

Agronomia

## **Espectroscopia Raman na identificação de semente convencional e transgênica em soja**

Estefany Francisco Raymundo - 7º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista FNDE

Carlos Henrique de Souza - Coorientador DBI, UFLA

Maria Fernanda Soares Pereira - 9º módulo de Agronomia, UFLA, bolsista PIBIC/CNPq

Júlia Silva Passos dos Santos - 9º módulo de Agronomia, UFLA

Paulo Henrique Frois Corrêa Barros - Mestrado Fitotecnia DAG, UFLA

Adriano Teodoro Bruzi - Orientador DAG, UFLA - Orientador(a)

### **Resumo**

A utilização de técnicas de biotecnologia dentro dos programas de melhoramento genético de soja é fundamental para o desenvolvimento de novas cultivares. A obtenção de Organismos Geneticamente Modificados (OGM's), por meio destas ferramentas têm suprido a demanda de cultivares com características de tolerância ou resistência a fatores bióticos e abióticos. Entretanto, torna-se necessário a identificação destes eventos nas diferentes fases da cadeia produtiva de soja, seja para fins de melhoramento ou comercialização de grãos. Sendo assim, objetivou-se aplicar a Espectroscopia Raman (ER) como uma ferramenta alternativa para diferenciar genótipos de soja. O experimento foi conduzido no Laboratório de Microscopia Eletrônica e Análise Ultraestrutural - LME, localizado no Departamento de Fitopatologia - DFP na Universidade Federal de Lavras - UFLA, no município de Lavras, Minas Gerais. Foram utilizadas duas cultivares, uma convencional e uma Enlist E3, com 15 repetições, tendo como unidade experimental uma semente de soja. As amostras foram analisadas utilizando ER, com laser na potência 70,2 miliW, tempo de integração de cinco segundos e 30 acumulações por amostra. Os dados espectrais obtidos com a ER foram processados utilizando programação Python com auxílio das bibliotecas RamPy e orplib. Após processamento e padronização, estes foram transferidos ao ambiente R. Calculando-se a média amostral e seu intervalo de confiança entre os espectros coletados em cada ponto de inflexão Raman, de modo a identificar regiões de diferenciação. Em seguida, os conjuntos espectrais foram submetidos a técnica de redução de dimensionalidade não linear t-SNE, também foi treinado o modelo supervisionado de regressão de mínimos quadrados (PLS), a fim de prever o evento de cada espectro avaliado. Com o treinamento do modelo, obteve-se a matriz de confusão com as predições para os dados utilizados em treinamento. Os resultados indicam que houve regiões de diferenciação entre os tratamentos. A acurácia preditiva do modelo foi de 0,95, sugerindo alta precisão do modelo. Conclui-se com o estudo que a ER figura-se como potencial fonte de fenotipagem rápida e não destrutiva na classificação de genótipos convencionais e transgênicos em soja.

Palavras-Chave: Biotecnologia, Organismos Geneticamente Modificados, Proteína.

Instituição de Fomento: Universidade Federal de Lavras

Link do pitch: <https://youtu.be/KUV5-u4IcCw>