Faculdade Vale do Cricaré - FVC (2014); Possui Especialização em Análises Clínicas e Microbiologia pela Universidade Candido Mendes - UCAM (2016); Obteve seu Mestrado em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Estadual de Santa Cruz - UESC (2016). Em 2012 foi Pesquisador do Laboratório de Biologia da UNEB; De 2014 a 2016 atuou como Pesquisador no Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular do Centro de Biotecnologia e Genética (CBG) da UESC. Desenvolveu pesquisas na área de Microbiologia, Genética Molecular e Biologia Evolutiva, atuando principalmente nas seguintes linhas: microrganismos patogênicos presentes na água; citogenética animal de himenópteros; filogenia e evolução molecular de meliponíneos. Foi Docente no Ensino Fundamental no Colégio Alfa da Rede Pitágoras lecionando a disciplina de Ciências (2013-2014). Possui experiência no Ensino Médio ministrando a disciplina de Biologia no Colégio Polivalente de Caravelas (2017). De 2017 a 2020 foi professor no Centro Territorial de Educação Profissional do Extremo Sul (CETEPES) nas seguintes disciplinas: Biologia; Química; Anatomia e Fisiologia Humana; Bioquímica Básica; Imunologia Básica; Histologia; Hematologia; Bacteriologia; Microbiologia; Parasitologia; Biossegurança; Políticas Públicas em Saúde; Físico-Química; Metodologia do Trabalho Científico; Gestão de Qualidade, Saúde e Meio Ambiente; Monitoramento, Controle e Manutenção Ambiental; Aspectos e Impactos Ambientais. Foi Professor Substituto na Universidade Federal do Sul da Bahia - UFSB (2018-2020) atuando como Professor Tutor no Colegiado de Medicina da UFSB e lecionando as seguintes disciplinas: Biologia Celular; Genética Básica; Histologia e Embriologia; Concepção e Formação Humana; Sistemas de Controle Homeostáticos e Alostáticos; Bases Morfofuncionais Humanas. Atualmente cursa o Doutorado em Patologia Molecular na Faculdade de Medicina da Universidade de Brasília e é Pesquisador no Laboratório de Bioquímica e Química de Proteínas do Departamento de Biologia Celular e no Laboratório de Biologia e Conservação de Morcegos do Departamento de Zoologia no Instituto de Ciências Biológicas (IB) da UnB. O autor tem se dedicado a desenvolver estudos na linha de pesquisa "Bioquímica e Biologia Molecular de Microrganismos" realizando um estudo do viroma de morcegos para futuras publicações em periódicos nacionais e internacionais.

## ÍNDICE REMISSIVO

### A

Adolescentes 1, 4, 5, 6, 7

Agricultores 54, 71, 73, 74, 78, 79, 82

Amendoim 71, 72, 73, 77, 78, 79, 80, 81, 82, 83, 84

Anemia 1, 2, 3, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11

*Anomalocardia brasiliiana* (Gmelin, 1791) 18, 19, 27, 29

*Anomalocardia flexuosa* (Linnaeus, 1767) 18, 19

*Arachis hypogaea* L. 72, 77, 83, 84

### B

Bacia do rio mearim 38

### C

Caracterização morfológica 12, 13, 16

COI 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 38, 39, 42, 43, 45, 46, 49

Correlação 71, 72, 76, 77

Crescimento 1, 2, 3, 8, 9, 31, 33, 53, 55, 56, 57, 60, 62, 64, 65, 68, 69, 71, 75, 76, 77, 78, 79, 81, 84

Crianças 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10

### D

Deficiência de ferro 2, 3, 6, 7, 8, 9

Deficiência de micronutrientes 1, 2, 8

Divergência 18, 19, 23, 24, 25, 26, 44, 49, 82

DNA barcoding 18, 19, 20, 30, 52

DNA mitocondrial 38

Doenças mieloproliferativas-mielodisplásicas 31

### F

Fenologia 53, 55, 84

Flores 12, 14, 15, 38, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 48, 49, 50, 73

Foliar 53, 54, 55, 56, 62, 63, 65, 66, 67, 68

### G

Genética 1, 3, 4, 6, 7, 8, 11, 18, 22, 23, 24, 26, 33, 38, 40, 41, 42, 44, 48, 50, 51, 52, 73, 83, 85

Girassol 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70

## H

*Helianthus annuus* L. 54, 70

## I

Identificação 18, 19, 20, 22, 23, 25, 26, 27, 38, 40, 41, 42, 44, 46, 47, 49, 50, 51, 55, 75

Inflorescências 12, 13, 14, 15, 16, 17

## J

Janus Quinase 2 31

## L

Litoral 19, 20, 28, 29

## M

Manguezais 19

Matéria seca 53, 54, 55, 56, 62, 63, 64, 65, 67, 71

Molecular 22, 23, 26, 27, 28, 29, 31, 32, 34, 36, 37, 38, 40, 41, 42, 44, 46, 47, 49, 50, 51, 52, 85

Morfologia 17, 60, 69, 72

Mutação 31, 33, 34, 35, 36, 37

## N

Nordeste brasileiro 38, 39, 40, 47, 50, 54

## O

*Oenocarpus bataua* Mart 16

## P

Palmeira 12, 13

Patauá 12, 13, 14, 16

Peixes 8, 38, 39, 40, 42, 45, 46, 47, 50, 51, 52

Potencial produtivo 12, 16

## R

Recôncavo baiano 71, 72, 73, 74, 75, 77, 78, 79, 82, 84

## S

Semeadura 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 83, 84

Síndrome de Down 1, 2, 3, 6, 10, 11

Sinonimia 18

Sistemática 9, 19, 20, 25

## **T**

Técnicas de genotipagem 31

## **V**

Variabilidade 48, 50, 52, 60, 71, 72, 73, 76, 77, 78, 79, 82, 83

Variações 12, 15, 33, 48, 55, 57, 58, 62

# A GENÉTICA E A CONSTRUÇÃO DE NOVOS PARADIGMAS NAS CIÊNCIAS DA VIDA 2



[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br) 

[contato@atenaeditora.com.br](mailto:contato@atenaeditora.com.br) 

[@atenaeditora](https://www.instagram.com/atenaeditora) 

[www.facebook.com/atenaeditora.com.br](https://www.facebook.com/atenaeditora.com.br) 

 **Atena**  
Editora

Ano 2021

# A GENÉTICA E A CONSTRUÇÃO DE NOVOS PARADIGMAS NAS CIÊNCIAS DA VIDA 2



[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br) 

[contato@atenaeditora.com.br](mailto:contato@atenaeditora.com.br) 

[@atenaeditora](https://www.instagram.com/atenaeditora) 

[www.facebook.com/atenaeditora.com.br](https://www.facebook.com/atenaeditora.com.br) 

  
Ano 2021