

ANEXO V – FORMULÁRIO INDICADORES DE IMPACTOS

Autora: Bruna Natalia Veloso dos Santos

Orientadora: Prof. Dra. Vânia Helena Techio

Programa de Pós-Graduação em: Genética e Melhoramento de Plantas

Título: Análise citogenômica revela padrões de sequências repetitivas nos cromossomos de espécies do complexo 'humidicola' de *Urochloa* P. Beauv.

Tipos de Impactos:

() sociais (X) tecnológicos () econômicos () culturais ()

outros: _____

Áreas Temáticas da Extensão:

() 1. Comunicação

() 2. Cultura

() 3. Direitos humanos e justiça

() 4. Educação

() 5. Meio ambiente

() 6. Saúde

(X) 7. Tecnologia e produção

() 8. Trabalho

Objetivos de Desenvolvimento sustentável (ODS) da ONU impactados

() 1. Erradicação da pobreza

() 2. Fome zero e agricultura sustentável

() 3. Saúde e Bem-estar

(X) 4. Educação de qualidade

() 5. Igualdade de Gênero

() 6. Água potável e Saneamento

() 7. Energia Acessível e Limpa

(X) 8. Trabalho decente e crescimento econômico

() 9. Indústria, Inovação e Infraestrutura

() 10. Redução das desigualdades

() 11. Cidades e comunidades sustentáveis

() 12. Consumo e produção responsáveis

() 13. Ação contra a mudança global do clima

() 14. Vida na água

() 15. Vida terrestre

() 16. Paz, justiça e instituições eficazes


() 17. Parcerias e meios de implementação

Impactos sociais, tecnológicos, econômicos e culturais

Esta pesquisa conduziu uma análise citogenômica do complexo 'humidicola' de *Urochloa*, revelando padrões de sequências repetitivas dentro dos cromossomos. O trabalho teve como objetivo localizar sequências repetitivas satDNA nos cromossomos de acessos de *U. humidicola* e *U. dictyoneura*, por meio hibridização in situ fluorescente (FISH), a fim de contribuir para o conhecimento da estrutura e composição dos genomas. As descobertas são essenciais para compreender a evolução e a variação genômica dessas espécies. Ao empregar FISH, localizamos sequências repetitivas de satDNA em *U. humidicola* e *U. dictyoneura*, aprofundando nossa compreensão da estrutura e composição do genoma. Nosso estudo fornece uma base para aplicações em taxonomia, evolução e melhoria de gramíneas forrageiras, beneficiando regiões pastoris. Os resultados ressaltam a importância da pesquisa científica e das universidades no avanço da biotecnologia agrícola e no suporte aos programas de melhoramento de forrageiras. Este trabalho se alinha com o foco da Política Nacional de Extensão em educação, tecnologia e produção.

Social, technological, economic and cultural impacts

This research conducted a cytogenomic analysis of the *Urochloa* 'humidicola' complex, revealing repetitive sequence patterns within chromosomes. The objective was to localized repetitive satDNA sequences on the chromosomes of *U. humidicola* and *U. dictyoneura* accessions using fluorescence in situ hybridization (FISH), contributing to the understanding of genome structure and composition. The findings are essential for comprehending the evolution and genomic variation of these species. By employing FISH, we localized repetitive satDNA sequences in *U. humidicola* and *U. dictyoneura*, deepening our understanding of genome structure and composition. Our study provides a foundation for applications in taxonomy, evolution, and forage grass improvement, benefiting pastoral regions. The results highlight the importance of scientific research and universities in advancing agricultural biotechnology and supporting forage breeding programs. This work aligns with the focus of the National Extension Policy on education, technology, and production.

Documento assinado digitalmente
 VANIA HELENA TECHIO
Data: 01/10/2024 10:54:40-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Assinatura da autora

Assinatura da orientadora