

CAPÍTULO 6
**Conservação de recursos
genéticos vegetais**

Francis Julio Fagundes Lopes

Marlene Pires Moreira

Livia Cristina da Silva

Jheniffer Abeldt Christ

Introdução

Uma das maiores preocupações em relação à qualidade do ambiente tem sido a conservação da biodiversidade vegetal. O Brasil apresenta uma mega biodiversidade vegetal, abrigando cerca de 18.000 espécies endêmicas (ZAPPI et al., 2015), além de muitas espécies ameaçadas de extinção, o que já justifica a necessidade de estudos relacionados à conservação de recursos genéticos vegetais. Uma baixa biodiversidade vegetal representa uma grave ameaça à vida, assim como a perda de plantas com grande potencial para descoberta de biomoléculas para a produção de fármacos e defensivos agrícolas, por exemplo.

Em 1992, durante a Reunião ECO 92, países membros da Organização das Nações Unidas (ONU) discutiram ações para a conservação da diversidade biológica por meio da criação da Convenção da Diversidade Biológica (CDB). Em 2002, os países signatários da CDB estabeleceram um plano para a conservação da biodiversidade vegetal, denominado Estratégia Global para Conservação Vegetal (GSPC). Desde a ECO 92, esforços têm sido concentrados no Brasil e no mundo para catalogar e preservar a riqueza florística.

A conservação da diversidade genética de espécies cultivadas também é importante, visto que o melhoramento genético e o uso irrestrito de um pequeno número de cultivares para algumas espécies plantadas pode reduzir a heterogeneidade genética ao longo do tempo. Bancos de germoplasmas de espécies cultivadas, primitivas ou “crioulas” constituem um importante repositório para a introgressão de alelos relacionados à rusticidade, resistência e tolerância a estresses

bióticos e abióticos em variedades modernas. As principais atividades relacionadas aos estudos e à conservação dos recursos genéticos vegetais estão resumidas na Figura 1, sobre as quais iremos tratar neste capítulo.



Figura 1: Atividades relacionadas à conservação dos recursos genéticos vegetais

Fonte: elaborada pelos autores.

Coleta e catalogação dos recursos genéticos vegetais

A conservação dos recursos genéticos vegetais requer expedições a campo para levantamento e catalogação da flora por parte de profissionais qualificados em taxonomia vegetal. A taxonomia vegetal é um dos campos de estudo mais antigos da história da ciência, pois ela representa o

despertar da humanidade para a variabilidade de espécies e para a importância de conhecer, utilizar, preservar e usufruir os serviços ecológicos prestados pelas plantas.

Coleta e conservação de materiais botânicos para herbários

Todo esforço para conservação e uso dos recursos genéticos vegetais começa com as coletas por meio de expedições a campo. Informações acerca do indivíduo coletado, como tamanho, cor, cheiro, hábito e hábitat, são anotadas em um caderno de campo. Essas informações serão importantes para a identificação da espécie em questão. Cada indivíduo recebe um número de coletor somado às iniciais e ao sobrenome do coletor, que reflete o número de coletas realizadas.

Assim, cada coletor só pode ter uma planta com o mesmo número (por exemplo, J.A. Christ 01). A Figura 2 ilustra as etapas do preparo da amostra do espécime para a conservação em herbários botânicos na forma de exsicata. Os ramos são coletados – de preferência floridos e com frutos – e a amostra é, então, prensada entre jornais e uma placa de madeira ou prensa e colocada em estufa a 60°C por cerca de três dias. Depois de seca, a amostra é montada sobre cartolina, momento em que recebe uma etiqueta com as informações que o coletor disponibilizou, tais como: identificação taxonômica do espécime, local de coleta, nome do coletor, descrição da formação vegetativa e o tipo de ambiente em que foi coletada. Além disso, o espécime recebe um código único e universal. Por fim, a exsicata é depositada em um herbário, um local com umidade e temperatura controladas

que preservará a exsicata do ataque de pragas, comumente insetos, fungos ou bactérias.

Os herbários são análogos a “bibliotecas” de coleções de plantas, constituindo um registro permanente da biodiversidade. Além disso, são fontes de informações para trabalhos que envolvem pesquisas sobre diversidade biológica, botânica e recursos genéticos. Dessa forma, o herbário é um testemunho acerca da biodiversidade de determinada região. A manutenção de uma coleção em herbário permite, também, acompanhar a fenologia de cada espécie estudada, dando suporte para vários estudos, como os de produção de mudas, manejo florestal e escolha de espécies para reconstituição de áreas degradadas.

O taxonomista é o profissional que atua diretamente nos herbários, identificando as amostras depositadas e zelando pela sua preservação. A taxonomia se baseia na morfologia externa da planta, podendo incluir, também, características anatômicas dos órgãos, estudos de palinologia (pólen), entre outros. No herbário, a identificação ocorre principalmente pelo método de comparação. Ao descrever uma nova espécie, um material TIPO é designado. Esse material representa a espécie em relação à morfologia, sendo utilizado como base de comparação para identificar outros espécimes. Saber o nome de uma espécie é a base para todo e qualquer estudo envolvendo vegetais e, por isso, a nomenclatura científica é uma linguagem universal, visto que uma espécie apresenta apenas um nome reconhecido mundialmente, o que permite o diálogo entre especialistas de diversos países e diversas áreas do conhecimento.

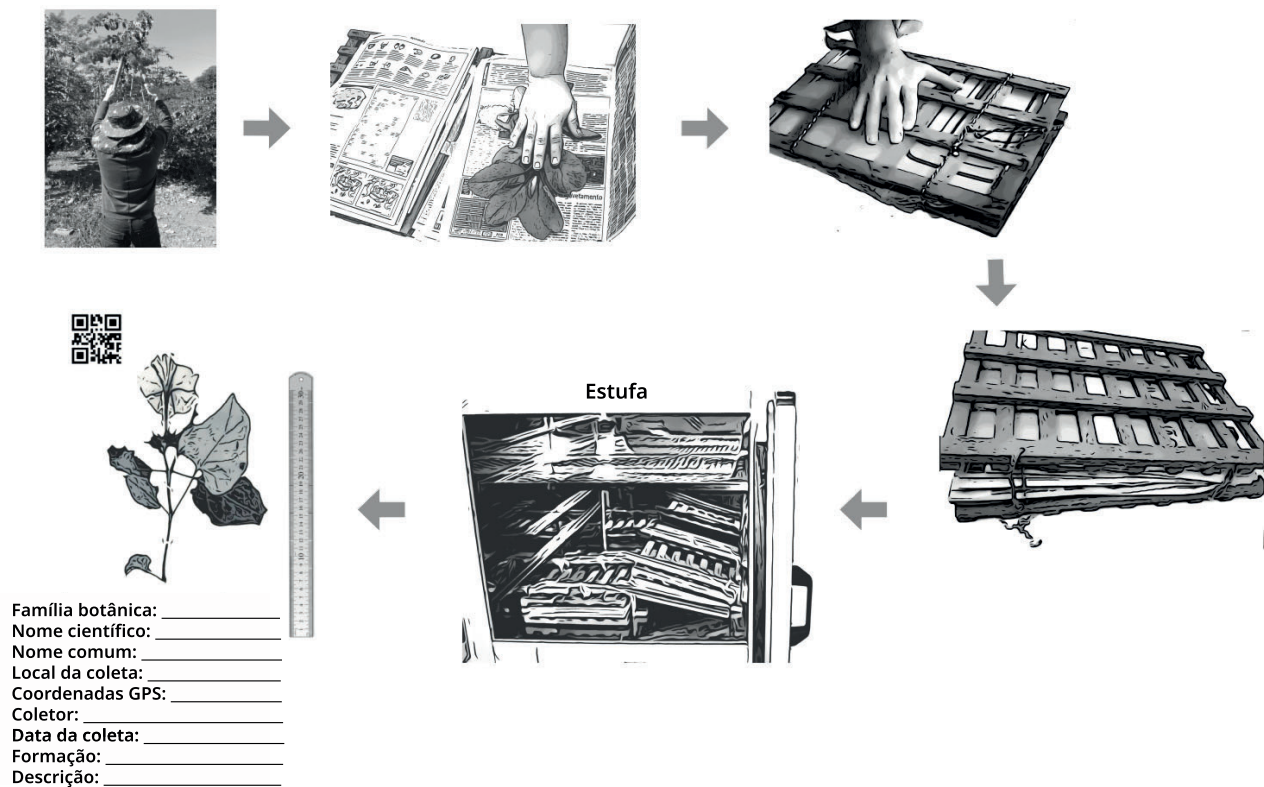


Figura 2: Coleta e preparo de exsicata de exemplar botânico para depósito em herbário

Fonte: elaborada por Francis Julio Fagundes Lopes, herborização, Ouro Verde de Goiás, junho de 2020.

Rede de informações da flora brasileira: inventários e herbários virtuais

O trabalho taxonômico de identificação e catalogação da flora brasileira data de meados do século XVIII. Na época, tiveram início as primeiras excursões de naturalistas estrangeiros e alguns poucos botânicos brasileiros, em que as coletas de espécies da flora brasileira eram enviadas para herbários europeus (“Flora Brasiliensis”). Desde 2010, por meio do Edital Re flora, lançado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), teve início um trabalho

intensivo de resgate de imagens e outras informações para a construção do Herbário Virtual Brasileiro Reflora.¹ Esse projeto contou com o apoio de vários herbários europeus e americanos para o repatriamento de informações acerca de espécies brasileiras depositadas em herbários, museus e outras instituições no exterior. Desde então, milhares de imagens de espécies da flora brasileira já foram repatriadas a partir do Jardim Botânico de Nova York, do Jardim Botânico da Universidade de Missouri, do Jardim Botânico de Kew e do Museu de História Natural de Paris (FIORAVANTI, 2015).

Desde 2008, no âmbito das GSPC (do inglês Global Strategy for Plant Conservation, instituídas em 2002),² o Jardim Botânico do Rio de Janeiro tem coordenado a elaboração de um inventário acerca das plantas, fungos e algas ocorrentes no Brasil, denominado “Lista das espécies da Flora do Brasil”. O projeto envolveu cerca de 400 taxonomistas dedicados ao levantamento de todas as espécies de plantas, fungos e algas encontrados no Brasil. Desde 2010, essas informações têm sido reunidas no *website* da Lista de Espécies da Flora Brasileira, em um sistema *on-line* que passa por constantes atualizações com a catalogação de fungos, briófitas, algas, samambaias, licófitas, gimnospermas e angiospermas. O projeto foi encerrado em novembro de 2015, com a publicação de cinco artigos e uma base de dados disponível para

1 O herbário virtual pode ser acessado pelo *link*: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/herbarioVirtual/ConsultaPublicoHVUC/ConsultaPublicoHVUC.do>.

2 CONVENÇÃO sobre diversidade biológica = CONVENTION on biological diversity. 7-19 abr. 2002. Disponível em: <https://www.cbd.int/doc/meetings/cop/cop-06/information/cop-06-inf-21-add1-en.pdf>. Acesso em: 1 jul. 2020.

consulta *on-line*³ (REFLORA, 2020; COSTA; PERALTA, 2015; PRADO et al., 2015; ZAPPI et al., 2015). A partir de 2016, novas metas foram estabelecidas pela GSPC-CDB, dando origem ao projeto Flora do Brasil 2020,⁴ que integra a base de dados do Reflora. Essa base é reconhecida internacionalmente como a mais rica do mundo e tem como objetivo disponibilizar descrições, chaves de identificação e ilustrações para todas as espécies de plantas, algas e fungos conhecidos para o país. Além disso, também busca catalogar as espécies do Brasil, disponibilizar informações nomenclaturais e de distribuição geográfica, como abrangência no Brasil, endemismo e domínios fitogeográficos e incluir dados sobre formas de vida, substrato e tipos de vegetação de ocorrência.

O conhecimento de distribuição e ocorrência das espécies nos diferentes domínios fitogeográficos no Brasil permite gerir políticas para a criação de áreas de conservação *ex situ* e o uso sustentável da biodiversidade. Devido às dimensões continentais e à mega biodiversidade florística no Brasil, é fundamental coordenar e integrar os trabalhos de catalogação, com emprego de recursos humanos qualificados e computacionais e com investimento contínuo nas chamadas E-Infraestruturas, a exemplo do portal speciesLink⁵ (CANHOS et al., 2015).

3 N.E.: Disponível em: <https://ckan.jbrj.gov.br/dataset/floradobrasil>. Acesso em: 25 set. 2023.

4 Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/ConsultaPublicaUC/ConsultaPublicaUC.do#CondicaoTaxonC>.

5 N.E.: Disponível em: <https://specieslink.net/>. Acesso em: 25 set. 2023.

Conservação do germoplasma

Os bancos de germoplasma preservam a variabilidade genética das populações de plantas, constituindo bancos vivos de genes. Neste tópico, apresentamos conceitos fundamentais à conservação e caracterização do germoplasma de plantas.

Bancos de germoplasma

Enquanto os herbários constituem coleções de exsicatas de espécimes vegetais preservadas para estudos taxonômicos e de registros de ocorrências de espécies em domínios fitogeográficos para décadas ou centenas de anos, os bancos de germoplasmas estabelecem repositórios de exemplares de estruturas vegetativas ou reprodutivas vivas de um organismo – ou, até mesmo, do próprio organismo – que podem ser utilizadas para uma futura recuperação da variabilidade genética. No caso de plantas, as estruturas que podem ser consideradas germoplasmas são sementes, bulbos, miniestacas, embriões, pólen, óvulos, tecidos e células somáticas. A conservação de germoplasmas se dá de três diferentes maneiras: *in situ*, *ex situ* e *on farm* (CRISTINA et al., 2019).

Conservação *in situ*, *ex situ* e *on farm*

A conservação de espécies vegetais *in situ* se dá pela preservação da vegetação nativa em propriedades rurais, na forma de Área de Proteção Permanente (APP), de reserva legal e por meio de proteção federal ou estadual de parte representativa do bioma na forma de parques e reservas. Essas ações para conservação *in situ* visam à proteção e recuperação de partes do ecossistema que foram, ao longo do tempo, eliminadas por atividades econômicas, como o extrativismo de

madeira, a mineração e a formação de pastos para a pecuária e pela agricultura.

A conservação *ex situ* de uma coleção de germoplasmas, portanto fora do local de ocorrência natural da espécie, pode se dar pelo cultivo dessa espécie em hortos botânicos e viveiros ou por meio da preservação de propágulos por criopreservação ou crescimento mínimo (cultivo *in vitro*). A conservação *ex situ* é muito importante para salvar espécies nativas ameaçadas de extinção devido a ações antrópicas, como a intensa fragmentação de hábitat (gerada pela expansão desordenada de empreendimentos imobiliários), formação de pastos, agricultura extensiva com monocultura, uso indiscriminado de defensivos agrícolas que possam afetar a microbiota do solo e a vida de insetos polinizadores, ou, ainda, pelas mudanças climáticas em curso. A conservação *ex situ* de germoplasma de espécies nativas, principalmente as que apresentam elevado endemismo, possibilita ações futuras de reflorestamento e recuperação de áreas degradadas. Endemismo se refere a uma condição na qual uma espécie está restrita a uma região geográfica particular como resultado de uma combinação de fatores abióticos ou de isolamento geográfico (ENDEMISMO, 2010).

No caso de espécies cultivadas ou domesticadas, a conservação *in situ* se dá, comumente, pela preservação das espécies que se adaptaram a um local particular ao longo do tempo, seja pela influência das atividades de agricultura ou pelo intercâmbio de materiais entre as famílias rurais locais. Em uma propriedade rural familiar, podem-se encontrar variedades mais primitivas ou “crioulas”, que são uma importante

fonte de variabilidade genética natural à qual se pode recorrer para a recuperação de características desejáveis em programas de melhoramento genético de espécies cultivadas. Dessa forma, é comum o uso do termo "conservação *on farm*" para fazer referência à conservação *in situ* de recursos genéticos relativos às espécies cultivadas em diferentes graus de domesticação, devido à manipulação genética involuntária e sujeita aos componentes socioculturais típicos do modo de vida no campo (CRISTINA et al., 2019).

Em programas de melhoramento genético de plantas cultivadas, as coleções de germoplasmas conservadas *ex situ* facilitam os trabalhos de cruzamentos e seleções. Por exemplo, o programa de melhoramento genético para a cana-de-açúcar, conduzido pela Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (Ridesa), possui coleções de germoplasmas distribuídos nas universidades que compõem a rede, além de estações de cruzamento e seleção de novos clones (RIDESA, 2020).

A conservação de recursos genéticos de espécies cultivadas por meio de bancos de germoplasmas visa preservar a variabilidade genética da espécie, a qual pode ser explorada para a triagem de genes e QTLs (Quantitative Trait Locus) para características de interesse do melhorista, como a resistência a doenças, tolerância a estresses abióticos, altura, produtividade de grãos etc.

Contudo, o melhoramento genético e a adoção de poucas cultivares oriundas desse processo pode ocasionar a vulnerabilidade da cultivar devido à evolução dos patógenos e pragas

ao longo dos anos. Nesse sentido, os bancos de germoplasma de espécimes vegetais podem ser acessados para a triagem de genes de resistência sempre que um fitopatógeno e suas variantes ressurgirem. Um exemplo disso é o patossistema bananeira x *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4 (raça tropical 4). Em 2019, foi emitido na Colômbia um alerta para a possível recorrência da pandemia da fusariose da bananeira, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* TR4 (raça tropical 4) (INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERAÇÃO PARA A AGRICULTURA, 2019). Acredita-se que a fusariose da bananeira teria surgido, a princípio, na Ásia, onde o fungo coevoluiu com a cultura da banana. A fitopatogênese desse fungo, que normalmente vive no solo, caracteriza-se pela murcha das folhas e morte das plantas devido à invasão do sistema vascular. A doença é de difícil controle, uma vez que as plantas infectadas demoram muito a manifestar a doença, elevando a transmissão na fase assintomática. Na década de 1950, plantações foram dizimadas na América Central devido ao intercâmbio e cultivo em grande escala de um material praticamente clone de uma única variedade, a Gros Michel ou “Big Mike”, que produzia frutos maiores e de maior longevidade até a comercialização. Essas características promoveram sua rápida adoção no sistema de monocultura intensiva, associada ao uso, também intensivo, de adubos químicos e defensivos agrícolas que degradaram a qualidade do solo, empobrecendo a biodiversidade da microbiota que faz o controle biológico natural do *Fusarium oxysporum* TR4. Na década de 1960, a variedade Cavendish surgia como referência na cultura da banana. Em pouco tempo, clones oriundos da variedade Cavendish foram amplamente adotados, novamente em sistema de monocultivo, repetindo a ocorrência das condições

para o surgimento do *Fusarium oxysporum* TR4. Na década de 1990, o ressurgimento da fusariose dizimou plantações de bananeiras e ficou conhecida como mal-do-Panamá (GRAY, 2020). Nesse contexto, os sistemas de produção orgânica e os Sistemas Agroflorestais de Cultivo (SAFs) têm recebido grande atenção. Esses sistemas se fundamentam na preservação da biodiversidade no local de cultivo, o que contribui para o controle natural de doenças (LOMBA; CASTRO, 2017).

Embora a conservação *ex situ* seja muito importante, ela consegue garantir apenas parte da biodiversidade que potencialmente poderia ser alcançada na situação *in situ*, uma vez que esta abriga a complexidade das múltiplas interações solo-clima-microrganismos-plantas-animais, situação que a conservação *ex situ* não poderia abarcar (CHANDRA; ENESPA, 2019).

Outro aspecto importante a se considerar em relação à conservação *ex situ* é que uma planta mantida nessa condição pode, eventualmente, acumular mudanças morfológicas ou fisiológicas em relação às plantas que crescem na condição *in situ*. Essas alterações podem ser de ordem genética – quando ocorrem alterações nas sequências de bases do DNA – ou epigenéticas. Neste último caso, as mudanças observadas resultam de alterações nos padrões de expressão de genes devido a mudanças no estado de metilação do DNA ou das histonas (STELPFLUG et al., 2014; TRICKER et al., 2012; KAEPLER; RHEE; KAEPLER, 2000; KITIMU et al., 2015). A condição de conservação *ex situ* que mais pode propiciar alterações do tipo epigenética é o cultivo *in vitro*, que utiliza técnicas

de cultura de tecidos vegetais, tema abordado no próximo capítulo deste livro.

Conservação *ex situ* de sementes

Os propágulos mais utilizados para a conservação de germoplasma são as sementes. Por isso, a compreensão da fisiologia de sementes, da estrutura genética da população e do sistema de reprodução da espécie a ser conservada são importantes para o estabelecimento de coleções de germoplasmas de sementes.

A representatividade genética populacional de uma espécie por meio da coleção de sementes tem relação com o modo de reprodução das plantas. Espécies autógamas, ou seja, as que apresentam autopolinização para o desenvolvimento do fruto, tendem a ter baixa variabilidade genética (EHLERS; PEDERSEN, 2008) e podem ser representadas por uma quantidade bem menor de sementes em um banco de germoplasmas de sementes. Essa premissa se estende às espécies que apresentam propagação vegetativa, que podem ser geneticamente representadas por uma pequena quantidade de bulbos ou mini estacas. Por outro lado, espécies alógamas tendem a apresentar populações geneticamente mais complexas devido à polinização cruzada, o que, na prática, exigiria uma maior quantidade de sementes na coleção.

A longevidade das sementes tem relação com sua história evolutiva e com a ecologia das espécies. Existem sementes muito longevas, que podem aguardar por anos, décadas ou séculos para germinarem, e outras cuja longevidade é curta (semanas ou meses). Sementes de *Silene stenophylla*, uma

planta nativa da Sibéria, enterradas por cerca de 32 mil anos a 38 metros de profundidade no *permafrost* (pergelissolo) puderam ser germinadas e deram origem a plantas que cresceram e floresceram (KAUFMAN, 2012).

A longevidade da semente resulta da combinação de sua fisiologia com as condições ambientais em que ela permanece armazenada. Um dos fatores fisiológicos é o grau de umidade mínimo atingido na sua maturidade fisiológica que elas podem suportar, sem que o embrião sofra danos fisiológicos. Conforme o grau mínimo de umidade suportável pelo embrião, as sementes são tecnicamente classificadas em ortodoxas, intermediárias ou recalcitrantes (BARBEDO; CENTENO; RIBEIRO, 2013; ROBERTS, 1973).

As sementes ortodoxas toleram níveis mínimos de umidade em torno de 10%, sem sofrer danos. Isso permite que os embriões permaneçam vivos, com um metabolismo basal extremamente baixo, e que elas sejam menos suscetíveis ao ataque de patógenos durante o seu armazenamento. Por outro lado, as sementes recalcitrantes não toleram grandes reduções do seu teor de umidade, o qual deve ser mantido relativamente alto (em torno de 30%). As intermediárias se situam entre as ortodoxas e as recalcitrantes em termos de teor mínimo de umidade tolerada. O requerimento por maior teor de umidade para que o embrião permaneça vivo implica maior susceptibilidade ao ataque de patógenos, como fungos e bactérias, e também taxas metabólicas mais elevadas, ocasionando consumo mais rápido de reservas e, portanto, menor longevidade durante o armazenamento.

A dormência das sementes é um estado de repouso fisiológico em que o embrião se encontra em estado latente (quiescente). Também denominado de criptobiose, esse estado pode ocorrer em algumas plantas, animais e microrganismos sob condições ambientais extremas ou desfavoráveis. A dormência em sementes pode ocorrer mesmo em condições ambientais favoráveis, nas quais as sementes de várias espécies não germinam devido a uma série de fatores intrínsecos, que, por sua vez, constituem mecanismos bloqueadores da germinação e estão relacionados à estrutura e à presença de inibidores químicos na semente. Na natureza, a dormência apresenta duas vantagens naturais para as plantas: impedir que a semente germine em períodos desfavoráveis para a sobrevivência da plântula no ambiente e impedir a viviparidade (germinação da semente enquanto ela ainda está ligada à planta-mãe).

Pode-se, ainda, classificar a dormência em dois tipos: primária ou secundária (KHAN, 1980). Na dormência primária, o estado dormente é adquirido durante a formação da semente e pode se dar por pelo menos três razões:

1. Mesmo após a liberação da semente, o embrião precisaria terminar o seu desenvolvimento;
2. A presença de estruturas em torno do embrião, como o tegumento, que dificultariam a absorção de água, a difusão de oxigênio para o embrião respirar ou mesmo a difusão de inibidores da germinação para o meio externo;
3. Devido ao acúmulo de inibidores no tecido embrionário (ABA e compostos fenólicos como taninos, ácido

clorogênico, ácidos ferúlicos, entre outros) ou, ainda, à falta de alguma substância promotora.

Já a dormência secundária é adquirida após a dispersão da semente, quando o meio não possui as condições adequadas para a germinação (KHAN, 1980).

A conservação de germoplasma a partir de sementes dormentes conta, portanto, com essa propriedade da dormência natural, encontrada em muitas espécies. Contudo, a viabilidade das sementes deve ser periodicamente avaliada para determinar o limite máximo de tempo em que o banco de germoplasma para uma certa espécie se mantenha viável. Testes de germinação periódicos em substratos, com TTC (cloreto de 2,3,5 – trifenil tetrazólio) e de respirometria, podem indicar a viabilidade das sementes armazenadas.

A Figura 3 ilustra o mais famoso banco de germoplasmas de sementes do mundo, que fica na Noruega e foi inaugurado em 2008, o banco (ou cofre) de sementes de Svalbard.⁶ Ele fica instalado na escavação de uma montanha rochosa com *permafrost* e temperatura estável em torno de 3°C, contando com um sistema adicional de refrigeração interna que mantém a temperatura estável em torno de -18°C. O banco inclui sementes de mais de 5 mil espécies de plantas de interesse agrônômico, alimentar e científico.

6 Disponível em: <https://www.seedvault.no/>.



Figura 3: Cofre de sementes de Svalbard, na Noruega

Fonte: Miksu.⁷

Em estudos de caracterização funcional de genes, bancos de germoplasmas de sementes de plantas modelo disponibilizam acessos com diferentes “backgrounds” genéticos, o que é extremamente importante em termos de pesquisa básica nas áreas de fisiologia e genética e tem possibilitado a elucidação da função de vários genes de plantas, desde o início dos projetos relacionados ao estudo do genoma funcional das plantas. Plantas modelo possuem genomas relativamente pequenos e menos complexos, permitindo estudos de genes e do metabolismo, os quais podem ser extrapolados para plantas de difícil estudo. Um exemplo de banco de germoplasma de planta modelo é o banco de sementes de mutantes de *Arabidopsis thaliana* (ARABIDOPSIS BIOLOGICAL RESOURCE CENTER, 2020). Esses bancos de sementes de mutantes de plantas modelo para estudos genéticos, fisiológicos, entre outros, são acessados por pesquisadores do

⁷ Imagem sob licença Creative Commons 3.0. Disponível em: [https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Global_Seed_Vault_\(cropped\).jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Global_Seed_Vault_(cropped).jpg).

mundo inteiro. Para cada acesso depositado nesses bancos, as sementes podem ser solicitadas mediante o pagamento de uma taxa, que é utilizada para a sua manutenção contínua.

Caracterização dos recursos genéticos vegetais

Na natureza, as variedades (categoria taxonômica infraespecífica) de plantas ocorrem naturalmente por polinização natural ou por cruzamentos controlados pelo homem. Esses cruzamentos originam os genótipos, que podem ser selecionados para cultivo ou para novos ciclos de cruzamento e seleção. Nesse sentido, é imprescindível a caracterização dos recursos genéticos para o manejo adequado da biodiversidade.

A caracterização dos recursos genéticos para manejo da flora, recomposição de sua biodiversidade, repatriamento de espécies ameaçadas de extinção e estimativa da diversidade genética da coleção leva em consideração critérios de classificação sistemática (dados taxonômicos, filogenéticos, ecológicos e paleontológicos). Em se tratando de plantas cultivadas, a caracterização também pode reunir informações mais aplicadas para o uso em programas de melhoramento genético, tais como produtividade, marcadores genéticos e caracteres agronômicos de interesse. A caracterização da coleção de germoplasmas serve também para a identificação de material biológico redundante na coleção, afinal, a coleção de germoplasmas se trata também de uma coleção de genes.

Quando caracterizamos, de forma quantitativa ou subjetiva, os aspectos morfológicos, anatômicos, moleculares ou

fisiológicos de um determinado germoplasma, passamos a ter a informação do que chamamos de “descritores”. Eles são, portanto, as características descritas para cada acesso do banco de germoplasma. A lista de descritores para cada acesso do banco de germoplasma compreende um registro muito importante para a identificação e a valoração dos germoplasmas, de forma a orientar a escolha das espécies ou variedades de interesse. Quando se trata de germoplasma de espécie ainda não caracterizada, a caracterização começará pela definição dos descritores a serem utilizados para a espécie em questão. Normalmente, os responsáveis pela caracterização de um germoplasma são pesquisadores e curadores de coleções de germoplasmas. A escolha dos descritores mais adequados normalmente é feita mediante consulta às diretrizes da International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV). A definição dos melhores descritores envolve discussões amplas entre especialistas que trabalham com a família e o gênero botânico do germoplasma em questão, quando se trata de espécies muito singulares.

O material genético (ácido nucleico) não faz parte de uma coleção ou banco de germoplasma vegetal, pois não é possível, apenas a partir dele, recuperar uma planta. Ainda assim, coleções *ex situ* de DNA, mantidas em ultra-freezers, servem para os estudos de caracterização de espécies ou populações por meio de marcadores moleculares, construção de bibliotecas genômicas para estudos de genoma estrutural e clonagem de genes para estudos funcionais. A caracterização da variabilidade genética de uma coleção de germoplasmas por seu DNA, previamente extraído e mantido em ultra-freezers, possibilita a redução do número de acessos repetidos

na coleção, a condução de estudos de taxonomia molecular e de estruturação populacional de uma espécie e a triagem de genes e QTLs relacionados a características particulares.

Caracterização morfoagronômica

A caracterização morfoagronômica consiste na anotação de descritores botânicos facilmente observáveis a olho nu (caracteres qualitativos) ou mensuráveis, fundamentados em marcadores fenotípicos herdáveis, igualmente expressos em diferentes ambientes e que podem representar algum interesse agrônomo. Os descritores morfoagronômicos devem se basear em características altamente herdáveis, controladas por poucos genes e com pouca ou nenhuma interação do tipo “genótipo x ambiente”, ou seja, com expressão uniforme, independentemente do ambiente em que a cultura esteja inserida (BURLE; OLIVEIRA, 2010).

A caracterização morfoagronômica é feita assim que o germoplasma é incorporado à coleção e permite estimar a variabilidade e a integridade deste, além de nortear o planejamento de diretrizes para sua conservação, bem como reduzir os custos de manutenção. Existem diversos descritores morfológicos definidos para cada espécie ou para espécies semelhantes, tais como período de floração e frutificação, tipos de flores, frutos, folhas e sementes (RANGEL et al., 2013). A caracterização morfológica deve seguir padrões mundiais, pois facilita o intercâmbio e a utilização do germoplasma. A escolha dos descritores deve abranger características distintas da planta (hábito de crescimento, ciclo da planta, caracteres da folha, do caule, da flor, dos frutos e das sementes); A variabilidade dentro

da amostra avaliada não deve permitir ambiguidades para ser de fácil aplicação (BURLE; OLIVEIRA, 2010).

Para a descrição morfológica, deve-se consultar o *site* do Bioversity International (CONSULTATIVE GROUP ON INTERNATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH, 2023), no qual é possível verificar se existe um catálogo publicado de descritores. Trata-se de uma instituição internacional de pesquisas, relacionada à conservação e à utilização dos recursos genéticos, e que pertence ao sistema Consultative Group on International Agricultural Research (CGIAR) (GOTOR; TSIGAS, 2011). Caso não haja descritores morfológicos catalogados para a espécie estudada, devem-se tomar por base espécies semelhantes (mesmo gênero ou família) que já possuam uma lista publicada pelo Bioversity International. Pode-se tomar como exemplo a caracterização morfológica realizada no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) para acessos de feijoeiro, da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás (GO). Esse BAG apresenta mais de 15 mil acessos de feijoeiro armazenados na sua coleção base, tornando-se de grande importância para a sua conservação *ex situ*.

Tomando por exemplo o feijão, são utilizados nesse BAG os descritores de ambiente e local, bem como os descritores de caracterização recomendados pela Bioversity International (RANGEL et al., 2013). Os descritores de ambiente e local utilizados são: país de caracterização, instituição onde o acesso foi caracterizado, caracterização do local de avaliação (coordenadas geográficas, dados de solo e clima) e datas da semeadura e coleta. Já entre os descritores de caracterização dos acessos, podemos citar: cor predominante das

flores, comprimento do folíolo central, número de vagens por planta, comprimento e largura da vagem, floração e hábito de crescimento, como exemplificado na Figura 4.

A identificação, a diferenciação e a separação dos acessos, etapas necessárias à composição de uma coleção nuclear (*core collection*), utilizam dados fenotípicos e ecogeográficos de descritores que serão comparados aos pares para avaliar a similaridade/dissimilaridade entre eles, podendo estimar um coeficiente de parença, o qual permite verificar o grau de parentesco entre os acessos.

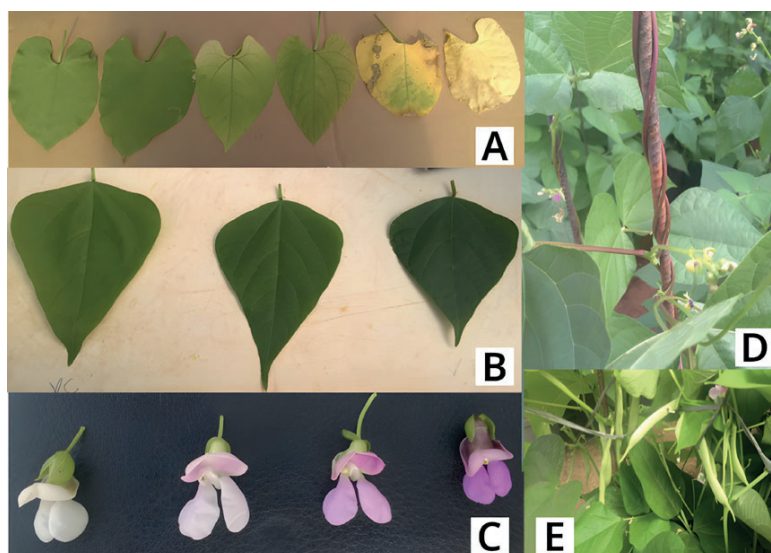


Figura 4: Alguns descritores morfológicos utilizados para estimar o coeficiente de parença entre acessos de feijoeiro comum. Na porção “A”, senescência da folha primária; na “B”, cor da folha; na “C”, cor da flor; na porção “D”, antocianina no caule; e, na “E”, fase reprodutiva

Fonte: fotos produzidas por Livia C. da Silva durante aula prática de manejo e conservação de recursos genéticos (2016).

Caracterização molecular

Os descritores morfológicos podem limitar o conhecimento da variabilidade genética das espécies em estudo, pois descrevem somente características altamente herdáveis e pouco influenciáveis pelo ambiente. A caracterização molecular, por meio de marcadores moleculares, permite conhecer os aspectos genotípicos dos acessos dos bancos de germoplasma. As etapas da caracterização dos acessos de um banco de germoplasmas de sementes estão descritas na Figura 5. Essas etapas envolvem o resgate das sementes que foram previamente acondicionadas em uma câmara fria, o plantio das sementes em substrato – tomando cuidado com a correta identificação de cada acesso em cada vaso de plantio –, a obtenção de amostras de ácido nucleico de cada acesso – normalmente feita a partir de material foliar –, a escolha dos marcadores a serem utilizados e a aplicação da técnica envolvendo o marcador em questão.

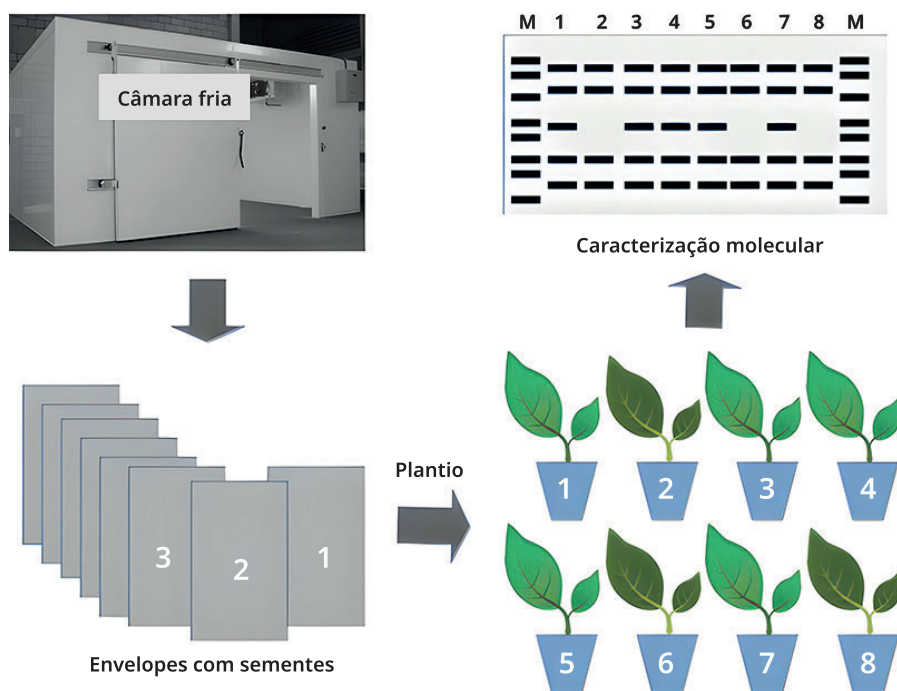


Figura 5: Etapas da estimativa da variabilidade genética de um banco de germoplasma de sementes por meio de marcadores moleculares polimórficos

Fonte: elaborada por Francis Julio F. Lopes. Ícone de câmara fria criado por Good Ware – Flaticon. Licença de uso gratuita.

Marcadores moleculares podem identificar o polimorfismo detectado na sequência do DNA, em uma região expressa ou não do genoma, revelando diferenças presentes no mesmo gene (variabilidade genética) dos indivíduos analisados (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1996) e permitindo distinguir indivíduos homocigotos de heterocigotos.

Os marcadores moleculares comumente utilizados em análise molecular são os AFLP (polimorfismo de comprimento de fragmentos amplificados), RAPD (polimorfismo de DNA amplificado aleatoriamente), microssatélites ou SSR (repetições de sequência simples), RFLP (polimorfismo de comprimento de

fragmentos de restrição) e os SNPs (polimorfismo de um único nucleotídeo). Destes, SSRs e SNPs são considerados marcadores co-dominantes, enquanto RAPD e AFLP são considerados dominantes. SNPs podem distinguir indivíduos que diferem em apenas um nucleotídeo na sequência de DNA, codificadora ou não. Os SNPs mais comuns são os de transição (em que uma base púrica é substituída por outra púrica) e de transversão (em que uma base púrica é substituída por uma pirimídica, ou vice-versa) (WEISING et al., 2005). A descrição molecular permite, com maior segurança, descrever as diferenças entre os acessos e obter mais informações úteis ao melhoramento genético, além de servir como complementação a técnicas morfológicas, bioquímicas e citológicas (WEISING et al., 2005).

Caracterizações morfológicas, agrônômicas e bioquímicas são alternativas à caracterização molecular. Contudo, vale ressaltar que essas estratégias não são tão precisas, uma vez que a maioria dos caracteres tem natureza quantitativa e herdabilidade variável, demandando experimentos maiores, tempo mais longo para avaliação em campo e diferentes localidades para investigar o efeito de ambiente. Por outro lado, a caracterização molecular demanda estrutura laboratorial, mão de obra qualificada e insumos relativamente caros, mas cobrirá com precisão e maior rapidez a estrutura genética de uma população ou da coleção de um germoplasma.

Considerações finais

A conservação dos recursos genéticos vegetais é um tema de grande importância para a preservação da biodiversidade dos biomas e para a agricultura. As coleções de germoplasmas

devem preservar ao máximo a variabilidade genética, viabilizando ações que possibilitem a recomposição de biomas ameaçados pela perda das espécies vegetais endêmicas. Os bancos de germoplasmas representam um potencial muito grande para a pesquisa e para o desenvolvimento de novos fármacos, além de outras substâncias de interesse biotecnológico, operando por meio da bioprospecção de novas biomoléculas provenientes do metabolismo secundário das plantas. No aspecto agrônomo, podem ser a fonte de progenitores para o desenvolvimento de novas variedades melhor adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas de cada região do país. Em tempos de evidências incontestáveis dos efeitos das mudanças climáticas, a produtividade de espécies cultivadas e a resiliência das espécies nativas dependem da biodiversidade e da variabilidade genética preservadas nos bancos de germoplasmas.

Nesse sentido, entidades científicas e governamentais devem atuar em conjunto, fomentando estudos e políticas ambientais voltadas à conservação dos recursos genéticos, visando à sua preservação e ao uso sustentável.

REFERÊNCIAS

- ARABIDOPSIS BIOLOGICAL RESOURCE CENTER. **Arabidopsis**. Columbus, OH: The Ohio State University. Disponível em: <https://abrc.osu.edu/>. Acesso em: 19 jun. 2020.
- BARBEDO, Claudio J.; CENTENO, Danilo da C.; RIBEIRO, Rita de Cássia L. F. Do recalcitrant seeds really exist? **Hoehnea**, v. 40, n. 4, p. 583-593, dez. 2013.
- BURLE, Marília L.; OLIVEIRA, Maria do Socorro P. de. **Manual de curadores de germoplasma - vegetal**: caracterização morfológica. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2010.
- CANHOS, Dora A. L. *et al.* The Importance of Biodiversity E-infrastructures for Megadiverse Countries. **PLoS Biol**, v. 13, n. 7, p. 1-7, jul. 2015.
- CONSULTATIVE GROUP ON INTERNATIONAL AGRICULTURAL RESEARCH. **The Alliance Bioversity & CIAT webpage**. Rome, 2023. Disponível em: <https://alliancebioiversityciat.org>. Acesso em: 18 jan. 2020.
- CHANDRA, Prem; ENESPA. Soil – Microbes – Plants: Interactions and Ecological Diversity. *In*: VARMA, Ajit; TRIPATHI, Swati; PRASAD, Ram (ed.). **Plant Microbe Interface**. Springer, Cham, 2019, p. 145-176.
- COSTA, Denise P.; PERALTA, Denilson F. Bryophytes diversity in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, n. 4, p. 1063-1071, out./dez. 2015.
- CRISTINA, Vânia *et al.* Recursos genéticos vegetais. *In*: PAIVA, Samuel *et al.* (ed.). **Recursos genéticos: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2019, p. 241-267.
- EHLERS, Bodil K.; PEDERSEN, Henrik Æ. Genetic variation in three species of *Epipactis* (*Orchidaceae*): geographic scale and evolutionary inferences. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 69, n. 3, p. 411-430, jan. 2008.

EICHTEN, S. R. *et al.* Consistent and Heritable Alterations of DNA Methylation Are Induced by Tissue Culture in Maize. **Genetics**, v. 198, n. 1, p. 209-218, 2014.

ENDEMISMO. *In*: A DICTIONARY of Ecology Oxford Reference. 4. ed. New York: Oxford University Press Inc., 2010.

EURASIAN ARABIDOPSIS STOCK CENTRE (uNASC). Disponível em: <http://arabidopsis.info/>. Acesso em: 19 jun. 2020.

EXPERIMENTAL PLANT DIVISION. **Arabidopsis thaliana**. Disponível em: <https://epd.brc.riken.jp/en/arabidopsis>. Acesso em: 19 jun. 2020.

FERREIRA, Márcio E.; GRATTAPAGLIA, Dario. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília, DF: Embrapa, 1996.

FIORAVANTI, Carlos. Milhões de plantas on-line. **Revista Pesquisa Fapesp**. São Paulo: FAPESP, 2015. Disponível em: <https://revistapesquisa.fapesp.br/milhoes-de-plantas-on-line/>. Acesso em: 10 jul. 2020.

GOTOR, Elisabetta; TSIGAS, Marinos E. The impact of the EU sugar trade reform on poor households in developing countries: A general equilibrium analysis. **Journal of Policy Modeling**, v. 33, n. 4, p. 568-582, jul./ago. 2011.

GRAY, Louise. The 'banana pandemic' destroying the world's favourite fruit. **BBC**. Follow the food. Disponível em: <http://www.bbc.com/future/bespoke/follow-the-food/the-pandemic-threatening-bananas.html>. Acesso em: 7 jul. 2020.

INSTITUTO INTERAMERICANO DE COOPERAÇÃO PARA A AGRICULTURA. **Com apoio do IICA, países da AL se reúnem para discutir estratégia regional de prevenção à nova raça de doença da banana**. Disponível em: <https://www.iica.int/pt/prensa/noticias/com-apoio-do-iica-paises-da-al-se-reunem-para-discutir-estrategia-regional-de>. Acesso em: 6 jul. 2020.

- KAEPLER, Shawn M.; RHEE, Young; KAEPLER, Heidi F. Epigenetic aspects of somaclonal variation in plants. **Plant Molecular Biology**, v. 43, n. 2-3, p. 179-188, jun. 2000.
- KAUFMAN, Rachel. 32,000-Year-Old Plant Brought Back to Life – Oldest Yet. **National Geographic**. Disponível em: <https://www.nationalgeographic.com/news/2012/2/120221-oldest-seeds-regenerated-plants-science/>. Acesso em: 15 jul. 2020.
- KHAN, Anwar A. Hormonal regulation of primary and secondary seed dormancy. **Israel Journal of Botany**, v. 29, n. 1-4, p. 207-224, maio 1980.
- KITIMU, Shedrack R. *et al.* Meristem micropropagation of cassava (*Manihot esculenta*) evokes genome-wide changes in DNA methylation. **Frontiers in plant science**, v. 6, n. 590, p. 3778, ago. 2015.
- LOMBA, Ivânia Maria S. da; CASTRO, Marcelo T. de. Levantamento de doenças fúngicas em espécies agronômicas de um sistema agroflorestal do Distrito Federal. **Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal**, v. 29, n. 1, p. 32-42, fev. 2017.
- PRADO, Jefferson *et al.* Diversity of ferns and lycophytes in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, n. 4, p. 1073-1083, out./dez. 2015.
- RANGEL, Paula Hideo N. *et al.* **Banco Ativo de Germoplasma de Arroz e Feijão: passado, presente e futuro**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013.
- REFLORA. **Flora e funga do Brasil**. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/ConsultaPublicaUC/ConsultaPublicaUC.do#CondicaoTaxonCP>. Acesso em: 1 jul. 2020.
- REFLORA. **Consulta Pública do Herbário Virtual**. Disponível em: <http://reflora.jbrj.gov.br/reflora/herbarioVirtual/ConsultaPublicoHVUC/ConsultaPublicoHVUC.do>. Acesso em: 14 jul. 2020.

RIDESA – Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético. **Melhoramento genético da cana-de-açúcar**. Disponível em: <https://www.ridesa.com.br/melhoramento>. Acesso em: 18 jun. 2020.

ROBERTS, Eric H. Predicting the storage life of seeds. **Seed Science & Technology**, v. 1, n. 3, jul. 1973.

STELPFLUG, Scott C. *et al.* Consistent and Heritable Alterations of DNA Methylation Are Induced by Tissue Culture in Maize. **Genetics**, v. 198, n. 1, p. 209-218, set. 2014.

SVALBARD GLOBAL SEED VAULT. **A site about seeds**. Disponível em: <https://www.seedvault.no/>. Acesso em: 2 jul. 2020.

TRICKER, Penny J. *et al.* Low relative humidity triggers RNA-directed de novo DNA methylation and suppression of genes controlling stomatal development. **Journal of Experimental Botany**, v. 63, n. 10, p. 3799-3813, mar. 2012.

UPOV. **The International Union for the Protection of New Varieties of Plants**. Disponível em: <https://www.upov.int/portal/index.html.en>. Acesso em: 19 jun. 2020.

WEISING, Kurt *et al.* **DNA Fingerprinting in Plants: Principles, Methods, and Applications**. 2. ed. Boca Raton: CRC Press, 2005.

ZAPPI, Daniela C. *et al.* Growing knowledge: an overview of Seed Plant diversity in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, n. 4, p. 1085-1113, out./dez. 2015.