



Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas

tema

**MELHORAMENTO
DE PLANTAS:
Projetando o Futuro**

14 a 17
de Agosto de 2017

Rafain Palace Hotel
& Convention Center
Foz do Iguaçu - PR

E-Book

Volume 1
2017



E-BOOK do 9º CBMP

‘Melhoramento de plantas: Projetando O Futuro’

[ISBN 978-85-94437-00-6]

Agosto/2017

Corpo Editorial - E-Book

Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal (Editora Chefe), PGM-UEM
Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal Filho, PGM-UEM
Prof. Dr. Ronald Barth Pinto, PGM-UEM
Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim, PGM-UEM
Profa. Dra. Juliana Parisotto Poletine, PGM-UEM
Dra. Giselly Figueiredo Lacanallo, PGM-UEM
Dra. Giseli Valentini, PGM-UEM
Dra. Vanusa da Silva Ramos Martins, PGM-UEM
Dra. Gislayne Kelly Coimbra Gonçalves, PGM-UEM
Profa. Dra. Adriana Gonela, PGM-UEM
Thiago Alexandre Santana Gilio (Doutorando), PGM-UEM
Marcela Coêlho (Doutoranda), PGM-UEM
Sandra Aparecida de Lima Castro (Doutoranda), PGM-UEM
Julio Cesar Ferreira Elias (Doutorando), PGA-UEM
Rodrigo Chimenez Franzon (Doutorando), PGA-UEM
Profa. Dra. Vânia Moda-Cirino, Iapar
Profa. Dra. Rosana Rodrigues, UENF
Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira, UENF
Prof. Dr. Alexandre Pio Viana, UENF
Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior, UENF
Profa. Dra. Luciana Lasry Benchimol-Reis, IAC.

Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal

Av. Colombo, 5790, Bloco J45, sala 103,
PGM/UEM, Maringá, 87020-900, PR, Brazil
Fones: 55 44 3011 8900 / 44 55 99908 8186
mcgvidigal@uem.br

<http://www.sbmp.org.br/9congresso/e-book>

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Biblioteca Central - UEM, Maringá, PR, Brasil)

C749a Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas (9. : 2017 : Foz do Iguaçu, PR)
E-Book [Recurso eletrônico] 9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas: Melhoramento de Plantas: Projetando o Futuro, 14 a 17 de agosto. / Editora chefe Profª. Drª. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal - Maringá, SBMP, 2017.
v.1 : 827 p.

ISBN 978-85-94437-00-6.
Premio Ernesto Paterniani 2017.
Prêmio Jovem Melhorista 2017.
Disponívelem: <http://www.sbmp.org.br/9congresso/e-book>

1. Plantas - melhoramento genético. 2. Genética agrícola. 3. Genética vegetal. 4. Plantas - fitopatologia. I. Gonçalves-Vidigal, Maria Celeste, ed. II. Título.

CDD 21.ed. 631.5233

AHS-CRB-9/1065

Sumário

Apresentação	i
Presidentes da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas 1999 a 2015.....	ii
Ganhadores do Prêmio Ernesto Paterniani.....	iii
Prêmio Ernesto Paterniani 2017	iv
Prêmio Jovem Melhorista 2017.....	v
<i>In Memoriam</i> de Dr. Orlando Peixoto de Moraes	vi
<i>In Memoriam</i> de Dr. Jaison Pereira de Oliveira.....	vii
Programa.....	viii
Resumo das Palestras.....	1

Resumos dos Trabalhos

Biotecnologia e Genômica	21
ABORDAGEM SOBRE MODELOS, COVARIÁVEIS E ACURÁCIA NA SELEÇÃO GENÔMICA.....	22
ALTERAÇÃO NO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA DURANTE UM CICLO DE PRODUÇÃO EM GOIABEIRAS	23
ANÁLISE DA VARIAÇÃO SOMACLONAL DE MANDIOCA (<i>Manihot esculenta</i>).....	24
ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA DA METILTRANSFERASE EM GENÓTIPOS DE TRIGO CONTRASTANTES PARA RESISTÊNCIA A GERMINAÇÃO PRÉ-COLHEITA.....	25
ANÁLISE MOLECULAR DE <i>Rotylenchulus reniformis</i> PRESENTE EM ÁREAS DE CULTIVOS DE MELOEIRO	26
ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA EXPRESIÓN CIRCADIANA DE LOS HOMÓLOGOS DEL GEN FLOWERING LOCUS T EN VARIEDADES DE SÉSAMO CON DISTINTOS TIEMPOS DE FLORACIÓN.....	27
ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE GENES IMPLICADOS EN LA RESPUESTA DE UNA VARIEDAD DE SOJA (<i>Glycine max</i>) FRENTE A LA INFECCIÓN POR EL HONGO <i>Macrophomina phaseolina</i>	28
ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) NA POPULAÇÃO UENF14 DE MILHO-PIPOCA.....	29
ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA O TEMPO DE FLORESCIMENTO DE CULTIVARES DE FEIJÃO USANDO REGRESSÃO QUANTÍLICA.....	30
ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE CaTI, UM INIBIDOR DE PROTEASE SERÍNICA DE SEMENTES DE <i>Capsicum annuum</i> L. SOBRE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS	31
AUXINAS E CITOCINAS E SUA INFLUÊNCIA NO CRESCIMENTO DE MANJERICÃO “FOLHA DE ALFACE”	32
AVALIAÇÃO DA TAXA DE GERMINAÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE PALMA DE ÓLEO (<i>Elaeis guineenses</i>).....	33
AVALIAÇÃO DA VIABILIDADE DO CONSÓRCIO CUPUAÇUZEIRO X MOGNO AFRICANO, EM SISTEMA AGROFLORESTAL NO MUNICÍPIO DE TOMÉ AÇU - PA.....	34
AVALIAÇÃO DO POTENCIAL EMBRIOGÊNICO DE TRÊS MEIOS DE CULTURA PARA REGENERAÇÃO DE PALMA DE ÓLEO (<i>Elaeis guineenses</i>)	35
BUSCA E ANÁLISE DE TRANSPOSONS NO GENOMA DE <i>Hemileia vastatrix</i>	36

CARACTERIZAÇÃO DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS EM FRUTOS DE CAPSICUM INFECTADOS COM COLLETOTRICHUM GLOEOSPORIOIDES	37
CARACTERIZAÇÃO E ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE PEPTÍDEOS DE FRUTOS DE Capsicum annum L. SOBRE FUNGOS DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA.....	38
CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO R2R3-MYB DE PLANTAS	39
Coffea arabica L. BIOTECHNOLOGICAL IMPROVEMENT AGAINST COFFEE BERRY BORER (CBB).....	40
COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS DE EXTRAÇÃO DE DNA EM Fevillea spp.	41
COMPORTAMENTO REPRODUTIVO EM RECURSOS GENÉTICOS DE Moringa oleifera Lam.....	42
CONTROLE GENÉTICO E MAPEAMENTO POR ASSOCIAÇÃO PARA RESISTÊNCIA À MANCHA BRANCA EM LINHAGENS DE MILHO	43
EFICÁCIA DE MARCADORES SCAR, CAPS E SSR NA SELEÇÃO ASSISTIDA DE CAFEEIROS RESISTENTES A Hemileia vastatrix.....	44
DETECÇÃO MOLECULAR DE Phakopsora euvtis ONO EM PLANTIO DE UVA NO SEMIÁRIDO NORDESTINO	45
DEVELOPMENT OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM (SNP) MARKERS FOR GENETIC MAP SATURATION OF UROCHLOA HUMIDICOLA.....	46
DEVELOPMENT OF SNP MARKERS FOR POPULATION STRUCTURE IN PEACH USING GENOTYPING BY SEQUENCING	47
DIAGNÓSTICO MOLECULAR DO FITOPATÓGENO Alternaria alternata EM PLANTIOS COMERCIAIS DE MAMOEIRO NO RIO GRANDE DO NORTE	48
DIODOS EMISSORES DE LUZ, TIDIAZURON E PACLOBUTRAZOL NA MICROPROPAGAÇÃO DE Bambusa oldhamii MUNRO	49
DISCOVERY PROTEOMICS REVEALS NEW TARGETS FOR GENETIC MANIPULATION OF LIGNIN METABOLISM IN EUCALYPTUS PLANTS.....	50
DISTRIBUIÇÃO DE LOCI SSR NO GENOMA DE Aegilops speltoides: INFORMAÇÃO PARA PROGRAMA DE INTROGRESSÃO EM TRIGO	51
DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO DE MANGABEIRA DO CERRADO MATO-GROSSENSE	52
DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS Fevillea spp. DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA CERRADOS	53
DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENITORES DE Coffea canephora POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES	54
DIVERSIDADE GENÉTICA INTRA E INTERESPECÍFICA DE Passiflora spp. BASEADA EM MARCADORES ISSR E RAPD	55
EFICÁCIA DE MARCADORES SCAR, CAPS E SSR NA SELEÇÃO ASSISTIDA DE CAFEEIROS RESISTENTES A Hemileia vastatrix.....	56
EFICIÊNCIA DO MAPEAMENTO DE QTL DE BAIXA HERDABILIDADE SOB ALTA DENSIDADE DE SNPS.....	57
ESTABELECIMENTO IN VITRO DE Mimosa gracilis Benth.var.capillipes (Fabaceae - Mimosoideae).....	58
ESTIMATIVA DA VIABILIDADE POLÍNICA E ÍNDICE MEIÓTICO DE Cucurbita moschata Duch.	59
ESTRESSE FISIOLÓGICO EM ALGODOEIRO GENETICAMENTE MODIFICADO SOBRE INFESTAÇÃO DE Aphis gossypii GLOVER, 1877 (HEMIPTERA: APHIDIDAE).....	60
ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATIVAS DE Passiflora cristalina VANDERPL. & ZAPPI.....	61

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA RESISTÊNCIA PARCIAL DA SOJA AO FUNGO <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	62
ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA A RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DE ESPIGA CAUSADA PELO FUNGO <i>Fusarium verticilloides</i>	63
DETERMINATION OF VALINE IN TRANSGENIC SOYBEAN EXPOSED TO GLYPHOSATE.	64
EXPRESSÃO DE ALELOS CANDIDATOS DENTRO DE META-QTLs DE RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO EM FEIJÃO	65
FINE MAPPING OF A UNIQUE ANTHRACHNOSE RESISTANCE GENE IN ANDEAN COMMON BEAN LANDRACE AMENDOIM CAVALO.....	66
FINE MAPPING OF SOYBEAN GENES INVOLVED IN RESISTANCE TO <i>Meloidogyne javanica</i>	67
GENES EXPRESSOS CONSERVADOS EM GENÓTIPOS DE ARROZ TOLERANTE E SUSCETÍVEL À SECA.....	68
GENETIC RESISTANCE TO <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> IN COMMON BEAN BEIJA FLOR CULTIVAR	69
GENETIC VARIABILITY OF <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> THROUGH SEQUENCING	70
GENOME-WIDE ASSOCIATION MAPPING OF RESISTANCE TO A BRAZILIAN ISOLATE OF <i>SCLEROTINIA SCLEROTIORUM</i> IN SOYBEAN GENOTYPES MOSTLY FROM BRAZIL	71
GENOMIC REGIONS ASSOCIATED TO LIPIDS AND DITERPENES CONTENTS SELECTED DURING DOMESTICATION AND BREEDING OF <i>Coffea arabica</i>	72
GENOMIC REGIONS RELATED TO ALTITUDE ADAPTATION IN <i>COFFEA ARABICA</i>	73
IDENTIFICAÇÃO DE ALELOS S EM GENÓTIPOS DE MACIEIRA COM IMPORTÂNCIA PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO	74
IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS ASSOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE FRUTO EM MAMOEIRO.....	75
IDENTIFICAÇÃO DE LOCOS SSR-EST ASSOCIADOS À FIRMEZA DE FRUTO EM MAMOEIRO (<i>Carica papaya</i> L.).....	76
IDENTIFICAÇÃO DE MISTURA CLONAL EM MINICEPAS DE <i>Eucalyptus</i> spp. UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	77
IDENTIFICAÇÃO DE POPULAÇÕES EM ÁREA DE COLETA DE SEMENTES DE <i>Eucalyptus benthamii</i> INSTALADA EM COLOMBO-PR.....	78
IDENTIFICATION AND QTL MAPPING FOR soybean PHYSIOLOGICAL SEEDS QUALITY	79
IDENTIFICATION OF S ₇ POPCORN LINES FOR THE EFFECTIVE USE OF NITROGEN..	80
MAPEAMENTO ASSOCIATIVO PARA CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE EM MILHO PIPOCA (<i>Zea mays</i>).....	81
MAPEAMENTO DE QTL EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS.....	82
MAPEAMENTO POR ASSOCIAÇÃO E CONTROLE GENÉTICO PARA A RESISTÊNCIA À HELMINTOSPORIOSE DO MILHO	83
MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES PARA CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM ACESSOS DE <i>Coffea arabica</i>	84
MARCADORES MOLECULARES PARA SELEÇÃO DE RESISTÊNCIA GENÉTICA À <i>Pseudocercospora griseola</i> E <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> EM FEIJOEIRO COMUM ..	85
MARCADORES SNPs DERIVADOS DE CAPTUREseq ASSOCIADOS A TOLERÂNCIA À SECA EM ARROZ.....	86
MICROPROPAGAÇÃO CLONAL DE MANDIOCA ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES IRAP E REMAP.....	87

MOLECULAR CHARACTERIZATION AND MAPPING OF THE ANTHRACNOSE RESISTANCE GENE IN THE ANDEAN COMMON BEAN CULTIVAR PERLA.....	88
MONITORAMENTO DOS GENES PI1, PI2 E PI33 DE RESISTÊNCIA À BRUSONE EM LINHAGENS DE ARROZ	89
MUTAÇÃO CAUSAL INATIVA A ATIVIDADE ω -3-DESSATURASE DA VARIEDADE CS303TNKCA	90
OBTENÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE CENOURA (<i>Daucus carota</i> L.) ATRAVÉS DE DIFERENTES EXPLANTES E DISTINTAS CONCENTRAÇÕES DE 2,4-DICLOFENOXIACÉTICO	91
PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM CULTIVARES DE FEIJÃO SOB AS ABORDAGENS DE SELEÇÃO GENÔMICA AMPLA, REDE BASE RADIAL E REDES NEURAIS ARTIFICIAIS.....	92
PREDICTIVE ABILITY OF G-BLUP MODEL IN A TETRAPLOID SEXUAL POPULATION OF <i>Panicum maximum</i>	93
PRODUÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS POLIPLÓIDES DE <i>Passiflora</i> OBTIDOS IN VITRO VISANDO À OBTENÇÃO DE VARIEDADES ORNAMENTAIS.....	94
REGENERAÇÃO DE MERISTEMAS DA BASE FOLIAR DE CANA-DE-AÇÚCAR COM O USO DE AUXINAS, CITOCININAS E FENIL-UREIAS.	95
REGRESSÃO QUANTÍLICA REGULARIZADA APLICADA À SELEÇÃO GENÔMICA.....	96
SACAROSE E CARVÃO ATIVADO NO CRESCIMENTO IN VITRO DE MANJERICÃO ROXO – RED RUBIN	97
SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES DE CAFEEIROS RESISTENTES A FERRUGEM E ANTRACNOSE DOS FRUTOS	98
SELEÇÃO DE PRIMERS ISSR POLIMÓRFICOS PARA ANÁLISE GENÉTICA POPULACIONAL EM <i>Cucumis anguria</i> L.	99
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CUPUAÇUZEIRO, EM SISTEMA AGROFLORESTAL COM MOGNO AFRICANO, NO MUNICÍPIO DE TOMÉ-AÇU	100
SELEÇÃO GENÔMICA USANDO GENOTIPAGEM DE BAIXA SATURAÇÃO EM POPULAÇÕES SIMULADAS DE CAFEIEIRO	101
SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MACIEIRA COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES	102
TESTE DE AMPLIFICAÇÃO DE PRIMERS SSRs DESENHADOS PARA REGIÕES ALVO PARA A RESISTÊNCIA A <i>Meloidogyne</i> sp.	103
THE FIRST GENOTYPING BY SEQUENCING IN AN INTERESPECIFIC POPULATION OF <i>Urochloa decumbens</i>	104
TRANSCRIPTOME ANALYSIS AND CHARACTERIZATION OF GENES INVOLVED IN DITERPENE BIOSYNTHESIS in <i>coffea arabica</i>	105
TRANSCRIPTOME PROFILING OF <i>Paspalum notatum</i> REVEALS CANDIDATE GENES ASSOCIATED TO POLYPLOIDY AND/OR APOMIXIS.....	106
VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES PARA DETECÇÃO DO GENE DE PEROXÍDASE EM CULTIVARES DE SOJA	107
VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE <i>Colletotrichum sublineolum</i> EM GENÓTIPOS DE SORGO, POR MEIO DE MARCADORES ISSR	108
VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE <i>Colletotrichum sublineolum</i> PROVENIENTES DE HÍBRIDOS DE SORGO FORRAGEIRO, POR MEIO DE MARCADORES ISSR	109
VARIABILIDADE GENÉTICA DE <i>Ramulispora sorghi</i> EM SORGO BIOMASSA VIA MARCADORES MOLECULARES	110
Melhoramento Genético de Espécies Anuais	111

REML/BLUP APLICADO A SELEÇÃO PRECOCE PARA QUALIDADE INDUSTRIAL EM TRIGO	112
A RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE NAS CULTIVARES DE FEIJÃO CARIOCA BRS HORIZONTE E BRS COMETA É CONFERIDA POR GENES INDEPENDENTES.....	113
ABERTURA PREMATURA DE VAGENS E RENDIMENTO DE GRÃOS DE SOJA EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA.....	114
ACCESSING SOYBEAN RUST TOLERANCE AND THE IMPACTS ON SEED TRAITS....	115
ADAPTABILIDADE DE CULTIVARES DE MILHO DE BAIXO CUSTO DE SEMENTES A AMBIENTES COM ESTRESSE – SAFRA 2015/16.....	116
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO EM SANTA CATARINA	117
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO RECOMENDADAS NO BRASIL.....	118
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO EM AMBIENTES DE ALTA E BAIXA PRODUTIVIDADE.....	119
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO	120
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS PRÉ-COMERCIAIS DE MILHO NA REGIÃO CENTRO-SUL DO BRASIL.....	121
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE SOJA EM DIFERENTES MICRORREGIÕES SOJÍCOLAS	122
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE CULTIVARES E LINHAGENS DE FEIJÃO BRANCO EM DIFERENTES AMBIENTES NO ESTADO PARANÁ.....	123
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO EM ARROZ DE TERRAS ALTAS	124
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM HÍBRIDOS DE SORGO BIOMASSA.....	125
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CULTIVARES DE SOJA NO PARANÁ.....	126
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOES ESPECIAIS.....	127
CICLO E PRODUTIVIDADE DE LINHAGENS DE SOJA CULTIVADAS NO OESTE DO PARANÁ.....	128
AERIAL IMAGERY TO SELECT MAIZE HYBRIDS TO PLANT HEIGHT	129
AGRONOMIC AND PHYSIOLOGICAL PERFORMANCE OF LINES OF COMMON BEANS UNDER WATER DEFICIT.....	130
AJUSTE DE CONSTITUIÇÕES GENOTÍPICAS: EFEITO DO GENÓTIPO vs AMBIENTE	131
ANÁLISE DA REPETIBILIDADE EM DOIS CARACTERES MORFOLÓGICOS DA SOJA EM DIFERENTES NÍVEIS DE FÓSFORO NO SOLO	132
ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS EM MILHO	134
ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE CARACTERES DE SORGO SACARINO PARA PRODUÇÃO DE ETANOL	135
ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA EM FEIJOEIRO EM RESPOSTA A INFECÇÃO POR Colletotrichum lindemuthianum	136
ANÁLISE DE TRILHA COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO INDIRETA PARA CARACTERES AGRONOMICOS E FISIOLÓGICOS NA CULTURA DO TRIGO	137
ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DA PRODUÇÃO DE ETANOL EM HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO	138
ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM SORGO GRANÍFERO.....	139

ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE RENDIMENTO DE ESPIGA EM MILHO SUPERDOCE.....	140
ANÁLISE DE TRILHA PARA OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM <i>Phaseolus vulgaris</i> L.....	141
ANÁLISE DIALÉLICA DE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGAMICAS DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS.....	142
ANÁLISE DIALÉLICA E PREDIÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES NÃO FORMADOS ENTRE LINHAGENS DE MILHO PIPOCA.....	143
ANÁLISE DIALÉLICA PARCIAL NA CULTURA DA SOJA PARA SELEÇÃO DE GENITORES QUANTO À PRECOCIDADE E PRODUTIVIDADE.....	144
ANÁLISIS DE LA DISTANCIA GENÉTICA Y LA APTITUD COMBINATORIA ENTRE LÍNEAS DE ARVEJA DE DIFERENTES ORÍGENES GEOGRÁFICOS COMO PREDICTORES DE PROGENIES F ₁ CON UN ELEVADO EFECTO HETERÓTICO.....	145
ANÁLISIS DE LA VIDA EN ESTANTERÍA EN FRUTOS DE TOMATE CON INTROGRESIÓN DE <i>Solanum habrochaites</i>	146
ANÁLISIS DE LOS EFECTOS DE INTROGRESIONES DE <i>Solanum habrochaites</i> SOBRE CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN TOMATE.....	147
ANALISIS DE TRILLA PARA SELECCIÓN DE CARACTERES FENOTÍPICOS EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE MAÍZ SOMETIDOS A ESTRES HÍDRICO.....	148
APPLICATION OF MULTI-ENVIRONMENT BAYESIAN MODELS TO STUDY GENOTYPE-BY-ENVIRONMENT INTERACTION IN MAIZE.....	149
ASSESSING THE TOLERANCE TO ASIAN RUST IN CONVENTIONAL AND TRANSGENIC SOYBEAN TECHNOLOGIES USING MIXED MODELS, ADAPTABILITY AND STABILITY PARAMETERS.....	150
ASSOCIAÇÃO ENTRE SEVERIDADE DE MANCHA ANGULAR E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM LINHAGENS ELITE DE FEIJÃO.....	151
ASSOCIAÇÃO FENOTÍPICA ENTRE OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS.....	152
ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA FLORAÇÃO E PERDA DE UMIDADE EM GRÃOS EM MILHO.....	153
ATIVIDADE DE ENZIMAS ANTIOXIDANTES EM GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA SUBMETIDOS AO ESTRESSE SALINO.....	154
AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES E GENITORES EM SOJA PARA TEOR DE ÓLEO E PRECOCIDADE.....	155
AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO POR AMBIENTE DE SORGO SACARINO.....	156
AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE CULTIVARES DE SOJA A <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> EM DIFERENTES ESTÁDIOS FENOLÓGICOS E MÉTODOS DE AVALIAÇÃO.....	157
AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA GENÉTICA À <i>Bipolaris maydis</i> EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA.....	158
AVALIAÇÃO DA RESPOSTA DE CULTIVARES DE TRIGO À ESTRESSES ABIÓTICOS POR ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	159
AVALIAÇÃO DA SEGREGAÇÃO DE HÍBRIDOS DE SOJA COM UMA LINHAGEM GENETICAMENTE MODIFICADA TOLERANTE À SECA.....	160
AVALIAÇÃO DE ACESSOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA HÍDRICA.....	161
AVALIAÇÃO DE CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO.....	162
AVALIAÇÃO DE CARACTERES COMERCIAIS EM CULTIVARES DE SORGO SACARINO EM FUNÇÃO DA ÉPOCA DE COLHEITA.....	163
AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DA ESPIGA EM CULTIVARES DE MILHO.....	164

AVALIAÇÃO DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO E PRODUTIVIDADE EM TOP-CROSSES DE MILHO PIPOCA.....	165
AVALIAÇÃO DE ESPÉCIES DE OUTONO INVERNO PARA PRODUÇÃO DE ÓLEO NO ESTADO DO PARANÁ	166
AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM SUBMETIDOS AO DÉFICIT HÍDRICO	167
AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MAMONEIRA NO SEMIÁRIDO BAIANO.....	168
AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO A TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO	169
AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) Moench) PARA A PRODUÇÃO DE ETANOL.....	170
AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE DUPLO HAPLOIDES DE ARROZ COM GENE DE RESISTÊNCIA PI AR PARA BRUSONE FOLIAR EM CONDIÇÕES DE CASA DE VEGETAÇÃO E VIVEIRO	171
AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA PRECOCE EM DOIS AMBIENTES DE GOIÁS ..	172
AVALIAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO NO CARIRI CEARENSE	173
AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES DE MILHO VERDE EM CRUZAMENTOS DIALÉLICOS	174
AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES EXPERIMENTAIS DE MILHO EM SEIS LOCAIS DO PARANÁ (<i>Zea mays</i> L.)	175
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS GERMANOS EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA DE MILHO NA REGIÃO SUL DE MINAS	176
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES $S_{0:1}$ DE GRÃOS FARINÁCEOS PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS.....	177
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES $S_{0:1}$ DE SOJA NO SUL DE MINAS GERAIS	178
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES $S_{0:1}$ DE SOJA PARA QUALIDADE DE GRÃOS NA REGIÃO SUL DE MINAS GERAIS	179
AVALIAÇÃO DE QUATRO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM MILHO PIPOCA	180
AVALIAÇÃO DE TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA E PROGÊNIES S_3 PARA CARACTERES BROMATOLÓGICOS	181
AVALIAÇÃO DO DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO EM POPULAÇÕES DE MILHO PIPOCA TROPICAIS E TEMPERADAS SUBMETIDAS A CICLOS DE SELEÇÃO	182
AVALIAÇÃO DO ESCURECIMENTO DE GRÃOS EM FEIJOEIRO COMUM PELOS MÉTODOS NATURAL E ACELERADO.....	183
AVALIAÇÃO DO POTENCIAL PARA SILAGEM DE CULTIVARES DE MILHO, DESENVOLVIDOS PARA AGRICULTURA FAMILIAR DO ESPÍRITO SANTO	184
AVALIAÇÃO DO VIGOR DE SEMENTES DE VARIEDADES DE MILHO CRIOULO DO BANCO DE SEMENTES DO MATO GROSSO DO SUL.....	185
AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGENIES ENDOGÂMICAS DE FEIJOEIRO AVALIADAS EM DIFERENTES GERAÇÕES.....	186
AVALIAÇÃO FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE SORGO-VASSOURA NA ZONA DA MATA DE MINAS GERAIS	187
AVALIAÇÃO PRECOCE PARA RENDIMENTO DE GRÃOS VISANDO O DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS ELITE DE ARROZ DE TERRAS ALTAS	188
AVALIAÇÕES BIOQUÍMICAS E FISIOLÓGICAS DE SOJA GM COM GENE CHAVE DA BIOSÍNTESE DO ABA EM CONDIÇÕES DE EXCESSO E DÉFICIT HÍDRICO	189
BT ZYGOSITY IN MAIZE HYBRIDS.....	190
CALIBRAÇÃO DO APARELHO NIR (NEAR INFRARED SPECTROSCOPY) PARA PREDIÇÃO DE TEOR DE PROTEÍNA EM GRÃOS DE SOJA.....	191

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE GENITORES DE SOJA NAS GERAÇÕES F ₁ E F ₂ VISANDO MELHORAMENTO PARA PRECOCIDADE	192
CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS S ₃ DE MILHO E TESTADORES PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS	193
CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA NA SAFRINHA	194
CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S ₁ DE MILHO PIPOCA	195
CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM HÍBRIDOS DE LINHAGENS S ₄ DE MILHO SUPERDOCE	196
CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE DEZ POPULAÇÕES DE MILHO SUPERDOCE	197
CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO ENTRE LINHAGENS ENDOGÂMICAS S ₆ DE MILHO SUPERDOCE	198
CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM DIALELO PARCIAL DE MILHO SUPERDOCE	199
CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM MAMONEIRA	200
CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM POPULAÇÕES DE MILHO SUBMETIDOS AO ESTRESSE HÍDRICO	201
CARACTERIZAÇÃO DA COMPOSIÇÃO MINERAL DE FEIJOEIRO COMUM	202
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS COMERCIAIS E CRIoulos DE MANDIOCA COM BASE EM DESCRITORES MORFOLÓGICOS	203
CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS ELITE DE FEIJÃO CARIOCA DE CICLO NORMAL QUANTO À REAÇÃO AO MOFO-BRANCO	204
CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO PARA EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO ASSOCIADAS COM <i>Azospirillum brasilense</i>	205
CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS RECOMBINANTES DE <i>Colletotrichum</i> E <i>Glomerella</i> DO FEIJOEIRO	206
CARACTERIZAÇÃO DE PENDÃO EM VARIEDADES DE MILHO CRIOULO	207
CARACTERIZAÇÃO DE PROGÊNIES DO SINTÉTICO TG02-R2 PARA A PRODUÇÃO DE MILHO VERDE	208
CARACTERIZAÇÃO DE RAÍZES DE MANDIOCA QUANTO O TEOR DE PROTEÍNA E CARBOIDRATOS TOTAIS	209
CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR MODELOS MISTOS DE UMA POPULAÇÃO DE LINHAS PURAS RECOMBINANTES DE ARROZ IRRIGADO	210
CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE CULTIVARES DE SOJA PARA TOLERÂNCIA À SECA	211
CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DE POPULAÇÕES DE MILHO SOB ESTRESSE HÍDRICO	212
CARACTERIZAÇÃO PARA REAÇÃO ÀS DOENÇAS EM ENSAIOS DE VALIDAÇÃO DE CULTIVO E USO DE FEIJOEIRO-COMUM NO ESTADO DO PARANÁ	213
CICLO E PRODUTIVIDADE DE LINHAGENS DE SOJA CULTIVADAS NO OESTE DO PARANÁ	214
CLOROFILA TOTAL, MASSA E NÚMERO DE GRÃOS EM GENÓTIPOS DE SOJA SOB DÉFICIT HÍDRICO	215
CO-INOCULAÇÃO EM CULTIVARES DE SOJA PARA OS PARÂMETROS DE FIXAÇÃO BIOLÓGICA E COMPONENTES DE PRODUÇÃO	216
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO EXPERIMENTAL E DE DETERMINAÇÃO GENOTÍPICO COMO MEDIDAS DE PRECISÃO EM ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO - VCU DE SOJA EM PARAGOMINAS-PA	217
COMBINING ABILITY AND ALLOCATION OF MAIZE GENOTYPES IN HETEROTIC GROUPS	218

COMPARAÇÃO DE TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA E AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES S3 POR MEIO DE TOPCROSSES	219
COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM HÍBRIDOS DE TABACO.....	220
COMPONENTES GENÉTICOS ESTIMADOS EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA SOB CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE DISPONIBILIDADE HÍDRICA	221
COMPONENTES PRINCIPAIS QUANTO A COMPOSIÇÃO BROMATOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM.....	222
COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS ELITE DE ARROZ IRRIGADO EM ENSAIOS VCU'S EM MINAS GERAIS: SAFRA 2015/2016.....	223
COMPORTAMENTO DO GRAU BRIX NO DIALELO DE HÍBRIDOS DUPLOS DE TOMATEIRO DE MESA.....	224
COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM CULTIVADOS NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO.....	225
CONTRIBUIÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA À BRUSONE EM CULTIVARES BRASILEIRAS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS	226
CONTROLE GENÉTICO DA TAXA DE ACÚMULO DE MATÉRIA SECA NOS GRÃOS DE FEIJÃO	227
CONTROLE GENÉTICO DA TAXA DE ACÚMULO DE MATÉRIA SECA NOS GRÃOS DE MILHO	228
CORRELAÇÃO ENTRE AS ÉPOCAS DE CORTE EM GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO	229
CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E QUÍMICAS EM HÍBRIDOS DE SORGO BIOMASSA	230
CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS EM SORGO SACARINO.....	231
CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS E EFICIÊNCIA DE NITROGÊNIO EM HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO avaliados em condições contrastantes de nitrogênio	232
CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA EM DIFERENTES GERAÇÕES.....	233
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS	234
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS EM MILHO.....	235
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE CRAMBE CULTIVADO EM DIFERENTES LOCAIS E ANOS.....	236
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE MORFOLOGIA DE RAÍZ E PARTE AÉREA EM LINHAGENS DE MILHO AVALIADAS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE FÓSFORO	237
CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE FEIJÃO COMUM	238
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E ANÁLISE DE TRILHA ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM GENÓTIPOS DE MILHO DESTINADOS A PRODUÇÃO DE SILAGEM	239
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE ARROZ	240
CRUZAMENTO E AVALIAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO-CAUPI COM ALTOS TEORES DE FERRO E ZINCO, VISANDO IDENTIFICAR GENÓTIPOS POTENCIAIS PARA FUTUROS CRUZAMENTOS	241
CRUZAMENTOS TOPCROSSES EM MILHO: AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS E DESEMPENHO DOS HÍBRIDOS.....	242

CULTIVARES DE FEIJOEIRO-COMUM COM ALTOS TEORES DE FERRO, ZINCO E PROTEÍNA	243
DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA E DESEMPENHO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO COM POTENCIAL PARA PROLIFICIDADE	244
DESEMPENHO AGRONÔMICO CULTIVARES DE SOJA COM AS TECNOLOGIAS RR E IPRO NO CERRADO BRASILEIRO.....	245
DESEMPENHO AGRONÔMICO DAS FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MILHO NA REGIÃO NORTE CAPIXABA.....	246
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE SOJA.....	247
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE SOJA EM SETE LAGOAS - MG ..	248
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE DIFERENTES POPULAÇÕES DE MILHO SOB CONDIÇÃO DE ESTRESSE HÍDRICO	249
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE POPULAÇÕES CRIOULAS DE FEIJÃO PRETO COMUM.....	250
DESEMPENHO AGRONÔMICO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM HÍBRIDOS DE MAMONA.....	251
DESEMPENHO DE CLONES DE BATATAS DE TUBÉRCULOS VERMELHOS.....	252
DESEMPENHO DE CULTIVARES DE MILHO DE BAIXO CUSTO DE SEMENTES NO ANO AGRÍCOLA 2015/16.....	253
DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO NA REGIÃO DE LAVRAS-MG	254
DESEMPENHO E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO EM TRÊS AMBIENTES NA SAFRINHA 2016.....	255
DESEMPENHO PRODUTIVO DE LINHAGENS DE MAMONA EM DOIS AMBIENTES E EM DUAS ÉPOCAS DE SEMEADURA.....	256
DESENVOLVIMENTO DE PLANTAS DE SORGO SACARINO EM OITO ÉPOCAS DE COLHEITA.....	257
DETERMINAÇÃO DO ÍNDICE DE COLHEITA DE LINHAGENS DE FEIJÃO	258
DIALELO PARCIAL DE LINHAGENS S ₅ DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE MASSA SECA E DIGESTIBILIDADE DA FORRAGEM	259
DIALELO PARCIAL DE POPULAÇÕES F ₂ DE TRIGO EM CONDIÇÕES DE SECA.....	260
DIALLEL ANALYSIS OF MAIZE YIELD STABILITY AND ADAPTABILITY	261
DISSIMILARITY BETWEEN OPEN-POLLINATED VARIETIES OF MAIZE USING PRODUCTION COMPONENTS	262
DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES E LINHAGENS DE AVEIA BRANCA.....	263
DISTRIBUIÇÃO RADICULAR E HÁBITO DE CRESCIMENTO EM FEIJÃO	264
DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO NA REGIÃO DE CÁCERES – MT	265
DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	266
DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES EM SOJA TN, NO TOCANTINS	267
DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO CARIOCA	268
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS AVALIADAS PARA PRODUÇÃO DE MILHO VERDE.....	269
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO SUPER DOCE POR MEIO DE MARCADORES MORFOAGRÔNOMICOS	270

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO	271
DIVERSIDADE DE FEIJÃO PRETO CULTIVADOS NO ESPÍRITO SANTO	272
DIVERSIDADE GENÉTICA BASEADA EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE MAMONEIRA	273
DIVERSIDADE GENÉTICA EM LINHAGENS DE MILHO COM USO DO MARCADOR AFLP	274
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL	275
EFEITO DA ÉPOCA DE CULTIVO E DO GERMOPLASMA NAS TAXAS DE INDUÇÃO E INIBIÇÃO DE HAPLOIDES GIMNOGENÉTICOS EM MILHO TROPICAL	276
EFEITO DA INOCULAÇÃO DE <i>Azospirillum brasilense</i> NO FLORESCIMENTO DE GENÓTIPOS DE MILHO	277
EFEITO DA TEMPERATURA E DA RESTRIÇÃO HÍDRICA NO CULTIVO DO FEIJOEIRO	278
EFEITO DO GENÓTIPO E AMBIENTE NA PRODUÇÃO DE HAPLOIDES PUTATIVOS SELECIONADOS PELA EXPRESSÃO DO MARCADOR FENOTÍPICO R1-NAVAJO	279
EFEITO DO NÚMERO DE DIAS PARA FLORESCIMENTO NO COMPORTAMENTO PRODUTIVO DE LINHAGENS DE ARROZ	280
EFEITO DO NÚMERO DE PROGÊNIES E REPETIÇÕES NA HERDABILIDADE DO CARÁTER PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM MILHO	281
EFEITOS DOS GENITORES SOBRE A QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE MILHO	282
EFEITOS VARIETAIS E HETERÓTICOS DE POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA PARA RENDIMENTO E CAPACIDADE DE EXPANSÃO	283
EFETIVIDADE DA SELEÇÃO RECORRENTE GENOTÍPICA NO MELHORAMENTO DO ARROZ IRRIGADO	284
EFFECT OF EXPERIMENTAL IMBALANCE ON MAIZE SINGLE-CROSS GENOMIC PREDICTION	285
EFFECT OF F ₁ AND F ₂ GENERATIONS ON GENETIC VARIABILITY BETWEEN DOUBLED-HAPLOID LINES IN TROPICAL MAIZE	286
EFFECTS OF POPULATIONS AND GENERATIONS IN THE SELECTION OF PROGENIES IN AUTOGENOUS PLANTS	287
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PER SE E EM HÍBRIDOS SIMPLES PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS NO MILHO	288
EFICIÊNCIA DO ÍNDICE Z NA SELEÇÃO INDIRETA PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM ARROZ	289
EFICIÊNCIA TÉCNICA DA RESISTÊNCIA GENÉTICA DA TECNOLOGIA INOX SOBRE <i>Phakopsora pachyrhizi</i> NA REGIÃO SUDOESTE DO PARANÁ	290
EMPREGO DO ÍNDICE DE RANKS NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE ARROZ	291
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS MALTEIRAS DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO	292
ESTIMATIVA DE HETEROSE EM HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIA A BIPOLARIS MAYDIS	293
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA NO ESTADO DO PARÁ	294
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO COMUM CULTIVADO NO CARIRI CEARENSE	295
ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS EM CICLO INICIAL DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO NO CARIRI CEARENSE	296

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE QUINZE POPULAÇÕES DE MILHO PERTENCENTES AO BANCO DE GERMOPLASMA DO IFES CAMPUS ITAPINA.....	297
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM CRAMBECULTIVADO EM DIFERENTES LOCAIS E ANOS.....	298
ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO PARA O CARÁTER RAIZ EM FEIJÃO BASEADO EM SUA HERANÇA GENÉTICA	299
ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NA OBTENÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA BRANCA.....	300
ESTRESSE HÍDRICO EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA: CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE COMPONENTES DE RENDIMENTO E CARACTERES FISIOLÓGICOS.....	301
ESTRESSE HÍDRICO EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA: CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE COMPONENTES DE RENDIMENTO E CARACTERÍSTICAS DE ARQUITETURA DE RAÍZES.....	302
ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO NO ESTADO DE MINAS GERAIS	303
ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS x AMBIENTES EM ENSAIOS FINAIS DE TABACO	304
ESTUDO DE CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA PARA TEOR DE ÓLEO EM LINHAGENS E HÍBRIDOS F1 DE SOJA	305
ESTUDO DE MAPEAMENTO ASSOCIATIVO AMPLO (GWAS) VISANDO RESISTÊNCIA A CERCOSPORIOSE EM ACESSOS TROPICAIS DE MILHO COMUM E PIPOCA	306
ESTUDO DO POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES F3 DE FEIJÃO-CAUPI.....	307
ESTUDO DO POTENCIAL PRODUTIVO EM DIFERENTES GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI.....	308
ESTUDO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO PIPOCA	309
EXPRESSÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E CORRELAÇÃO COM A PRODUTIVIDADE DA SOJA NA REGIÃO DE SETE LAGOAS – MG	310
FEIJÃO VERMELHO DE PORTE ERETO PARA A ZONA DA MATA MINEIRA	311
FENOTIPAGEM DE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI PARA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO	312
FENOTIPAGEM DE LINHAGENS DE FEIJÃO A NEMATOIDES	313
Floretes e anteras: possíveis marcadores morfológicos na determinação do estágio uninucleado do micrósporo para a produção de duplo-haploides em <i>Zea mays</i> L.	314
GANHOS GENÉTICOS EM CARACTERES AGRONÔMICOS E TECNOLÓGICOS DE GENÓTIPOS ELITE DE ALGODOEIRO.....	315
GANHOS GENÉTICOS POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM MILHO VERDE VISANDO EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO	316
GENETIC CONTROL AND COMBINING ABILITY IN TROPICAL MAIZE OF ITS SYMBIOSIS WITH <i>Azospirillum brasiliense</i>	317
GENETIC DIVERSITY IN BRAZILIAN'S CORN LANDRACES TO PHOSPHORUS USE AND EFFICIENCY	318
GENOMIC PREDICTION OF MAIZE HYBRIDS OBTAINED WITHIN AND BETWEEN ADMIXTURE GROUPS.....	319
GENOMIC STUDY OF SOYBEAN GERMOPLASM FOCUSING ON OIL CONTENT	320
GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO TOLERANTES À SECA AVALIADOS EM FUNÇÃO DE DOSES DE POTÁSSIO	321
GWAS IN MAIZE LINES REVEALED GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH ROOT TRAITS AND NITROGEN USE EFFICIENCY UNDER FIELD CONDITIONS	322

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO FEIJOEIRO-COMUM AO ISOLADO DE FOP UFV 01 DE <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>phaseoli</i>	323
HETEROSE EM HÍBRIDOS DE SORGO GRANÍFERO PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS	324
IAC SINTONIA – CULTIVAR DE FEIJOEIRO DE TEGUMENTO CARIOCA.....	325
IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA NO GERMOPLASMA DE FEIJOEIRO DA UFLA À RAÇA 63-63 DE <i>Pseudocercospora griseola</i>	326
IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI ADAPTADOS ÀS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DE IMPERATRIZ, MA	327
IDENTIFICAÇÃO DE HAPLOIDES MATERNAIS PELA MORFOMETRIA DOS ESTÔMATOS FOLIARES EM POPULAÇÕES DE MILHO SUPERDOCE	328
IDENTIFICAÇÃO DE HÍBRIDOS EM SOJA UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES.....	329
IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES SNPs ASSOCIADOS COM A RESISTÊNCIA A GERMINAÇÃO PRÉ-COLHEITA EM TRIGO VIA ASSOCIAÇÃO GENÔMICA.....	330
IDENTIFICAÇÃO DE POTENCIAIS GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA EM CONDIÇÕES COM RESTRIÇÃO DO NUTRIENTE FÓSFORO	331
IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS POR MEIO DO EMPREGO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO.....	332
IMPACTO DO USO DE MARCADORES SSR-ESTs NA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO-PIPOCA SOB SELEÇÃO RECORRENTE	333
IMPLEMENTAÇÃO DA TERMOMETRIA AO INFRAVERMELHO NA PREDIÇÃO DE TOLERÂNCIA AO CALOR EM CULTIVARES DE TRIGO PLANTADO EM VASOS BAIXO CONDIÇÕES DE CAMPO	334
INTERAÇÃO PROGÊNIES x ÉPOCAS E SELEÇÃO PARA O COZIMENTO DOS GRÃOS DO FEIJOEIRO	335
IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPO x LOCAL NA SELEÇÃO EM SORGO SACARINO.....	336
IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES NA ASSOCIAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE FLORES E O VINGAMENTO FLORAL NO FEIJOEIRO.....	337
IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X ANOS AGRÍCOLAS NA SELEÇÃO EM SORGO SACARINO	338
IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO PROGÊNIES x AMBIENTES NA EFICIÊNCIA SELETIVA EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DO FEIJOEIRO	339
INCIDENCE OF CORN STUNT ON DIALLEL GENOTYPES IN SECOND CROP SEASON	340
INCLUSÃO DE ENSAIOS PRÉVIOS PARA O AUMENTO DA EFICIÊNCIA SELETIVA DE LINHAGENS DE SOJA	341
ÍNDICE DE SELEÇÃO PARA ESCOLHA DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS EM MILHO COMUM	342
ÍNDICE DE SELEÇÃO PARA PRODUTIVIDADE E COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE GRÃOS EM LINHAGENS DE SOJA TIPO ALIMENTO.....	343
ÍNDICE DE VEGETAÇÃO DA DIFERENÇA NORMALIZADA E PRODUTIVIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO PRECOCE.....	344
INDUÇÃO DE MUTAÇÃO EM FISÁLIS COMO ESTRATÉGIA NA SELEÇÃO DE CARACTERES QUANTITATIVOS.....	345
INFLUÊNCIA DO NÚMERO DE GRÃOS POR VAGEM NA PRODUTIVIDADE DE CULTIVARES DE SOJA	346
INHERITANCE OF RESISTANCE TO FUSARIUM WILT IN COMMON BEAN	347

INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES PARA QUALIDADE COMERCIAL DE GRÃOS E PRODUTIVIDADE EM FEIJOEIRO-COMUM DO TIPO CARIOCA	348
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE DE CULTIVARES DE MAMONEIRA VIA GGE Biplot	349
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE FEIJÃO COMUM EM DOURADOS-MS.....	350
INTERAÇÃO GENÓTIPOS × AMBIENTES DE CULTIVARES DE FEIJOEIRO COMUM SOB SISTEMA DA AGRICULTURA NATURAL	351
INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE LINHAGENS DE SOJA ESPECIAIS PARA ALIMENTAÇÃO HUMANA.....	352
INTRODUÇÃO DO SUPER-CARÁTER "VOLUME DE PIPOCA EXPANDIDA" NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA DA UENF353	
ISOLATES CHARACTERIZATION OF Colletotrichum lindemuthianum IN COMMON BEAN CROP IN PARANA STATE	354
MAPEAMENTO DE QTL ENVOLVIDO NA RESISTÊNCIA AO NEMATÓIDE DAS GALHAS EM ALFACE	355
MAPEAMENTO E DETECÇÃO DE QTL EM MANDIOCA	356
MAPPING OF RESISTANCE LOCI IN SOYBEAN TO CYST NEMATODE RACE 1 WITH SSR MARKERS	357
MARCADORES DART-SEQ (IN SILICO E SNPS) NO ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO EM ACESSOS JAPONESES DE ARROZ.....	358
MELHORAMENTO DA SOJA PARA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES NA REGIÃO DO SUL DE MINAS GERAIS.....	359
METODOLOGIA PARA ESPORULAÇÃO DE Pseudocercospora griseola in vitro.....	360
METODOLOGIAS DE ANÁLISES DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICA NA CULTURA DA SOJA	361
MODELAGEM DO ACÚMULO DE SÓLIDOS SOLÚVEIS NO COLMO de genótipos de sorgo sacarino	362
MODELO PREDITOR DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS PARA HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO EM FUNÇÃO DO NÍVEL DE DESFOLHA	363
MULTI-TRAIT BLUP FOR SIMULTANEOUS SELECTION OF YIELD AND EARLINESS IN TROPICAL MAIZE LINES	364
MULTI-TRAIT GENOMIC PREDICTION FOR NITROGEN RESPONSE INDICES IN TROPICAL MAIZE HYBRIDS	365
NITROGEN USE EFFICIENCY IN OPEN-POLLINATED VARIETIES OF MAIZE	366
NUEVA ESCOBA BLANCA, VARIEDAD DE SÉSAMO DISPONIBLE PARA LOS PEQUEÑOS PRODUCTORES DE PARAGUAY.....	367
O ESCURECIMENTO DE GRÃOS EM FEIJOEIRO-COMUM COM DIFERENTES ORIGENS É CONTROLADO PELO MESMO GENE?	368
ORS 1403 CULTIVAR DE TRIGO PÃO E ALTA SANIDADE FOLIAR.....	369
PARÂMETROS GENÉTICOS DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE MILHO CRIOULO	370
PARÂMETROS GENÉTICOS DE ACESSOS ELITE DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO EM AVALIAÇÃO LOCAL E TEMPORAL	371
PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DE PROGÊNIES F _{2:3} DE TOMATEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA A MURCHA BACTERIANA	372
PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS NO MELHORAMENTO DE MILHO SUPERDOCE PELO PROCEDIMENTO REML/BLUP	373
PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM COM GRÃOS PRETOS RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSÁRIO.....	374

PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS DE AVEIA BRANCA SOB DOIS MÉTODOS DE CONDUÇÃO.....	375
PERFORMANCE OF SOYBEAN CROSSES THROUGH DIALLEL ANALYSIS IN CONTRASTING RUST ENVIRONMENTS	376
PHENOLOGICAL DEVELOPMENT AND FLOWERING SYNCHRONY IN S ₁ , S ₂ AND S ₃ FAMILIES OF MAIZE LANDRACES	377
PLASTICIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS.....	378
POPULATION STRUCTURE OF COMMON BEAN LINES FROM VCU TESTING OF SOUTH REGION OF BRAZIL.....	379
POTENCIAL DA POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS DO FEIJOEIRO APÓS 15 CICLOS	380
POTENCIAL DE INDUÇÃO DE HAPLOIDES EM MILHO.....	381
POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO COMUM NO VALE DO SUBMÉDIO SÃO FRANCISCO	382
POTENCIAL DE PROGÊNIES DE FEIJÃO CARIOCA QUANTO A RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-FUSÁRIO	383
POTENCIAL GENÉTICO DE GENÓTIPOS DE CÁRTAMO PARA PRODUÇÃO DE ÓLEO	384
POTENCIAL GENÉTICO DE GENÓTIPOS PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E QUALIDADE DE GRÃOS EM FEIJOEIRO COMUM.....	385
POTENCIAL GENÉTICO DE LINHAGENS ELITE DE FEIJOEIRO-COMUM DE GRÃOS CARIOCA PARA FIXAÇÃO BIOLÓGICA DE NITROGÊNIO	386
POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE FEIJÃO-CAUPI	387
POTENCIAL GENÉTICO DE UMA POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA PRODUTIVIDADE EM FEIJOEIRO-COMUM.....	388
POTENCIAL GERMINATIVO E DESENVOLVIMENTO INICIAL DE INDUTORES DE HAPLODIA EM MILHO ADAPTADOS AO AMBIENTE TROPICAL	389
POTENCIAL NA HIBRIDAÇÃO ENTRE CULTIVARES DE FEIJÃO DO GRUPO ANDINO E MESOAMERICANO	390
POTENCIAL PRODUTIVO E VARIABILIDADE GENÉTICA EM COMPOSTO DE MILHO COM POTENCIAL PARA RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE	391
POTENTIAL OF CORN GENOTYPES INTERCROPPED WITH BRACHIARIA IN CENTRAL TOCANTINS.....	392
PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO EM HÍBRIDOS DE SORGO UTILIZANDO MODELO ADITIVO-MATerno MULTICARACTERÍSTICO	393
PREDIÇÃO DE GANHO POR ÍNDICE DE SELEÇÃO NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO COMUM.....	394
PREDIÇÃO DE GANHOS EM PROGÊNIES DO SEXTO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO	395
PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM MILHO VERDE VISANDO MAIOR capacidade fotossintética.....	396
PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM MILHO VISANDO O CONSUMO IN NATURA	397
PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE MILHO PIPOCA	398
PRODUTIVIDADE DE GENÓTIPOS DE MILHO INOCULADOS COM <i>Azospirillum brasilense</i>	399
PRODUTIVIDADE DE LINHAGENS DE MAMONA EM DIFERENTES LOCAIS E EM ÉPOCAS DE SEMEADURA.....	400

PRODUTIVIDADE E TEMPO DE COCÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO EM DIFERENTES AMBIENTES E ÉPOCAS DE CULTIVO.....	401
PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA AGRICULTURA FAMILIAR EM GOIÁS	402
PROGRESSO GENÉTICO DA REAÇÃO A BRUSONE NAS FOLHAS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS.....	403
PROGRESSO GENÉTICO DO FEIJOEIRO, BASEADO NA ANÁLISE AGRUPADA COM TESTEMUNHAS COMUNS	404
COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS ELITE DE ARROZ IRRIGADO EM ENSAIOS VCU'S EM MINAS GERAIS: SAFRA 2015/2016.....	405
RENDIMENTO DE GRÃOS E CARACTERES AGRONÔMICOS ASSOCIADOS NO MELHORAMENTO DE SOJA NO BRASIL	406
PROGRESSO GENÉTICO E EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE TERRAS ALTAS VIA MODELOS MISTOS	407
PROGRESSO GENÉTICO E SELEÇÃO DE LINHAGENS PRECOSES EM ARROZ DE TERRAS ALTAS.....	408
QTL MAPPING FOR PHOSPHORUS EFFICIENCY IN SORGHUM	409
QTL MAPPING OF MULTIPLE TRAITS IN MAIZE: GRAIN YIELD AND KERNEL TRAITS	410
QTL REGIONS AND CANDIDATE GENES ASSOCIATED WITH TUBER SPROUTING IN POTATO.....	411
QTLs ASSOCIATED WITH HYDRIC STRESS IN COMMON BEAN	412
QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE VARIEDADES DE MILHO CRIOULO DO BANCO DE SEMENTES DO MATO GROSSO DO SUL.....	413
QUANTIFICAÇÃO DO TEOR DE ÓLEO EM MAMONEIRA: OTIMIZANDO O MÉTODO GRAVIMÉTRICO.....	414
REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE <i>Phaseolus vulgaris</i> A DIFERENTES DENSIDADES POPULACIONAIS DO CARUNCHO <i>Zabrotes subfasciatus</i>	415
REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA AO NEMATOIDE <i>Meloidogyne javanica</i>	416
REAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO COMUM À <i>Xanthomonas axonopodis</i> pv.	417
REAÇÃO DE MULTILINHAS E LINHAGENS DE FEIJOEIRO À MISTURA DE RAÇAS DE <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	418
REAÇÃO DE PROGÊNIES DO FEIJOEIRO À DIFERENTES RAÇAS DO AGENTE CAUSAL DA ANTRACNOSE	419
RECOMENDAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA COM ALTA ESTABILIDADE PARA O CERRADO UTILIZANDO MODELO AMMI	420
REDE DE CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES FENOTÍPICOS DE CULTIVARES DE <i>Coffea arabica</i>	421
REDES NEURAIS ARTIFICIAIS E ANÁLISE DISCRIMINANTE LINEAR COMO ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM SOJA	422
RESGATE DE EMBRIÕES E TRATAMENTOS ALTERNATIVOS À COLCHICINA PARA A DUPLICAÇÃO CROMOSSÔMICA EM MILHO.....	423
RESISTÊNCIA A MÚLTIPLAS DOENÇAS EM ACESSOS DE MILHO-PIPOCA PROVENIENTES DO CIMMYT.....	424
RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO AO <i>Zabrotes subfasciatus</i> ATRAVÉS DO TESTE SEM CHANCE DE ESCOLHA.....	425
RESPONSIVIDADE DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS VIA REGRESSÃO NÃO-LINEAR.....	426
SCREENING NÃO-DESTRUTIVO DE GENÓTIPOS DE EUCALIPTO RESISTENTE A MURCHA-DE-CERATOCYSTIS PELO MÉTODO DE DISCO FOLIAR.....	427

Seleção de cultivares precoce de soja para a região Sul de Minas Gerais.....	428
SELEÇÃO DE GENITORES PARA A OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DE SORGO GRANÍFERO COM ALTO DESEMPENHO PRODUTIVO	429
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI SUPERIORES EM ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS VERDES VIA GGE BILOT	430
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO POR MEIO DE SEDIMENTAÇÃO EM SDS	431
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA COM BASE NA QUALIDADE MALTEIRA PARA O AMBIENTE IRRIGADO DO CERRADO	432
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA DIFERENTES ESTRATÉGIAS MULTIVARIADAS	433
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO EM VÁRIOS AMBIENTES	434
SELEÇÃO de híbridos de milho para precocidade em condições de estresse de N	435
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO TOLERANTES AO ESTRESSE HÍDRICO DURANTE A EMERGÊNCIA DE PLÂNTULAS.....	436
SELEÇÃO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA EM ENSAIOS DE VCU POR MEIO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO	437
SELEÇÃO DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E RESISTÊNCIA À DOENÇAS.....	438
SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA DE COZIMENTO RÁPIDO E DE ESCURECIMENTO TARDIO	439
SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO COM ARQUITETURA DE PLANTA ERETA COM MAIOR PRECISÃO EXPERIMENTAL.....	440
SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO DE COZIMENTO RÁPIDO BASEADA EM CARACTERES MORFOLÓGICOS DOS GRÃOS	441
SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PARA QUALIDADE TECNOLÓGICA E CONCENTRAÇÃO DE MINERAIS	442
SELEÇÃO DE LINHAGENS ELITE DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA RESISTÊNCIA À DOENÇAS.....	443
SELEÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE FEIJÃO POR DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO.....	444
SELEÇÃO DE LINHAGENS PRECOSES DE FEIJÃO COM O USO DE DIFERENTES ESTATÍSTICAS	445
SELEÇÃO DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJÃO DO GRUPO CARIOCA COM ALTO POTENCIAL DE RENDIMENTO, AMPLA ADAPTAÇÃO E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO.....	446
Seleção de marcadores SNP em sorgo para recuperação do genoma recorrente em RETROCRUZAMENTO ASSISTIDO.....	447
SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE FEIJOEIRO COMUM TOLERANTES AO DÉFICIT HÍDRICO	448
SELEÇÃO DE PROGÊNIES PRECOCE DE SOJA PARA A REGIÃO SUL DE MINAS GERAIS	449
SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES DE SOJA ORIUNDAS DE TOPOCRUZAMENTOS TIPO GRÃO X TIPO ALIMENTO POR MEIO DE MODELOS MISTOS.....	450
SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA DE LINHAGENS DE FEIJÃO COM BASE EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS	451
SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA PARA COMPONENTES DE EFICIÊNCIA NO USO DE FÓSFORO EM MILHO-PIPOCA EM AVALIAÇÃO PRECOCE	452
SELEÇÃO E DIVERSIDADE AGRONÔMICA E DE QUALIDADE MALTEIRA DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA NO AMBIENTE IRRIGADO DO CERRADO.....	453

SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO UTILIZANDO AMMI-BAYESIANO.....	454
SELEÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA PREDIÇÃO DO DESEMPENHO DE POPULAÇÕES HÍBRIDAS DE SOJA.....	455
SELEÇÃO INDIVIDUAL COM TESTE DE PROGÊNIES EM POPULAÇÃO LOCAL DE FEIJÃO DO TIPO “DARK RED KIDNEY”	456
SELEÇÃO PARA A QUALIDADE FÍSICA DE GRÃOS EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS.....	457
SELEÇÃO PRECOCE DE PROGÊNIES SUPERIORES DE SOJA POR ABORDAGEM MULTIVARIADA.....	458
SELEÇÃO RECORRENTE EM FEIJÃO VISANDO RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO EM CASA DE VEGETAÇÃO	459
SELEÇÃO RECORRENTE GENÔMICA NO MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA DA UENF.....	460
SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-DE-METRO PARA PRODUÇÃO, CICLO DE MATURAÇÃO, REAÇÃO A PRAGAS E DOENÇAS E QUALIDADE COMERCIAL	461
SELEÇÃO VIA BLUP DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS EM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO CARIOCA	462
SELECCIÓN DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE MAÍZ PICHINGA REDONDO POR CAPACIDAD DE EXPANSIÓN	463
SELECTION OF SOYBEAN LINES TOLERANT TO ASIAN RUST	464
SORGO SACARINO NO CERRADO E NA MATA ALTERADA DE RORAIMA	465
TEMPO DE ARMAZENAMENTO NA QUALIDADE INDUSTRIAL DE GRÃOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS.....	466
TEORES DE CLOROFILA TOTAL E MASSA DE RAIZ EM GENÓTIPOS DE SOJA SOB CONDIÇÃO DE DEFICIT HIDRICO.....	467
TOLERANCE TO ALUMINUM TOXICITY IN IRRIGATED RICE CULTIVARS	468
TOLERÂNCIA À ALTA TEMPERATURA EM FEIJOEIRO COMUM	469
TOLERÂNCIA AO ACAMAMENTO E QUEBRANTAMENTO DE 36 VARIEDADES DE MILHO EM RIO BRANCO - ACRE.....	470
TOLERÂNCIA AO FRIO EM ARROZ (<i>Oryza sativa</i>).....	471
USO DO COMPRIMENTO DE CÉLULAS-GUARDA DE ESTÔMATOS NO DESCARTE DE DIPLOIDES EM MEIO A HAPLOIDES PUTATIVOS.....	472
UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM SORGO BIOMASSA.....	473
UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃO COMPLETOS EM MILHO PIPOCA	474
VARIABILIDADE GENÉTICA E IMPORTÂNCIA RELATIVA DE CARACTERES EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO CARIOCA	475
VARIABILIDADE GENÉTICA EM ISOLADOS DE <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	476
VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES SEGREGANTES QUANTO A CARACTERES ADAPTATIVOS EM FEIJÃO	477
VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES AGRONÔMICOS EM UM PAINEL DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL	478
VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES DE MORFOLOGIA DE RAIZ EM LINHAGENS DE MILHO AVALIADAS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE FÓSFORO	479
VARIABILIDADE GENÉTICA PARA MORFOLOGIA DE RAIZ EM UM PAINEL DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL AVALIADAS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO.....	480

VARIABILIDADE NAS PERDAS DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO COM A ANTECIPAÇÃO DA COLHEITA	481
VARIAÇÃO DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS E BIOLÓGICOS EM GENÓTIPOS DE TRIGO	482
VARIAÇÃO GENOTÍPICA E CORRELAÇÕES PARA ARQUITETURA DE PLANTA ENTRE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO AVALIADOS EM BAIXO NITROGÊNIO	483
VARIAÇÃO GENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO – UFV, NA SAFRA 2015/2016	484
VARIÂNCIA GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES SOB SIMULAÇÃO COM O DECORRER DA ENDOGAMIA.....	485
VIRULÊNCIA DE LINHAGENS de <i>Colletotrichum</i> OBTIDAS A PARTIR DE LESÕES DE SARNA E ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO	486
Melhoramento Genético de Espécies Perenes	487
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PELA METODOLOGIA AMMI	488
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES RB DE CANA-DE-AÇÚCAR	489
AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS DE <i>Fusarium solani</i> EM MARACUJÁ AMARELO	490
AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE GOIABEIRAS PELAS CARACTERÍSTICAS DOS FRUTOS.....	491
ANÁLISE DE RESISTÊNCIA A PINTA PRETA (<i>Asperisporium caricae</i>) EM FRUTOS E MAMÃO VIA ENSAIO DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS	492
ANÁLISE FÍSICA DE FRUTOS DE MARACUJÁ AZEDO PRODUZIDOS NO DISTRITO FEDERAL	493
ANÁLISE IN SILICO DE DNA CLOROPLASTIDIAL DE <i>Pinus</i> spp.	494
AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE PROGÊNIES F ₄ DE MAMOEIRO VIA FENOTIPAGEM DIGITAL.....	495
AVALIAÇÃO DA ESTERILIDADE DE VERÃO E DAS DEFORMAÇÕES DE FRUTOS DE MAMOEIRO DE UMA POPULAÇÃO BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE.....	496
AVALIAÇÃO DA REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE <i>Tectona grandis</i> Á <i>Olivia neotectonae</i>	497
AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE <i>Passiflora cristalina</i> À PODRIDÃO DO COLO	498
AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE MAMOEIRO QUANTO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES	499
AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS INTERMEDIÁRIOS E LINHAGENS S2 DE MILHO	500
AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS PARA O DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES DE UVAS SEM SEMENTES NOSEMIÁRIDO BRASILEIRO	501
AVALIAÇÃO FENOTÍPICA DE UMA POPULAÇÃO DE MARACUJÁ DOCE (<i>Passiflora alata</i> . CURTIS) SELECIONADA PARA QUALIDADE DE FRUTOS	502
AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE <i>Pinus elliotti</i> NO SUL DE MINAS GERAIS	503
CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE SEMENTES ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS ENTRE PLANTAS DE MACAÚBA DE DIREFERENTES ECOTIPOS	504
CARACTERÍSTICAS PARA A SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE EUCALIPTO TOLERANTES E SUSCETÍVEIS A SECA DE PONTEIROS ASSOCIADA AO DÉFICIT HÍDRICO	505
CARACTERIZAÇÃO BROMATOLÓGICA DOS FRUTOS DE GENÓTIPOS DE GOIABEIRAS	506
CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL PRODUTIVO DA MACAÚBA (<i>Acrocomia aculeata</i> (Jacq.) Lodd ex Mart.)	507

CARACTERIZAÇÃO E VALIDAÇÃO DE LOCOS MICROSSATÉLITES NO GENOMA DE <i>Handroanthus impetiginosus</i> E AMPLIFICAÇÃO CRUZADA EM ESPÉCIES RELACIONADAS	508
COMPARAÇÃO DE DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR	509
COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE SELEÇÃO DE <i>EUCALYPTUS</i> SPP. EM TESTES CLONAIIS POR MEIO DO SOFTWARE SELEGEN.....	510
COMPONENTES PRIMÁRIOS E SECUNDÁRIOS DA PRODUTIVIDADE DE CAFÉ BENEFICIADO DE <i>Coffea canephora</i>	511
CORRELAÇÕES CANÔNICAS PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E QUALIDADE DE FRUTOS DE MARACUJAZEIRO VIA BLUP	513
CRUZAMENTO DIRIGIDO EM MACAÚBA - <i>Acrocomia aculeata</i>	514
DESEMPENHO EM CRESCIMENTO DE ESPÉCIES DO GÊNERO <i>Pinus</i> spp. E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS	515
AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS PARA O DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES DE UVAS SEM SEMENTES NOSEMIÁRIDO BRASILEIRO	516
DESENVOLVIMENTO DE PLÂNTULAS DE ESPÉCIES DE EUCALIPTO SOB DEFICIT HÍDRICO	517
DESENVOLVIMENTO INICIAL DE PROGÊNIES DE <i>Handroanthus chrysanthus</i>	518
DETERMINAÇÃO DA ORIGEM AUSTRALIANA DAS POPULAÇÕES DE <i>EUCALYPTUS GRANDIS</i> , UTILIZANDO DNA FINGERPRINT	519
DETERMINAÇÃO DO NÚMERO DE SAFRAS PARA CARACTERES DE FRUTOS DE GOIABEIRA VIA MODELOS MISTOS.....	520
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MARACUJAZEIRO AZEDO ATRAVÉS DA METODOLOGIA WARD-MLM	521
DIVERSIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO BASE UCP-C0 DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MAMOEIRO UENF/CALIMAN.....	522
EFEITO DA SOBREVIVÊNCIA SOBRE O INCREMENTO MÉDIO ANUAL EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>PINUS MAXIMINOI</i>	523
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO MULTIVARIADA PARA DOIS CARACTERES EM PROGÊNIES DE CAFEEIRO	524
EMPREGO DA TÉCNICA POST-HOC BLOCKING NO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO AZEDO.....	525
ENXERTIA DE ESPÉCIES DE <i>Eucalyptus</i> TOLERANTES A FRIO PARA FORMAÇÃO DE POMAR DE POLINIZAÇÃO CONTROLADA.....	526
ESTABILIDADE TEMPORAL EM CLONES HÍBRIDOS DE <i>Eucalyptus grandis</i> X <i>E. urophylla</i>	527
ESTIMATIVA DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES DE CAFÉ ARÁBICA.....	528
Estimativa de parâmetroS genéticos em teste de progênies de segunda geração de <i>Araucaria angustifolia</i>	529
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES FITOQUÍMICOS DE ERVA-MATE.....	530
ESTIMATIVA DE REPETIBILIDADE PARA SEVERIDADE DE PINTA-PRETA EM FOLHAS DE MAMOEIRO.....	531
ESTIMATIVAS DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>Pinus maximinoi</i>	532
ESTRUTURA DE POPULAÇÕES E DIVERSIDADE GENÉTICA DE <i>Coffea arabica</i> ANALISADAS POR MARCADORES MOLECULARES SNP	533

ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE <i>Psidium</i> spp POR MEIO DE ABORDAGEM BAYESIANA	534
ESTUDO DE FAMÍLIAS PARA SELEÇÃO DE CLONES PROMISSORES EM CANA-ENERGIA	535
ESTUDO DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA FENOTÍPICA PARA CARACTERES DE PRODUTIVIDADE EM CANA-DE-AÇÚCAR.....	536
FENOLOGIA DE ACESSOS DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE UVAS PARA MESA DO INSTITUTO AGRONÔMICO.....	537
FENOTIPAGEM DIGITAL EM SEMENTES DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE <i>Passiflora</i> spp.	538
FIRMEZA DOS FRUTOS DE GOIABA NO AMADURECIMENTO PÓS-COLHEITA.....	539
FORMAÇÃO DA POPULAÇÃO DE MELHORAMENTO DE <i>EUCALYPTUS UROPHYLLA</i> COM FAMÍLIAS MULTIPROCEDÊNCIA DE DUAS REDES EXPERIMENTAIS.	540
GANHO DE PRODUTIVIDADE NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS CLONAIIS DE <i>Eucalyptus grandis</i> Hill ex-Maiden.....	541
GANHOS DE SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS DE ACACIA MANGIUM AVALIADAS EM BARRA DO GARÇAS-MT	542
GENETIC PARAMETERS AND GENOTYPE-BY-ENVIRONMENT INTERACTION IN <i>Corymbia citriodora</i> HOOK.....	543
GRAUS-DIA NECESSÁRIOS PARA O CICLO DE MATURAÇÃO DOS FRUTOS DE <i>Coffea canephora</i>	544
HERDABILIDADE DE VARIÁVEIS RELACIONADAS A QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE MARACUJAZEIRO AZEDO	545
HERDABILIDADE REALIZADA PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS NO CAFEIEIRO.....	546
IAC 5377 - CLONE F ₁ DE CAFÉ ARÁBICA RESISTENTE À FERRUGEM.....	547
IDENTIFICAÇÃO DE CLONES DE <i>Eucalyptus</i> spp. PROMISSORES PARA GOIÁS.....	548
IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MAMÃO (<i>Carica papaya</i> L.) VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO	549
IDENTIFICAÇÃO DE MACROAMBIENTES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR VIA ANÁLISE DE AGRUPAMENTO.....	550
IDENTIFICAÇÃO DE MATRIZES SUPERIORES DE <i>Euterpe edulis</i>	551
IDENTIFICAÇÃO E VALIDAÇÃO DE MARCADORES SNP EM <i>Coffea canephora</i> USANDO SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO.....	552
INDUÇÃO DE CALOGÊNESE EM MACAÚBA SOB DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE AUXINA	553
MACRO E MICRONUTRIENTES RELACIONADOS À TOLERÂNCIA À SECA EM CAFEIEIROS.....	554
MARCADORES MOLECULARES ISSR APLICADOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO MARACUJAZEIRO AZEDO.....	555
MELHORAMENTO DO MARACUJAZEIRO: SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PRODUTIVOS EM POPULAÇÕES SEGREGANTES	556
MÍCROPROPAGAÇÃO DE CANELA SASSAFRÁS <i>Ocotea odorifera</i> (VEIL. ROHWER)	557
Modelos mistos generalizados na avaliação de dados categóricos de progênies de <i>Coffea arabica</i>	558
MUTAÇÃO DA MACIEIRA 'IMPERIAL GALA' PARA MAIOR ÁREA VERMELHA NOS FRUTOS.....	559
MUTAÇÃO DA MACIEIRA 'STAR GALA' COM RESISTÊNCIA À MANCHA FOLIAR DE GLOMERELLA E MAIOR ÁREA VERMELHA NA PELÍCULA DOS FRUTOS.....	560

NÚMERO DE URÉDIAS PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE <i>TECTONA GRANDIS</i> RESISTENTES À FERRUGEM	561
OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE <i>Passiflora</i> spp. VISANDO RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO COLO	562
PARÂMETROS FISIOLÓGICOS, BIOQUÍMICOS E DE CRESCIMENTO RELACIONADOS À TOLERÂNCIA À SECA EM CAFEEIROS	563
PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE <i>Eucalyptus pellita</i> F. MUELL EM SELVÍRIA-MS.....	564
PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE <i>Eucalyptus urophylla</i> S.T. BLAKE.....	565
PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES JUVENIS DE AÇAIZEIRO	566
PRÉ-MELHORAMENTO DO CAMUCAMUZEIRO PARA PRECOCIDADE DE PRODUÇÃO	568
PRODUTIVIDADE DE CULTIVARES DE CAFÉ ARÁBICA RESISTENTES À FERRUGEM EM FRANCA, SP.....	569
QUALIDADE DE BEBIDA DE CULTIVARES DE <i>Coffea arabica</i> EM FUNÇÃO DO PROCESSAMENTO PÓS-COLHEITA	570
QUALIDADE DE BEBIDA DE CULTIVARES DE <i>Coffea arabica</i> NA REGIÃO DAS MATAS DE MINAS	571
REPETILIDADE DE VARIÁVEIS FÍSICAS EM FRUTOS DE PEQUIZEIRO	572
REPRESENTATIVIDADE E DISCRIMINÂNCIA DE LOCAIS DE TESTE PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SOJA.....	573
RESGATE DE MATRIZES ADULTAS DE <i>Eucalyptus microcorys</i> POR MEIO DA PROPAGAÇÃO VEGETATIVA	574
RESISTÊNCIA AO ÁCARO VERMELHO EM LINHAGEM DE CAFÉ ARÁBICA COM INTROGRESSÃO DE GENES DE <i>Coffea racemosa</i>	575
RESISTÊNCIA DE CULTIVARES DE CAFÉ ARÁBICA À MANCHA AUREOLADA EM CONDIÇÕES DE CAMPO.	576
RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO AZEDO À ANTRACNOSE (<i>Colletotrichum gloeosporioides</i>), EM CONDIÇÕES DE CAMPO	577
RESISTÊNCIA DE MARACUJAZEIRO À VERRUGOSE EM AMBIENTE PROTEGIDO	578
SCS438 ZAFIRA – NOVA CULTIVAR DE AMEIXEIRA RESISTENTE À ESCALDADURA DAS FOLHAS (<i>Xylella fastidiosa</i>)	579
SELEÇÃO DE GENITORES DE CANA-ENERGIA (<i>Saccharum</i> spp.) VIA REML/BLUP.....	580
SELEÇÃO DE LARANJEIRAS CULTIVADAS NA MICRORREGIÃO DE GARANHUNS	581
SELEÇÃO DE MATRIZES DE SERINGUEIRA PARA O CARÁTER ALTURA COM BASE EM SOBREPOSIÇÃO DE GERAÇÕES.....	582
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> DEHNH POR DIFERENTES CARACTERES	583
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO LIVRE DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> Dhen EM CERRADOS DE BAIXA ALTITUDE	584
SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE EUCALIPTO TOLERANTES E SUSCETÍVEIS A SECA DE PONTEIROS ASSOCIADA AO DÉFICIT HÍDRICO.....	585
SELEÇÃO SIMULTÂNEA DOS COMPOSTOS BIOQUÍMICOS EM SEMENTES E CORRELAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Acrocomia aculeata</i> (Jacq.) Lodd. ex Mart.....	586
SUSCETIBILIDADE AO NEMATOIDE DA GALHA DA GOIABEIRA EM POPULAÇÃO INTERESPECÍFICA DE PSIDUIM SP.	587
TESTE DE PATERNIDADE EM PROGÊNIES DE GOIABEIRA PALUMA	588

TRADE-OFF no melhoramento genético da produtividade de <i>Pinus maximinoi</i>	589
USO DO ALGORITMO DE GOWER NA DETERMINAÇÃO DA VARIABILIDADE PATOGENICA DE ISOLADOS DE <i>Fusarium solani</i> ASSOCIADOS AO MARACUJAZEIRO	590
VARIABILIDADE E POTENCIAL DE GENÓTIPOS DE MAMOEIRO PARA RESISTÊNCIA A PINTA-PRETA.....	591
VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE <i>Coffea arabica</i> POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES AFLP	592
VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE <i>Eremanthus erythropappus</i> (DC.) MacLeish EM FASE DE MUDAS	593
VARIABILIDADE GENÉTICA E GANHO COM A SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE <i>Eucalyptus camaldulensis</i> Dhen.	594
VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE EUCALYPTUS.....	595
VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES JUVENIS DE IMPORTÂNCIA SILVICULTURAL EM PROCEDÊNCIAS DE <i>Eucalyptus viminalis</i> Labill	596
VARIAÇÃO GENÉTICA PARA O VOLUME DE MADEIRA EM PROGÊNIES DE <i>Astronium fraxinifolium</i> Schott CONSORCIADO COM DUAS ESPÉCIES ARBÓREAS NATIVAS	597
VARIAÇÃO GENÉTICA PARA O VOLUME DE MADEIRA EM PROGÊNIES DE <i>Myracrodruon urundeuva</i> EM CONSÓRCIO NA REGIÃO DO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE	598
 Melhoramento Genético de Espécies Forrageiras.....	 599
ANÁLISE DE TRILHA DE CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À FORRAGEM DE MILHO	600
POTENCIAL PRODUTIVO DE SEMENTES DE HÍBRIDOS DE <i>Brachiaria</i> spp. DA EMBRAPA GADO DE CORTE.....	602
CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES DE CAPIM-ELEFANTE PARA PRODUÇÃO DE ETANOL	603
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE VARIEDADES DE CAPIM- ELEFANTE COM POTENCIAL PARA CULTIVO NO CERRADO GOIANO.....	604
COMBINING ABILITYFOR TOTAL GREEN-MATTER YIELD UNDER LEVELS OF SOIL FERTILITY IN <i>Panicum maximum</i>	605
COMPORTAMENTO MEIÓTICO ANORMAL EM HÍBRIDOS INTRAESPECÍFICOS SEXUAIS DE <i>B. humidicola</i>	606
CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES EM HÍBRIDOS DE <i>Brachiaria</i> spp. SOB CORTE NO PERÍODO DAS ÁGUAS E DE SECA	607
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE CAPIM ELEFANTE EM CÁCERES-MT.	608
DESEMPENHO DE HÍBRIDOS E ECÓTIPOS DO GÊNERO <i>Paspalum</i> EM AMBIENTE SUBTROPICAL	609
DESEMPENHO FORRAGEIRO DE LINHAGENS S ₃ DE MILHO EM TOPCROSSES COM TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA	610
DESENVOLVIMENTO DE PLÂNTULAS DE AVEIA PRETA (<i>Avena strigosa</i> SCHEREB) EM RESPOSTA A AGENTES MUTAGÊNICOS QUÍMICOS	611
DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS FORRAGEIRAS DE MILHO E RESPECTIVOS CRUZAMENTOS TOPCROSSES	612
DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE	613
DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO PELO MÉTODO DE AGRUPAMENTO UPGMA.....	614

EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS SOBRE O PODER CALORÍFICO EM SORGO BIOMASSA.....	615
EMPREGO DE VARIÁVEIS CANÔNICAS NO ESTUDO DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE (<i>Pennisetum purpureum</i> SCHUM.).	616
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS EM HÍBRIDOS DE <i>Brachiaria</i> spp. PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E NUTRITIVOS.....	617
FORMAÇÃO DE “FUSOS CAÓTICOS” EM UM HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE <i>Brachiaria</i>	618
HOW TO ANALYZE GRADES IN <i>Urochloa ruziziensis</i> SELECTION? THE USE OF LINEAR AND GENERALIZED LINEAR MIXED MODELS.....	619
HOW TO ANALYZE GRADES IN <i>Urochloa ruziziensis</i> SELECTION? THE USE OF LINEAR AND GENERALIZED LINEAR MIXED MODELS.....	620
INCOMPATIBILIDADE GENÔMICA EM HÍBRIDO SEXUAL INTERESPECÍFICO DE <i>Brachiaria</i>	621
MÉRITO DE LINHAGENS DE MILHO EM CRUZAMENTOS TOPCROSSES QUANTO À PRODUTIVIDADE DE GRÃOS.....	622
MICROSPOROGÊNESE EM HÍBRIDOS INTERSPECÍFICOS SEXUAIS DE <i>Brachiaria</i>	623
OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DE <i>PASPALUM</i> SPP. E CERTIFICAÇÃO DA HIBRIDAÇÃO COM MARCADORES SSR e ISSR	624
POTENCIAL DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE FORRAGEIRA.....	625
POTENCIAL FORRAGEIRO DE ACESSOS DE GERMOPLASMA DO GÊNERO <i>PASPALUM</i> . ENSAIO 2013/2014	626
POTENCIAL FORRAGEIRO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE MILHO EM CRUZAMENTOS TOPCROSSES.....	627
POTENCIAL PRODUTIVO DE LINHAGENS S ₃ DE MILHO EM CRUZAMENTOS TOPCROSSES.....	628
RELAÇÕES DE CAUSA E EFEITO EM RELAÇÃO À CONTRIBUIÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À DIGESTIBILIDADE DA FORRAGEM DE MILHO	629
SELEÇÃO DE DESCRITORES E ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA NO GERMOPLASMA DE <i>Setária sphacelata</i> (Schumacher) Moss.....	630
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS VIA REML/BLUP	631
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE <i>Panicum maximum</i> : FORRAGEIRA DE ALTA PRODUTIVIDADE	632
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS SUPERIORES DE <i>BRACHIARIA DECUMBENS</i> PARA CARACTERES AGRONÔMICOS	633
SELECTION OF <i>Brachiaria</i> HYBRIDS USING INDICES	634
VALIDAÇÃO DE UM GENE CANDIDATO LIGADO À APOMIXIA EM UMA POPULAÇÃO SEGREGANTE DE <i>Brachiaria decumbens</i>	635
VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE VISANDO A PRODUÇÃO ENERGÉTICA	636
VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO	637
Melhoramento de Espécies Olerícolas, Ornamentais e Medicinais	638
ACIL-AÇÚCARES MEDIADORES DE RESISTÊNCIA A MOSCA-BRANCA EM GENÓTIPOS F ₂ RC ₂ DE TOMATEIRO	639
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES DE BATATA COM RESISTÊNCIA EXTREMA AO PVY.....	640

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE MORANGUEIRO.....	641
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE ALFACE EM DIFERENTES AMBIENTES.....	642
ANÁLISE DE CRESCIMENTO EM ESPÉCIES E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATEIRO	643
ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CAPSICUM ANNUUM POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	644
ANÁLISE DE REPETIBILIDADE EM VARIÁVEIS DO FRUTO DE MACAÚBA EM DIFERENTES LOCAIS DE MINAS GERAIS	645
ANÁLISE DE RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM <i>Capsicum frutescens</i> L.	646
ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM TOMATEIRO	647
ANÁLISE DE TRILHA PARA SELEÇÃO INDIRETA EM CRAVINAS ORNAMENTAIS	648
AVALIAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE CAPSICUM spp. COLETADOS NA FRONTEIRA BRASIL/PARAGUAI.....	649
AVALIAÇÃO DE CLONES AVANÇADOS DE BATATA PARA CARACTERES DE RENDIMENTO E QUALIDADE DE FRITURA	650
AVALIAÇÃO DE CLONES DE BATATA PARA ESTRESSE POR TEMPERATURA SUPRA-ÓTIMA EM AMBIENTE CONTROLADO.....	651
AVALIAÇÃO DE CULTIVARES DE MORANGUEIRO EM TRÊS AMBIENTES	652
AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE ABOBRINHAS SOB CULTIVO ORGÂNICO EM ANÁPOLIS-GO.....	653
AVALIAÇÃO DE RESISTÊNCIA EM <i>Capsicum</i> spp. À <i>Fusarium solani</i>	654
CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE HÍBRIDOS DE CEBOLA EM DIFERENTES DENSIDADES DE PLANTAS.....	655
CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE ABÓBORA COMUM PROVENIENTES DA REGIÃO CENTRO SUL DO ESTADO DO TOCANTINS.....	656
CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE AVE DO PARAÍSO POR MEIO DA ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	657
CARACTERIZAÇÃO DE CLONES DE BATATA-DOCE MANTIDOS EM BANCO DE GERMOPLASMA	658
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS DE QUIABO (<i>Abelmoschus esculentus</i> L.) POR MEIO DE MARCADORES AFLP	659
CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA EM ACESSOS DE <i>Capsicum</i> spp.....	660
CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS DE <i>Capsicum baccatum</i>	661
CARACTERIZAÇÃO PRELIMINAR DE LINHAGENS AVANÇADAS DE PIMENTA HABANERO (<i>Capsicum chinense</i>)	662
CLONES DE BATATAS TOLERANTES AO CALOR E COM RESISTÊNCIA À PODRIDÃO MOLE	663
COMPETIÇÃO DE CULTIVARES DE COENTRO SUBMETIDAS A DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE <i>Meloidogyne incognita</i> RAÇA 1	664
COMPETIÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATE TIPO SALADA INDETERMINADO	665
CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM <i>Capsicum annuum</i>	666
CORRELAÇÃO GENÉTICA, FENOTÍPICA E AMBIENTAL ENTRE CARACTERES QUANTITATIVOS DE PIMENTAS	667
DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE MANJERICÃO	668
DISSIMILARIADADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE <i>Capsicum</i> DO BANCO DE GERMOPLASMA DE HORTALIÇAS DA UFV.....	669

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIMENTAS <i>Capsicum</i> COM BASE EM CARACTERES DE FRUTO	670
DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE <i>Capsicum chinense</i> POR MEIO DE MARCADORES AFLP.....	671
DIVERSIDADE GENÉTICA EM <i>Capsicum</i> COM BASE EM DADOS QUANTITATIVOS	672
DIVERSIDADE GENÉTICA EM GERAÇÃO F ₂ de PIMENTA ORNAMENTAL.	673
DIVERVÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS SILVESTRES E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATEIRO BASEADA EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E FISIOLÓGICOS.....	674
EFEITO DE GENÓTIPO E DORMÊNCIA NA GERMINAÇÃO DE AQUÊNIOS DE MORANGUEIRO (<i>Fragaria x ananassa</i> Duch.).....	675
EFEITO DOS GENES B, og ^c , hp E t NA QUALIDADE DE FRUTOS DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO	676
ENSAIO DE CULTIVARES DE SALSA (<i>Petroselinum spp</i>) EM CANTEIRO SOB AMBIENTE PROTEGIDO	677
ÉPOCAS DE SEMEADURA DE CULTIVARES DE CEBOLA NA REGIÃO CENTRO SUL DO ESTADO DO TOCANTINS	678
ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE LINHAGENS DE MELANCIA EM VÁRZEA TROPICAL.....	679
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM ACESSOS DE BETERRABA COLETADOS EM PONTA PORÃ MS.....	680
ESTIMAÇÃO DO TAMANHO ÓTIMO DA PARCELA PARA AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE COENTRO QUANTO A REAÇÃO À <i>Meloidogyne incognita</i>	681
ESTIMATIVA DE HERDABILIDADE DE CARACTERES RELACIONADOS AO PORTE, PRODUÇÃO DE SEMENTES E FRUTOS DE ABÓBORA (<i>Cucurbita mosChata duchesne</i>)	682
ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA ENTRE ACESSOS DE <i>Capsicum</i>	683
ESTIMATIVA DE REPETIBILIDADE EM CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS NO MORANGUEIRO	684
ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARÁCTERES AGRONÔMICOS EM ACESSOS DE <i>Capsicum chinense</i>	685
ESTUDO DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE PIMENTA COM BASE EM CARACTERES QUANTITATIVOS.....	686
HERANÇA DA RESISTÊNCIA À MANCHA BACTERIANA EM POPULAÇÃO F _{2:3} de <i>Capsicum annum L.</i>	687
HERDABILIDADE DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS EM ABÓBORA	688
HETEROSE EM GENÓTIPOS DE MAXIXE	689
IDENTIFICAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COM APTIDÃO PARA A PRODUÇÃO DE ETANOL	690
IDENTIFICAÇÃO DE PARENTAIS CONTRASTANTES QUANTO A RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE EM <i>Capsicum frutescens</i>	691
IDENTIFICAÇÃO DE VARIEDADES DE MANDIOCA COM O GENE WAXY.....	692
IMPORTÂNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI.	693
LINHAGENS DE PIMENTA JALAPEÑO (<i>Capsicum annumm</i>) PARA COLHEITA MECANIZADA	694
LINHAS F _{2:3} DE <i>Capsicum annum var. annum</i> RESISTENTES À ANTRACNOSE	695
METODOLOGIA DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO TOLERANTES À SALINIDADE	696

PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA À MANCHA-BACTERIANA EM TOMATEIRO	697
AVALIAÇÃO DE RESISTÊNCIA EM <i>Capsicum</i> spp. À <i>Fusarium solani</i>	698
PÓS-COLHEITA DE GENÓTIPOS DE CEBOLA EM DIFERENTES DENSIDADES DE CULTIVO	699
POTENCIAL ANTIOXIDANTE EM <i>CAPSICUM FRUTESCENS</i>	700
PRODUTIVIDADE DE CLONES DE BATATA-DOCE EM CURITIBANOS - SC.....	701
PRODUTIVIDADE DE DIFERENTES CULTIVARES DE TOMATEIRO EM SISTEMA DE CULTIVO ORGÂNICO.	702
PRODUTIVIDADE DE MINIESTACAS DE SEIS CLONES DE BATATA EM DUAS DENSIDADES	703
REAÇÃO DE CLONES DE BATATA TOLERANTES AO CALOR À PINTA PRETA (<i>Alternaria grandis</i>).....	704
RENDIMENTO FOTOSSINTÉTICO E EFICIÊNCIA DO USO DA ÁGUA EM ACESSOS SILVESTRES E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATEIRO.....	705
RESISTANCE STABILITY OF TOMATO GENOTYPES TO <i>Xanthomonas perforans</i> ISOLATES	706
RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE CAUSADA POR <i>Colletotrichum gloeosporioides</i> EM ACESSOS DE <i>Capsicum chinense</i>	707
RESISTÊNCIA A <i>Phytophthora infestans</i> EM TOMATEIRO	708
RESISTÊNCIA GENÉTICA DE <i>Solanum habrochaites</i> A <i>Phytophthora infestans</i>	709
RETROCRUZAMENTO ASSISTIDO POR MARCADORES MICROSSATÉLITES DE GENÓTIPOS F ₂ RC ₂ DE TOMATEIRO RESISTENTES A ARTRÓPODES-PRAGA.....	710
SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES ISSR VISANDO A OBTENÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATE RESISTENTES A ARTRÓPODES-PRAGA.....	711
SELEÇÃO DE CLONES DE MORANGUEIRO A PARTIR DE CRUZAMENTOS INTRAESPECÍFICOS	712
SELEÇÃO DE DESCRITORES EM HÍBRIDOS DE ABÓBORA POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS	713
SELEÇÃO DE LINHAGENS MANTENEDORAS DA MACHO-ESTERILIDADE PELO USO DE MARCADORES MOLECULARES EM TRÊS CULTIVARES DE CEBOLA EM SANTA CATARINA	714
SELEÇÃO RECORRENTE EM ERVA-CIDREIRA [<i>Lippia alba</i> (Mill.) N. E. Br.]. VISANDO MAIOR PRODUÇÃO DE ÓLEO ESSENCIAL	715
TEMPERATURA BASE EM ESPÉCIES DE TOMATEIRO.....	716
TOLERÂNCIA AO CALOR APÓS VINTE ANOS DE PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE BATATA DA UFLA	717
VARIABILIDADE GENÉTICA VISANDO O POTENCIAL ORNAMENTAL DE ACESSOS DE <i>Capsicum</i> spp.....	718
VIABILIDADE DE GRÃOS DE PÓLEN E RECEPTIBILIDADE DO ESTIGMA EM ESPÉCIES DE TOMATEIRO	719
Recursos Genéticos.....	720
ALGORITMO DE GOWER NA ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE PIMENTA.....	721
AMPLA VARIABILIDADE NA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE <i>JATROPHA CURCAS</i> L. DA UFV: IMPORTÂNCIA DO LOCAL DE COLETA, DA AMOSTRAGEM E DO MODO DE IMPLANTAÇÃO.....	722

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO NATIVA DE <i>Myrcia lundiana</i> KIAERSK., UTILIZANDO MARCADORES ISSR	723
SELEÇÃO DE CARACTERES DE INTERESSE EM MILHO CRIOULO ATRAVÉS DE ANÁLISES DE CORRELAÇÃO.....	724
ANÁLISE DE CORRELAÇÃO ENTRE ACESSOS DE <i>Capsicum</i> EM REAÇÃO AO FUNGO <i>Colletotrichum gloeosporioides</i>	725
ANÁLISE QUÍMICA E POTENCIAL ANTIOXIDANTE DE ACESSOS DE <i>Croton grewoides</i> BAILL.	726
AValiação DA AGRESSIVIDADE DE SEIS ISOLADOS DE <i>Rhizoctonia solani</i> EM ACESSOS DE MELANCIA.....	727
AValiação DE GERMOPLASMA DE CACAU COM FOCO EM CONSERVAÇÃO GENÉTICA	728
CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM GENÓTIPOS LOCAIS DE FEIJÃO	729
CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE CANA-DE-AÇÚCAR QUANTO À PRODUTIVIDADE NO RIO GRANDE DO SUL	730
AValiação DE FRUTOS DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS ENTRE <i>Capsicum frutescens</i> e <i>C. baccatum</i>	731
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR QUANTO À MATURAÇÃO E TOLERÂNCIA AO FRIO NO MUNICÍPIO DE PELOTAS, RS	732
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS TRADICIONAIS DE MANDIOCA DE MESA ORIUNDOS DO PARANÁ E DE SANTA CATARINA.....	733
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM MAMOEIRO (<i>Carica papaya</i> L.) VISANDO A ELUCIDAÇÃO DA IDENTIDADE GENÉTICA DE PLANTA HERMAFRODITA IDENTIFICADA EM PROGÊNIE DIOICA.....	734
CARACTERIZAÇÃO TAXONÔMICA DOS ACESSOS DE BATATA-SILVESTRE DA EMBRAPA CLIMA TEMPERADO	735
CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE <i>Cattleya tigrina</i> A. RICH SOB CRESCIMENTO LENTO.....	736
DADOS EXTRÍNSECOS DE PASSAPORTE EM GERMOPLASMA DE PARENTES SILVESTRES DA BATATA: TIPOS DE SOLO	737
DESEMPENHO DE MUDAS DE PINHÃO-MANSO OBTIDAS A PARTIR DA MICROPROPAGAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES	738
DESENVOLVIMENTO DE PORTA-ENXERTOS DE CASTANHEIRA-DO-BRASIL VISANDO A FORMAÇÃO DE UM JARDIM CLONAL.....	739
DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO DE ESPÉCIES NATIVAS DE MARACUJÁ.....	740
DETERMINAÇÃO DE COLEÇÕES TEMÁTICAS DE ALGODOEIRO MOCÓ (<i>Gossypium hirsutum</i> raça <i>marie galante</i>) NO BRASIL USANDO MARCADORES SSR	741
DETERMINAÇÃO DO CONTEÚDO DE DNA. <i>guajava</i> e <i>P. cattleianum</i>	742
Diâmetro do dossel em população de tomate industrial com gene de nanismo	743
DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS REGENERANTES DE <i>Bertholletia excelsa</i> Bonpl.	744
DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIMENTAS E PIMENTÕES NO MUNICÍPIO DE FLORIANO, PI.....	745
DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE CINCO ESPÉCIES DO GÊNERO <i>PASSIFLORA</i> POR MEIO DE MARCADORES ISSR	746
DIVERGÊNCIA GENÉTICA ATRAVÉS DA ANÁLISE CONJUNTA DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES EM GENÓTIPOS DE MANGABEIRA.....	747
DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CARACTERES FÍSICOS DE FRUTOS DE GENÓTIPOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MACAÚBA DA EMBRAPA.....	748

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TRADICIONAIS DE FEIJÃO ROXINHO COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS	749
DIVERSIDADE DO GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE DO ESTADO DE SANTA CATARINA	750
DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE FEIJOEIRO POR MEIO DE MARCADORES ISSR	751
DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MELANCIA COM RESISTÊNCIA À FUSARIOSE.....	752
DIVERSIDADE GENÉTICA DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA (<i>Manihot esculenta</i> Crantz) CULTIVADAS NO NORTE DE MATO GROSSO	753
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE ALFAFA (<i>Medicago sativa</i> L.) COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES	754
DIVERSIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PEQUIZEIRO (<i>Caryocar brasiliense</i> Camb.).....	755
DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL EM POPULAÇÕES NATURAIS DE AÇAÍZEIRO.....	756
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TOMATEIRO SOB DÉFICIT HÍDRICO	757
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PLANTAS DA CULTIVAR DE FEIJÃO CARIOCA BRSMG UAI COM BASE EM MARCADORES SSR	758
DIVERSIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS EM ACESSOS DE <i>Capsicum chinense</i>	759
EFEITO DE REGULARES VEGETAIS ANTES E APÓS O ARMAZENAMENTO DE SEMENTES DE CULTIVARES DE MARACUJAZEIRO DOCE CV. BRS MEL DO CERRADO	760
EFEITO DE REGULARES VEGETAIS ANTES E APÓS O ARMAZENAMENTO DE SEMENTES DE <i>Passiflora setacea</i> CV. BRS PÉROLA DO CERRADO	761
ELIMINAÇÃO DE DESCRITORES NA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE <i>Capsicum</i> POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS.....	762
ENXERTIA DE GENÓTIPOS SUPERIORES EM CASTANHEIRA-DO-BRASIL PARA A FORMAÇÃO DE UM JARDIM CLONAL	763
ESTABELECIMENTO DE UM PROTOCOLO DE EXTRAÇÃO DE DNA, PARA <i>Portulacca hatschbachii</i>	764
VIABILIDADE POLÍNICA DO <i>Zingiber officinale</i> R. POR MEIO DE MÉTODOS COLORIMÉTRICOS.....	765
ESTRUTURA POPULACIONAL DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA, CULTIVADAS NO MUNICÍPIO DE ALTA FLORESTA, MT, BRASIL	766
ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES TRADICIONAIS DE MANDIOCA-DE-MESA COLETADAS NAS REGIÕES CENTRO-OESTES, SUDESTE E SUL DO BRASIL	767
ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MILHO CRIOULO POR MARCADORES MOLECULARES	769
EXTRAÇÃO DE DNA E SELEÇÃO DE PRIMERS MULTILOCUS PARA AVALIAÇÃO DE DIVERSIDADE EM <i>Bertholletia excelsa</i>	770
FENOTIPAGEM DE FRUTOS E SEMENTES DE <i>Euterpe edulis</i> Martius CULTIVADO NO ESPÍRITO SANTO	771
FENOTIPAGEM DE SEMENTES DE FEIJOEIRO-COMUM COLETADOS NO NOROESTE FLUMINENSE	772
FORMAÇÃO DE BAG DE PIMENTEIRA-DO-REINO E ESPÉCIES SELVAGENS DE <i>Piper</i> NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO.....	773

GANHOS GENÉTICOS POR SELEÇÃO EM ALTURA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE <i>Eucalyptus tereticornis</i> Smith.	774
GENERATION OF INTROGRESSION LINES FROM <i>Triticum timopheevii</i> INTO BRAZILIAN WHEAT GENOTYPE	775
GENOMIC DIVERSITY OF FOOD-TYPE SOYBEAN ACCESSIONS.....	776
GENOMIC STUDIES OF BRAZILIAN NATIVE FOOD CROPS USING DOUBLE-DIGEST RAD (ddRAD) SEQUENCING.....	777
GENOTIPAGEM DE ACESSOS DE <i>Capsicum chinense</i> COM MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	778
OBTENÇÃO DE DNA PURIFICADO DE <i>Pochota fendleri</i> - UMA TAREFA DESAFIADORA	779
ÓLEO MINERAL COMO ESTRATÉGIA PARA CONSERVAÇÃO IN VITRO DE GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE	780
PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES MORFOLÓGICOS E PRODUTIVOS DE ACESSOS DE MACAÚBA	781
PARECENÇA ENTRE ACESSOS TRADICIONAIS DE FEIJÃO COMUM (<i>Phaseolus vulgaris</i>) ESTIMADA PELOS MÉTODOS DE Harrison e Sokal & Sneath	782
POPULATION GENOMICS OF CASSAVA (<i>Manihot esculenta</i>) FOR THE EVOLUTIONARY STUDY OF THE CROP IN BRAZILIAN AMAZONIA	783
POTENCIAL ORNAMENTAL EM ACESSOS DE <i>CAPSICUM</i> SPP UTILIZANDO DESCRITORES MORFOLÓGICOS.....	784
PRODUTIVIDADE DE GENÓTIPOS SELECIONADOS DE PITAYA (<i>Hylocereus undatus</i>) NO DISTRITO FEDERAL	785
PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE MATRIZES DE <i>Passiflora nitida</i> Kunt 1817 SELECIONADAS A PARTIR DE POPULAÇÕES ORIGINADAS DA AMAZÔNIA E DO CERRADO.....	786
QUANTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS SEGREGANTES DE <i>Caricapapaya</i> L. COM USO DA METODOLOGIA WARD-MLM.....	787
RECURSOS GENÉTICOS DE PIMENTAS EM FLORIANO-PI.....	788
RELAÇÃO GENÉTICA ENTRE <i>CAPSICUM chinense</i> E <i>C. baccatum</i> COM BASE NA MEIOSE DO HÍBRIDO INTERESPECÍFICO	789
RESPUESTA DIFERENCIAL EN LA GERMINACIÓN DE POBLACIONES SILVESTRES Y CULTIVADAS DE <i>Phaseolus vulgaris</i> L. BAJO ESTRÉS HÍDRICO	790
TEOR E ANÁLISE QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE INFLORESCÊNCIAS DE <i>Crotontetradenius</i> BAILL	791
AValiação DA PROCEDÊNCIAS DE CASTANHA DO GURGUÉIA POR CARACTERES BIOMÉTRICOS	792
VALIDAÇÃO DE MARCADORE MOLECULARES PARA A ESPÉCIE <i>Hymenaea stigonocarpa</i> Mart. ex Hayne.	793
VARIABILIDADE GENÉTICA EM UMA POPULAÇÃO DE <i>ASTROCARYUM ACULEATUM</i> DE OCORRÊNCIA NATURAL EM ÁREA DE PASTAGEM.....	794
VARIABILIDADE FENOTÍPICA EM GERMOPLASMA DE FEIJOEIRO-COMUM UTILIZANDO-SE DESCRITORES DE SEMENTES	795
VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MILHO COM GRÃOS DO TIPO DOCE.....	796
VARIAÇÃO DE TAMANHO DE PÓLEN E OVULO ENTRE DUAS ESPÉCIES DE <i>PSIDIUM</i> (<i>P. Guajava</i> E <i>P. Cattleyanum</i>)	797
Outras Áreas	798

INTER-RELAÇÕES CANÔNICAS E STEPWISE PARA COMPONENTES BROMATOLÓGICOS E CLIMATOLÓGICOS DO TRIGO DE DUPLO PROPÓSITO	799
A NEW MEASURE FOR THE ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY	800
MARCADORES MOLECULARES PARA SELEÇÃO DE RESISTÊNCIA GENÉTICA À <i>Pseudocercospora griseola</i> E <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> em feijoeiro comum	801
ANÁLISE DE CORRELAÇÃO SIMPLES DE PEARSON ENTRE CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE FRUTOS DE ABOBORA.....	802
ARQUITETURA DE RAIZ DE SOJA SUBMETIDA A ESTRESSE HÍDRICO	803
CARACTERIZAÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA PELO COMPRIMENTO E O DIÂMETRO DO HIPOCÓTILO	804
CLASSIFICAÇÃO DO COEFICIENTE DE VARIAÇÃO EXPERIMENTAL PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS NAS PRINCIPAIS CULTURAS AGRÍCOLAS	805
CONTROLE E REGULAÇÃO DO TEOR DE SAL EM <i>Passiflora tarminiana</i> ATRAVÉS DE ESTRATÉGIAS DE ADAPTAÇÃO	806
CORRELAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO COM PROPÓSITO FORRAGEIRO.....	807
CRESCIMENTO DE MUDAS DE MARACUJAZEIRO DA CULTIVAR UENF RIO DOURADO EM FUNÇÃO DE TIPOS DE SUBSTRATOS COMERCIAIS	808
DETERMINAÇÃO DO NÚMERO CROMOSSÔMICO EM TRÊS POPULAÇÕES DE <i>Linum usitatissimum</i> L.....	809
IDEÓTIPO DE CAPIM-ELEFANTE NA SELEÇÃO DE ACESSOS PARA PRODUÇÃO DE ETANOL CELULÓSICO	810
INFLUÊNCIA DE DIFERENTES SUBSTRATOS NO DESENVOLVIMENTO DE PLÂNTULAS DE CANELA-SASSAFRÁS <i>Ocotea odorifera</i> (VEIL. ROHWER).....	811
ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE FUNGOS CAUSADORES DE ANTRACNOSE EM FRUTOS DE PIMENTA E PIMENTÃO	812
PROCESSAMENTO E ANÁLISE DE IMAGENS PARA DIAGNÓSTICO DA FERRUGEM ALARANJADA EM <i>Coffea arabica</i>	813
REAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO A DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE ALUMÍNIO EM SOLUÇÃO NUTRITIVA.....	814
SELEÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO DOS GRUPOS COMERCIAIS CARIOCA E PRETO VIA MODELOS MISTOS	815
SELEÇÃO DE CULTIVARES DE MORANGUEIROS COM BASE EM CARACTERÍSTICAS DE PÓS-COLHEITA PARA USO COMO GENITORES EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO.....	816
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE <i>Jacaranda mimosaeifolia</i>	817
SELEÇÃO DE PORTA-ENXERTO DE <i>Actinidia deliciosa</i> RESISTENTE À MURCHA-DE-CERATOCYSTIS.....	818
SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO CARIOCA COM RESISTÊNCIA MÚLTIPLA A VIROSES EM CAMPO	819
SELEÇÃO DE VARIÁVEIS DE SEMENTES DE MARACUJAZEIRO AZEDO ATRAVÉS DA ANÁLISE DIGITAL DE IMAGEM.....	820
SELEÇÃO PRECOCE PARA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO EM PLÂNTULAS DE CANA-DE-AÇÚCAR.....	821
TAMANHO MÍNIMO AMOSTRAL PARA EVENTOS TRANSGÊNICOS EM EUCALIPTO ..	822
TESTE DE GERMINAÇÃO E VIGOR DE SEMENTES DE <i>Adenantha pavonina</i> L.....	823
TRIAGEM DE MARCADORES NA SELEÇÃO GENÔMICA	824
USO DA COLORIMETRIA COMO FERRAMENTA PARA A CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES DE MANDIOCA.....	825
UTILIZACAO DE REDE DE BASE RADIAL NA PREDICAO DO VALOR GENETICO	826

9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas

A Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas (SBMP), com grata satisfação, no período de 14 a 17/08/2017, promoveu o 9º CBMP, cujo tema central foi o “Melhoramento de Plantas: Projetando o Futuro”.

O Programa do Evento foi constituído de diversas palestras, mesas redondas e minicursos, proferidos por palestrantes tanto nacionais quanto internacionais. A Comissão Científica do Congresso selecionou 803 trabalhos os quais foram apresentados em forma de Poster. Ao longo do período de realização do evento as atividades foram planejadas de forma a propiciar a integração de Congressistas e Palestrantes.

Adicionalmente, foram previstos momentos de conagração de forma a que os Congressistas pudessem descontrair-se, aproveitar os momentos de reencontros com colegas, fazer novas amizades, bem como, desfrutar do paradisíaco Rafain Palace Hotel & Convention Center.

Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal, Presidenta do 9º CBMP.

Presidentes da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas 1999 a 2015

1999	Prof. Dr. Deonísio Destro
2001	Dr. Élcio Perpétuo Guimarães
2003	Prof. Dr. Aluísio Borém de Oliveira
2005	Prof. Dr. Natal Antonio Vello
2007	Prof. Dr. Magno Antônio Patto Ramalho
2009	Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira
2011	Prof. Dr. Ney Sussumu Sakiyama
2013	Prof. Dr. Edward Madureira Brasil
2015	Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal

Ganhadores do Prêmio Ernesto Paterniani

Ano	Ganhador
2011	Prof. Dr. Luiz Carlos Federizzi - Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Melhorista
2013	Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho - Universidade Federal de Lavras, Melhorista
2015	Prof. Dr. Roland Vencovsky - Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Geneticista
2017	Dr. Romeu Afonso Kiihl - TMG Tropical Melhoramento e Genética Ltda, Melhorista

Prêmio Ernesto Paterniani 2017

Na solenidade de Abertura do 9º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, realizada no dia 14/08/2017, o Prêmio Ernesto Paterniani foi entregue ao pesquisador Dr. Romeu Afonso Kiihl, um dos mais importantes nomes da sojicultura brasileira.

O Dr. Romeu Kiihl possui Graduação em Engenharia Agrônômica pela Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (1965), Mestrado (1968) e Doutorado (1976) em Melhoramento Genético de Plantas pela Mississippi State University, USA. Atualmente é Pesquisador da Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso e Pesquisador da TMG Tropical Melhoramento e Genética Ltda. Nascido em Caconde (SP), na divisa entre São Paulo e Minas Gerais, em 9 de fevereiro de 1942, o primeiro contato do Dr. Romeu Kiihl com a agricultura se deu com a cultura do café. A sua ligação com a soja iniciou-se apenas quando dos estudos de Graduação em Agronomia na ESALQ.

Se o Brasil hoje é o segundo maior produtor de soja do mundo muito se deve ao trabalho de Dr. Romeu Kiihl, que desenvolveu pesquisas com cultivares de soja adaptadas às várias latitudes (fotoperiodismo), e às várias regiões ecológicas do Brasil, com ênfase a resistência à doenças e à nematoides. Como resultado de toda uma profícua carreira profissional como pesquisador o Dr. Romeu Kiihl conta com 208 Cultivares de Soja Registradas no Brasil.

Atualmente os trabalhos do Dr. Romeu Kiihl concentram-se na transferência, com o auxílio de marcadores moleculares, de vários genes de resistência à ferrugem asiática da soja para um mesmo genótipo, assim como a combinação de genes resistência à nematoides de cisto (várias raças) e à nematoides formadores de galha. Atuando pela TMG o Dr. Romeu Kiihl participou do desenvolvimento da tecnologia 'Inox'® para controle de ferrugem e do lançamento de cultivares de soja com resistência ampla ao nematoide de cisto (nove raças).

Na solenidade de entrega do Prêmio, o Dr. Romeu Kiihl ressaltou que ainda há muito a ser feito: “Seremos os maiores produtores de soja do mundo, eu não tenho dúvida! Olhando para tudo, eu ainda acho que estou no meu auge, mesmo com mais de 70 anos! Eu trabalho como se estivesse começando hoje!”

Prêmio Jovem Melhorista 2017

Categoria Iniciação Científica

Ganhador: Tiago Corazza da Rosa (Universidade Federal de Pelotas)

Título do Trabalho: “Modelo Preditor da Produtividade de Grãos para Híbridos Simples de Milho em Função de Desfolha”;

Categoria Mestrado

Ganhador: Júlia Silva Morosini (Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - USP/ESALQ)

Título do Trabalho: “GWAS in Maize Lines Revealed Genomic Regions Associated With Root Traits and Nitrogen Use Efficiency Under Field Conditions”

Categoria Doutorado

Ganhador: Thiago Alexandre Santana Gilio (Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, da Universidade Estadual de Maringá - UEM/Maringá)

Título do Trabalho: “Fine Mapping of a Unique Anthracnose Resistance Gene in Andean Common Bean Landrace Amendoim Cavallo”.

In Memoriam de

Dr. Orlando Peixoto de Moraes

O Dr. Orlando Peixoto de Moraes faleceu no dia 3 de Abril de 2017, aos 68 anos de idade. O pesquisador nasceu em Campo Alegre de Goiás, no dia 30 de Março de 1949, era casado com Maria Maia de Moraes, e tinha três filhos. A Comunidade Científica da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas (SBMP) expressa as mais sinceras condolências à Família do Saudoso Dr. Orlando Peixoto. Ao mesmo tempo, manifesta sinceros agradecimentos póstumos ao Dr. Orlando pela sua relevante contribuição ao Melhoramento Genético da cultura do Arroz no Brasil. Dr. Orlando era Graduado em Engenharia Agrônômica (1975), Mestrado (1980) e Doutorado (1982) em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Ele foi Pesquisador da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig) e da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Arroz e Feijão), onde, além de ter sido Chefe Adjunto de Pesquisa e Desenvolvimento, dedicou toda a sua vida em prol da pesquisa e da sociedade brasileira, contribuindo diretamente para o Melhoramento Genético do Arroz. Pessoa afável, de grande inteligência e expressiva qualificação técnico-científica, o Dr. Orlando Peixoto sempre primou pela sua simplicidade, e pela constante partilha dos seus conhecimentos, tanto durante os seus tempos de universidade quanto ao longo de sua carreira profissional. Ele foi responsável por várias publicações entre livros, artigos, trabalhos e resumos em anais de congressos. Teve participação em várias orientações de alunos de pós-graduação e em Comissões Julgadoras de Concursos Públicos, em Bancas de Trabalhos de Conclusão de Curso, Bancas de Defesa de Dissertações de Mestrado e Teses de Doutorado. Além disso, participou de vários congressos, exposições, feiras, e colaborou na organização de vários eventos. Com perfil conciliador e estrategista, promoveu o desenvolvimento de vários projetos de pesquisa em parceria com instituições nacionais e internacionais.

Ter partilhado da convivência com o Dr. Orlando Peixoto constituiu-se em grande significado para todos nós. A sua vida certamente não se limitou apenas a este mundo, o seu brilho permanecerá para sempre!

In Memoriam de

Dr. Jaison Pereira de Oliveira

O Dr. Jaison Pereira de Oliveira, natural de Ituiutaba, Minas Gerais, nasceu no dia 13 de Março de 1965, e de forma inesperada nos deixou em 28 de Agosto de 2017. Era casado com Cristiani Borges Carvalho Pereira com quem teve um filho, que hoje conta com 13 anos de idade.

Ele possuía Graduação em Agronomia (1992), Mestrado (1997) e Doutorado em Agronomia (2003), na Área de Concentração em Genética e Melhoramento, pela Universidade Federal de Goiás. A Comunidade Científica da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas (SBMP) expressa as mais sinceras condolências à Família do Saudoso *Dr. Jaison*. Ao mesmo tempo, manifesta sinceros agradecimentos póstumos ao Dr. Jaison tanto pela sua relevante contribuição ao Melhoramento Genético do Feijão Comum quanto pela constante partilha dos seus conhecimentos científicos aos jovens pesquisadores. Um exemplo a seguir, como Pesquisador e ser Humano, o Dr. Jaison foi Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Arroz e Feijão), onde agrupou a diversidade genética dos acessos de feijão comum em uma “core collection” disponibilizada aos programas de melhoramento genético do feijão comum do Instituto Agronômico de Campinas (IAC) e do Instituto Agronômico de Pesquisa do Paraná (IAPAR); atualmente era o Curador do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão Comum na Embrapa. No período de 2013 a 2015, ele participou da Diretoria da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas atuando como Primeiro Secretário. Ter partilhado da convivência com o Dr. Jaison constituiu-se em grande significado para todos nós. A sua vida certamente não se limitou apenas a este mundo, e com certeza, o seu brilho permanecerá para sempre!

Programa

Segunda-feira – 14/08/2017

14:00 – 17:30	Credenciamento e Entrega de Material
18:00 – 19:00	<p>Cerimônia de Abertura - Momento Cultural com as com Canções Artísticas:</p> <p>1 - Cantiga - Oswaldo de Souza 2 - Estrela do Mar - Marlos Nobre, Opus 21 3 - Caçador de Mim - Milton Nascimento</p> <p>Cantora: Andressa Gonçalves-Vidigal, PhD in Musicology, Department of Music, University of California, Davis, CA, USA.</p>
	Entrega do Prêmio Professor Ernesto Paterniani.
19:00 – 20:00	<p>Conferência de Abertura: Plant Breeding - Future Prospects</p> <p>Palestrante: Dr. Phillip N. Miklas - U.S. Dept. of Agriculture/ARS, WA, USA.</p> <p>Moderadora: Profa. Dra. Maria Celeste Gonçalves-Vidigal - Dept. de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, PR.</p>
20:00	Coquetel.

Terça-feira – 15/08/2017

08:00 – 09:30	Minicursos 1, 2 e 3
09:30 – 10:30	<p style="text-align: center;">PALESTRA 1 - Technology of Comparative and Functional Genomics of Disease Resistance in Plants</p> <p>Palestrante: Prof. Dr. Richard W. Michelmore - Genome Center, University of California, Davis, CA, USA.</p> <p>Moderadora: Profa. Dra. Rosana Rodrigues - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.</p>
10:30 – 11:00	Coffee break
11:00 – 12:00	<p style="text-align: center;">PALESTRA 2 - Association Mapping in Soybean with Traits of Economic Importance Based on High Throughput Technology</p> <p>Palestrante: Dr. Qijian Song, - U.S. Dept. of Agriculture/ARS, Beltsville, MD, USA.</p> <p>Moderador: Prof. Dr. Ney Sussumu Sakiyama - Dept. de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, MG.</p>
12:00 – 14:00	Intervalo para almoço.

14:00 – 15:30	<p align="center">MESA REDONDA 1 - Intercâmbio de Recursos Genéticos no Pré-Melhoramento</p> <p>Moderadora: Dra. Vânia Moda-Cirino - Instituto Agrônomo do Paraná, Londrina</p> <p>Tema 1 - Conservação, Caracterização e Uso de Recursos Genéticos e Pré-Melhoramento de Plantas</p> <p>Expositor: Dr. Fábio Gelape Faleiro - Embrapa Cerrados, Planaltina, DF</p> <p>Tema 2 - Leis de Acesso e Proteção de Cultivares</p> <p>Expositor: Dr. Fabrício Santana Santos - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Brasília, DF</p>
	<p align="center">MESA REDONDA 2 -Uso da Genômica no Melhoramento de Plantas</p> <p>Moderador: Dr. Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza - Embrapa Arroz e Feijão</p> <p>Tema 1 - Comparative Analysis of SNP Calling and GWAS Models to Identify Disease Resistance QTL in Soybean</p> <p>Expositor: Prof. Dr. Steven Clough - Dept. of Crop Sciences, University of Illinois at Urbana - Champaign, USA.</p> <p>Tema 2 - Proteômica e Prospecção de Alvos Biotecnológicos em Plantas: Estudos em Sementes Oleaginosas</p> <p>Expositor: Prof. Dr. Fábio César Sousa Nogueira - Dept. de Bioquímica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ.</p>
15:30 – 16:00	Coffee break.
16:00 – 17:30	<p align="center">MESA REDONDA 3 - Modelos Mistos e Bayesianos</p> <p>Moderador: Prof. Dr. Alexandre Pio Viana - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.</p> <p>Tema 1 - Inferência Baayesiana e Frequentista: Casos Práticos no Melhoramento</p> <p>Expositor: Prof. Dr. Freddy Mora Poblete - Universidad de Talca, Talca, Chile.</p> <p>Tema 2 - Modelos Mistos Aplicados ao Melhoramento de Plantas</p> <p>Expositor: Prof. Dr. Jose Airton Rodrigues Nunes - Dept. de Biologia, Universidade Federal de Lavras, MG.</p>
	<p align="center">MESA REDONDA 4 - Avanços no Melhoramento de Culturas Anuais</p> <p>Moderador: Prof. Dr. Ronald José Barth Pinto - Dept. de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, PR</p> <p>Tema 1 - Melhoramento Genético de Alógamas: Passado, Presente e Futuro</p> <p>Expositor: Prof. Dr. Roberto Fritsche-Neto - Dept. de Genética, ESALQ/USP, SP.</p> <p>Tema 2 - Melhoramento Genético de Autógamas: Passado, Presente e Futuro</p> <p>Expositor: Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho - Dept. de Biologia, Universidade Federal de Lavras, MG.</p>
17:30	<p>Lançamentos dos Livros: Melhoramento de Hortaliças, Melhoramento de Soja e Melhoramento de Plantas 7ª edição;</p> <p>Lançamento das Cultivares de Feijão Comum: Awauna UEM (Grupo Comercial Preto) e Flor Diniz UEM (Grupo Comercial Carioca).</p>
17:30 – 19:00	Sessão de Pôsteres.

Quarta-feira – 16/08/2017

08:00 – 09:00	Minicursos 1, 2 e 3 (Continuação)
09:00 – 10:30	<p>I Simpósio de Pós-Graduação Genética e Melhoramento: Projetando o Futuro (Organização GEN MELHOR - Universidade Federal de Viçosa e PGM-Nupagri - Universidade Estadual de Maringá, em parceria com a Du Pont, Pioneer)</p> <p>Moderador: Prof. Dr. Pedro Soares Vidigal Filho - Dept. de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, PR.</p> <p>1 – Student organized Symposium, “Member of the DuPont Plant Sciences Symposia Series” Dr. Tabare Abadie - DuPont Pioneer, Johnston, IA, USA.</p> <p>2- Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF/RJ, Campos dos Goytacazes. Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.</p> <p>3- Plant Breeding and Genetics Program at the University of Illinois and Research on Resistance to Soybean Cyst Nematodes Prof. Dr. Brian Diers - Dept. of Crop Sciences, University of Illinois at Urbana – Champaign, USA.</p>
10:30 – 11:00	Coffee break.
11:00 – 12:00	<p>Sistema Qualis da Área de Ciências Agrárias I – CAPES Moderador: Prof. Dr. Deonísio Destro - Editora Mecenaz LTDA, Londrina, PR</p> <p>Período de Atuação de 2015 a 2017 Prof. Dr. Luiz Carlos Federizzi - Dept. de Plantas de Lavoura, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.</p>
12:00 – 14:00	Intervalo para almoço.
14:00 – 15:30	<p>MESA REDONDA 5 - Melhoramento Visando Resistência a Doenças Moderador: Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ</p> <p>Tema 1 - Breeding Beans for Resistance to Highly Variable Pathogens Expositor: Dr. Marcial A Pastor-Corrales - U.S. Dept. of Agriculture/ARS, Beltsville, MD, USA</p> <p>Tema 2 - Melhoramento Preventivo para Resistência a Doenças Quarentenárias de Plantas Expositor: Dr. Marcio Elias Ferreira - Embrapa-Recursos Genéticos e Biotecnologia.</p>
14:00 – 15:30	<p>MESA REDONDA 6 - Melhoramento de Plantas Perenes e Forrageiras Moderadora: Profa. Dra. Adriana Gonela - Dept. de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, PR</p> <p>Tema 1 - Melhoramento Genético de Espécies Amazônicas Expositor: Dr. Ricardo Lopes - Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, AM</p> <p>Tema 2 - Melhoramento de Espécies Forrageiras Adaptadas ao Semi-Árido Nordestino Expositor: Dr. José Geraldo Eugênio de França - Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA, Recife, PE.</p>
15:30 – 16:00	Coffee break.
15:30 – 17:00	Sessão de Pôsters.

17:00 – 19:00 Assembleia Geral da SBMP

Quinta-feira – 17/08/2017

08:30 – 10:00 Minicursos 1,2 e 3 (Continuação)

09:00 – 10:00

PALESTRA 1 - Melhoramento Genético de Soja
Expositor: Dr. Luiz Fernando Alliprandini - Monsanto do Brasil
Moderadora: Profa. Dra. Adriana Gonela - Dept. de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, PR.

PALESTRA 2 - Inbred Breeding Platform (IBP)
Expositor: Dr. Jean Marcel Ribaut, Integrated Breeding Platform (IBP) - CGIAR, CIMMYT, Texcoco, Mexico
Moderador: Prof. Dr. Sergio Augusto Morais Carbonell - Centro de APTA dos Grãos e Fibras, Instituto Agrônomo de Campinas, SP.

MESA REDONDA 7 - Melhoramento de Frutíferas e Hortaliças
Moderador: Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.

Tema 1 - Melhoramento de Hortaliças Visando Resistência a Doenças
Expositor: Prof. Dr. Derly José Henriques da Silva - Dept. de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Tema 2 - Uso de Parentes Silvestres da Caatinga para Melhoramento de Frutíferas Irrigadas no Semiárido Brasileiro
Expositor: Prof. Dr. Manoel Abílio de Queiroz - Dept. de Tecnologia e Ciências Sociais, Universidade do Estado da Bahia.

10:00 – 11:00

MESA REDONDA 8 - Importância do Melhoramento para a Sociedade: Excelência nas Pesquisas
Moderador: Prof. Dr. José Baldin Pinheiro - Dept. de Genética, USP/ESALQ, Piracicaba, SP.

Tema 1 - Opportunity for New and Young Breeders
Expositora: Dra. Sandra Milach - DuPont Pioneer, Johnston, IA, USA

Tema 2 - Excelência nas Pesquisas na Formação de Recursos Humanos
Expositor: Prof. Dr. Luiz Carlos Federizzi - Dept. de Plantas de Lavoura, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

11:00 – 12:00

Encerramento - Anúncio e entrega dos Prêmios Jovens Melhoristas - Melhores Trabalhos de Iniciação Científica, Dissertação de Mestrado e Tese de Doutorado.

Resumo das Palestras

Plant Breeding – Future Prospects

Dr. Phillip N. Miklas, U.S. Dept. of Agriculture/ARS, WA, USA

Pinto bean (race Durango gene pool) is the most important market class in the U.S. The first bred cultivars were released in the 1940's. Cultivar UI-111 with improved virus resistance resulted from a cross among three landraces representing the pinto, red, and medium white (great northern) market classes. Pinto US-14 obtained rust resistance from a landrace snap bean. From 1960 to 1990 cultivar improvements included better virus and rust resistance, root rot resistance, higher yields and upright architecture. Most of these traits were introgressed from tropical black beans (race Mesoamerica). Pinto beans became exposed to bacterial and fungal diseases as production shifted from the arid west to the humid northern plains. Breeding for resistance to these new disease problems coincided with the expansion of genetic maps during the 1990's. Maps generated with PCR-based RAPD, AFLP, and SSR markers were still cumbersome to generate so bulked-segregant analysis (BSA) was used extensively to tag many important genes and QTL for resistance to anthracnose, common blight, rust, viruses, and white mold. Pinto beans with resistance to anthracnose, common blight, and white mold were quickly developed by marker-assisted backcrossing (MABC). Since 2010, reference genomes and high throughput SNP genotyping sparked a genomic revolution in bean genetics. The *sd* gene conditioning slow darkening seed coat in pinto bean was the first trait tagged using the BARCBean6K_3 BeadChip (5398 SNPs). The *sd* gene also conditions late darkening in carioca beans. MABC for *sd* resulted in the new slow dark pinto cultivars Palomino and Scout released in 2017. Linkage and association mapping (GWAS) with SNPs has led to fine-mapping of existing genes, discovery of new genes, and lists of candidate genes. To alleviate phenotyping bottlenecks the usefulness for remote sensing with drones and push carts to evaluate response of breeding materials is being investigated. Collectively the bean research community is generating the information necessary for "next generation" breeding but economy of scale and human capacity is generally lacking within individual pinto bean breeding programs to capitalize upon such technologies. GMO and gene editing to improve pinto bean awaits an efficient regeneration protocol. Future pinto bean production in the U.S. will continue to shift toward less favorable lands because they cannot compete with higher valued and herbicide tolerant crops. Thus, we continue to breed pinto bean for robust performance across high input (low-stress) and low input (high stress) trials (low soil fertility, terminal drought, etc). Pinto bean lines and cultivars generated from this breeding scheme exhibit high yield potential and broad adaptation nation-wide.

Technology of Comparative and Functional Genomics of Disease Resistance in Plants

Prof. Dr. Richard W. Michelmore
Genome Center, University of California, Davis, CA, USA

Although more remains to be learnt, great strides have recently been made in the understanding of the molecular and genetic basis of disease resistance in plants. It is now time to deploy this knowledge to provide more durable disease resistance. Much of these advances have been enabled by improvements in analytical technologies and further advances are anticipated. In particular, high throughput DNA sequencing enables detailed analysis of crops and their pathogens. It is now possible to characterize variable pathogen populations and use this information for the rational deployment of resistance genes so as to maximize the evolutionary hurdle for the pathogen to become virulent.

Much of our work over the past thirty years has focused on resistance to downy mildew in lettuce. Lettuce (*Lactuca sativa*) is one of the most valuable vegetable crops and downy mildew, caused by *Bremia lactucae*, is the most important foliar disease of lettuce worldwide. The use of resistant varieties is the most effective method for controlling this disease; however, pathogen variability has led to the rapid defeat of individual resistance genes. Over 50 resistance genes have been identified and lettuce downy mildew is one of the best genetically characterized plant diseases. Whole genome sequencing of multiple genotypes has allowed the identification of candidate resistance genes in the host and virulence factors in the pathogen. Knowledge-driven deployment of effective resistance genes as gene pyramids provides the opportunity for more durable resistance to *B. lactucae*. Gene stacking using genome editing has the potential making this process more efficient. In addition, host-induced gene silencing of vital pathogen genes presents potentially insurmountable evolutionary hurdles for the pathogen to overcome in order to become virulent.

Association Mapping in Soybean with Traits of Economic Importance Based on High Throughput Technology

Dr. Qijian Song, U.S. Dept. of Agriculture, ARS, Beltsville, MD, USA

Soybean yield, yield components, seed quality, and stress resistance, etc. are complex traits. The performance of these complex traits is affected by quantitative trait loci (QTL), the environment, and interaction between the environment and QTL. Three methods including linkage mapping, association mapping and linkage combined with association mapping are commonly used to identify these QTL. Linkage mapping does not require high marker density because of the limited number of recombination events that occur during selfing and the limited number of lines typically used in such studies. Population-based association mapping can provide better resolution by exploiting historical recombination events (REs) in a population but should include more markers than in a biparental population. Linkage combined with association mapping like Nested association mapping (NAM) was proposed to increase the resolution of QTL mapping by capturing the history of REs from GWAS and increase power of genome-wide association analysis through introduction of linkage mapping. NAM progenies in each family are usually genotyped with low-density markers, while the parents are genotyped with high-density markers. The high-density genotypic information can then be projected onto the progenies. Three Illumina Beadchip assays containing 6k-52k SNPs were developed to facilitate the three QTL analyses, respectively. The markers in the assays were carefully selected based on their position and flanking sequence specificity in the genome, polymorphism rate among accessions, and genotyping quality. With the BeadChips, we have already completed the analyses of large numbers of germplasms and breeding lines created by soybean breeders. These include the entire USDA Soybean Germplasm Collection with approximately 20,000 accessions, the soybean nested association mapping population with 5,600 lines, as well as a large number of populations derived from bi-parental crosses. The assays are excellent tools for the detection and mapping of QTL and genes in the germplasm, or families. In collaboration with soybean researchers across the U.S., we identified genomic regions or QTL controlling important traits including resistance to *phytophthora* root rot, resistance to sudden death syndrome and aphid, seed protein and oil content, seed amino acid content, seed sucrose content, drought resistance, seed size, and maturity date in soybean.

Breeding Beans for Resistance to Highly Variable Pathogens

Dr. Marcial A. Pastor-Corrales, U.S. Dept. of Agriculture, ARS, Beltsville, MD, USA

Diseases are the primary factor threatening common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) production in Brazil and other countries. Rust, anthracnose, and angular leaf spot are severe common bean diseases caused by pathogens with extensive virulence diversity and recurrent production of new virulent races. A cost-effective resistance strategy to manage these pathogens requires comprehensive knowledge of their virulence diversity and a variety of disease resistance genes. The sets of differential cultivars used to study the virulence of these pathogens included cultivars from the Mesoamerican and Andean gene pools of common bean. Remarkably, the extensive virulence diversity of all three pathogens segregates into two distinct groups that correspond to the Mesoamerican and Andean gene pools of the common bean, suggesting that Mesoamerican and Andean races of these pathogens had co-evolved separately with Mesoamerican and Andean common beans, respectively. Andean races infected only or mostly Andean beans while Mesoamerican races infected both groups but showed a preference for Mesoamerican beans. Based on results from virulence diversity studies, we developed cultivars combining two Mesoamerican and two Andean rust resistance genes. These cultivars are resistant to all known races of the rust pathogen, indicating that pyramiding Mesoamerican and Andean disease resistance gene is an effective strategy to manage the rust and other highly variable pathogens. Currently, the whole genome sequence of the common bean and high-throughput genotyping technologies are being used in our project to improve marker-assisted selection for disease resistance. These new technologies have enabled the rapid mapping of disease resistance genes and the development of DNA markers tightly-linked to these genes. The newly developed molecular markers significantly reduce time and labor associated with the use of phenotypic markers to detect resistance genes. Moreover, they are considerably more accurate than previously developed molecular markers that often produced false results. Details of the utilization of these tools will be illustrated in the oral presentation.

Comparative Analysis of SNP Calling and GWAS Models to Identify Disease Resistance QTL in Soybean

Prof. Dr. Steven Clough

Dept. of Crop Sciences, University of Illinois at Urbana, Champaign, USA

Sclerotinia Stem Rot (SSR), caused by the fungal pathogen *Sclerotinia sclerotiorum*, is ubiquitous in cooler climates where soybean crops are grown. Breeding for resistance to SSR remains challenging in crops like soybean, where no single gene provides strong resistance, but instead, multiple genes work together to provide partial resistance. If breeders knew what genes were associated with enhanced defense, they could use that information to design effective molecular markers in marker assisted selection (MAS). We evaluated 420 soybean genotypes for their sensitivity to SSR, and identified single nucleotide polymorphisms (SNPs) within this group to conduct a genome-wide association study (GWAS). The genotypes were selected based on reports of resistance, and from three different breeding programs in Brazil, two commercial, one public. We inoculated the plants using the cut stem method, and scored disease lesions in centimeters along the plant stems at 4 days post inoculation. Lesion length showed a normal distribution within the population. Prior to inoculation, DNA was collected and used in constructing genotype-by-sequencing (GBS) libraries. Sequencing the GBS libraries and aligning reads allowed for the identification of SNPs. Highly heterozygous genotypes and SNPs were removed, leaving 325 genotypes. We evaluated different SNP calling and genome-wide association study (GWAS) methods, using the TASSEL 5 GBS v2 or an in-house SNP-calling pipeline, as well as by using a Mixed Linear Model with Genome Association and Prediction Integrated Tool (GAPIT) or a Fixed and Random Model Circulating Probability Unification (FARMCPU) model which handles linkage disequilibrium differently than GAPIT. The in-house pipeline performed better than the TASSEL 5 GBS v2 pipeline, and we concluded that, using the in-house SNP-calling pipeline: both GAPIT and FARMCPU identified significance on chromosomes 1, 3, and 19, but FARMCPU also identified significance on chromosomes 5, 13, and 20, whereas GAPIT also found significance on chromosome 18. These similar and yet different results show that the computational method used can strongly impact SNP associations in soybean, a plant with a high degree of linkage disequilibrium.

Student organized Symposium, “Member of the DuPont Plant Sciences Symposia Series”

Dr. Tabare Abadie, DuPont Pioneer, Johnston, IA, USA

At DuPont Pioneer, we believe the next generation of scientists will play a pivotal role in meeting the world’s food and energy needs. The DuPont Plant Science Symposia Series is a science-based forum fully led by students from Universities around the world. These Symposia provide the opportunity for students to enhance their organizational management and communication skills, enhancing the discussion amongst the academic community and private industry, and exposes students to a broad range of career opportunities in agriculture. Students fully select the topics, agenda, speakers and format of these events, enabling them to exercise control of their own educational experience. The Symposia Series started in 2008, and has expanded to more than 40 Universities and International Centers around the world, with more than 90 Symposia during this period, and with participation that exceeds the 15,000 attendants both in person and online. We are proud to sponsor this student based Symposium within the CBMP 2017, expanding the capacity of the series to reach an even larger number of future scientists.

Plant Breeding and Genetics Program at the University of Illinois and Research on Resistance to Soybean Cyst Nematodes

Prof. Dr. Brian Diers, Dept. of Crop Sciences, University of Illinois at Urbana –
Champaign, USA

The Plant Breeding Center (PBC) at the University of Illinois is focused on both educating the next generation of plant breeders and plant breeding research. The center currently serves 56 graduate students and has 31 affiliated faculty members. The center was initiated based on the need expressed by private industry for more trained plant breeders and the center has received funding from Monsanto, Dupont Pioneer, Dow AgroSciences, and the Illinois Corn Grower's Association mostly to support student fellowships. In addition, the International Rice Research Institute is supporting nine graduate students at the PBC. An emphasis of the PBC is research on maize and soybean, the two major crops in Illinois, and my laboratory has a research focus on resistance to soybean cyst nematodes (SCN). A major gene that confers resistance to SCN is Rhg1, which is a complex locus that contains tandem repeats of a 31.2 kb unit. Within these repeats, there are four genes and three have been implicated in contributing to resistance. Across SCN resistance sources, there are one to ten repeats and different repeat types. We have shown that both repeat type and number has a significant impact on resistance and as the number of repeats increase, resistance is enhanced. My laboratory also is focused on identifying new SCN resistance genes that can be used to diversify resistance in soybean cultivars. Two major quantitative trait loci (QTL) from wild soybean, *Glycine soja*, that confer SCN resistance have been a focus of these efforts. These two QTL have been fine mapped onto 212 and 103 kb intervals on soybean chromosomes 15 and 18, respectively. Our efforts have shown that by combining these *G. soja* genes with resistance alleles at Rhg1, we can improve resistance levels. Research is continuing on combining resistance genes across sources to provide more durable SCN resistance.

Integrated Breeding Platform (IBP)

Dr. Jean Marcel Ribaut, Integrated Breeding Platform (IBP), CGIAR, CIMMYT, Texcoco, Mexico

Innovation in plant breeding is imperative to meet the growing demand for food and feed due to global challenges such as population growth, the evolution of consumer preferences due to migration to cities and climate change. Crop production is under pressure to increase yields and quality through the development of improved cultivars adapted to local environments and market demands. The digital revolution, as reflected through the proliferation of computers and digital record keeping, is a critical, and necessary, step to modernize breeding programmes through the adoption of: 1) electronic data capture devices, 2) relational databases for data storage and retrieval and 3) an integrated analytical pipeline to optimize data analysis and decision making at different stages in the breeding process. The Breeding Management System (BMS) is the core product of the Integrated Breeding Platform (IBP, <https://www.integratedbreeding.net>), and an example of an existing analytical pipeline that provides breeders across a broad range of crops with access to the digital revolution. Building on the tools and services available through the IBP I will illustrate how bottlenecks in data management, in particular data quality and documentation, may be overcome. I will also underline the importance of crop ontology and meta-data, enabling plant breeders to run analyses across locations, projects and institutes. The value of using molecular markers to effectively complement phenotypic selection and the potential in using genomics selection depending on your operating environment will also be discussed. Finally, I will highlight the importance of understanding the human element in this “modernization” especially the need to nurture and support the deployment and use of digital tools and services; this is essential to maintain the momentum and appetite for change.

Conservação, Caracterização e Uso de Recursos Genéticos e Pré-Melhoramento de Plantas

Dr. Fábio Gelape Faleiro, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF

As atividades relacionadas à conservação, caracterização e uso de recursos genéticos estão entre as mais relevantes da pesquisa agropecuária brasileira e mundial. A variabilidade genética é a essência da vida e tem permitido, via melhoramento genético, a obtenção de variedades de plantas mais produtivas, resistentes a pragas e doenças e adaptados aos mais diferentes ambientes. Das 250 mil espécies de plantas superiores, 40% podem ter importância para a agricultura, considerando as espécies cultivadas e espécies relacionadas. Existe atualmente uma preocupação com a redução da variabilidade genética de plantas e nesse sentido a conservação dos recursos genéticos em bancos de germoplasma assume grande importância. Além da conservação, a caracterização desses bancos é fundamental para que a variabilidade genética conservada seja utilizada de forma prática nos sistemas de produção e fornecendo genes de interesse para programas de melhoramento genético. As diferentes estratégias de conservação *in situ*, *ex situ*, *on farm* e as diferentes estratégias de caracterização utilizando descritores morfológicos, ecológicos, agronômicos e moleculares devem ser trabalhadas de forma complementar e sinérgica para subsidiar o uso prático dos recursos genéticos. Pode-se dizer que o uso de acessos disponíveis em bancos de germoplasma é limitado em todo o mundo, especialmente considerando a ampla diversidade genética disponível. De um modo geral, os melhoristas utilizam a variabilidade genética encontrada em materiais elite em razão da dificuldade de identificar genes potencialmente úteis em acessos silvestres e da dificuldade de transferir esses genes para acessos elite em razão da falta de compatibilidade genética e necessidade de grande número de ciclos de seleção e recombinação para recuperar o genoma elite, mantendo-se os genes de interesse. Para amenizar tais dificuldades, atividades de pré-melhoramento de plantas têm sido realizadas com sucesso no milho, café, arroz, amendoim, mandioca, hortaliças, citrus, maracujá e outras culturas. O sucesso do pré-melhoramento envolve a identificação de genes potencialmente úteis em espécies silvestres ou populações não-melhoradas e sua incorporação em genótipos elite agronomicamente adaptados. Para maximizar o sucesso do pré-melhoramento, é essencial a integração de suas atividades com as atividades e demandas dos programas de melhoramento e pós-melhoramento. Neste contexto, são essenciais o fortalecimento e consolidação de redes de pesquisas transdisciplinares e interinstitucionais no sentido de articular parcerias para facilitar e intensificar o intercâmbio de germoplasma e de informações.

Proteômica e Prospecção de Alvos Biotecnológicos em Plantas: Estudos em Sementes Oleaginosas

Prof. Dr. Fábio César Sousa Nogueira, Dept. de Bioquímica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, RJ

A proteômica transformou o modo como os sistemas biológicos são estudados. Neste contexto, a biotecnologia associada à proteômica permite novas formas de indagar a biodiversidade. No presente trabalho, nos empregamos abordagens proteômicas para estudar plantas que acumulam óleo em suas sementes. A mamona (*Ricinus communis* L.) é capaz de acumular 60% de óleo na forma de triacilgliceróis (TAG) em suas sementes, e cerca de 90% destes TAG são compostos do ácido graxo (FA) – ácido 12-hidroxioléico (ricinoleato). Este FA tem uma ampla aplicação industrial, com potencial de uso na produção de biodiesel. Uma adversidade à sua utilização deve-se ao alto conteúdo de proteínas tóxicas e alergênicas em suas sementes e na torta produzida após a extração do óleo. A criação de genótipos mais adequados para o uso industrial e produção de biodiesel pode ser auxiliado por (1) um melhor conhecimento das enzimas envolvidas nas vias metabólicas de síntese e degradação de FA e TAG e (2) e síntese e acúmulo das toxinas e alérgenos durante o desenvolvimento da semente. Para encarar estes desafios, diferentes estratégias proteômicas foram usadas afim de revelar proteínas/genes que controlam a biossíntese de FA e TAG e as proteínas relacionadas com a toxicidade e alergenicidade em sementes de mamona. As diferentes técnicas proteômicas aplicadas no estudo de plantas com sementes oleaginosas e os resultados obtidos até o momento serão apresentados, assim como o potencial de aplicação destas técnicas em diferentes alvos biotecnológicos.

Inferência Bayesiana e Frequentista: Casos Práticos no Melhoramento

Prof. Dr. Freddy Mora Poblete, Universidad de Talca, Talca, Chile

A biometria no melhoramento vegetal envolve a fenotipagem e a avaliação genética das plantas. Desde o ponto de vista analítico, as seguintes duas correntes de inferência científica têm sido usadas no melhoramento vegetal: 1. A frequentista, a qual envolve o estudo da distribuição do estimador, e, 2. A bayesiana, que visa obter a função de densidade de probabilidade do parâmetro para um dado conjunto de dados. Ambas escolas de inferência científica têm sido de fundamental importância nos programas de melhoramento, visando a identificação de indivíduos geneticamente superiores. No presente trabalho, exemplos práticos são apresentados com essas duas variantes metodológicas, destacando-se: o mapeamento de loci de característica quantitativa (QTL) em populações bi parentais, quando os marcadores não apresentam segregação Mendeliana, avaliação genética de plantas para características complexas, estimação de parâmetros genéticos para variáveis fenotípicas discretas, binárias ou multicategóricas, dentre outras aplicações práticas.

Modelos Mistos Aplicados ao Melhoramento de Plantas

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes, Dept. de Biologia, Universidade Federal de Lavras, MG

A eficiência do melhoramento depende da tomada de decisões mais acertadas nas várias etapas de um ciclo de melhoramento, quais sejam, escolha de genitores, definição dos cruzamentos e dos métodos de condução das populações segregantes durante as gerações de endogamia e estratégia a ser adotada de seleção de populações, progênies, indivíduos, linhagens ou combinações híbridas. Este desafio imposto aos melhoristas requer, invariavelmente, o uso harmônico de conhecimentos de variadas áreas. Neste contexto, destaca-se a estatística e experimentação que fornece os métodos para o planejamento e análise de experimentos, permitindo ao melhorista obter estimativas confiáveis de parâmetros úteis ao melhoramento e, sobretudo, otimizar o uso de informações disponíveis para fins seletivo e planejamento futuro. Dentre os vários métodos, destaca-se o método estatístico de seleção sob modelo misto proposto e aperfeiçoado por Charles R. Henderson e vários pesquisadores. Inerentemente, sob enfoque estatístico frequentista, havia uma lacuna sobre como proceder a seleção na coexistência de efeitos fixos e aleatórios. Sucessivos trabalhos têm ratificado a otimização proporcionada no processo de estimação-predição com a abordagem de modelos mistos e que a definição do modelo estatístico não só se atém a listar os efeitos, mas também definir a natureza dos efeitos e, sobretudo, modelar a incerteza presente. Sob este ponto teremos comentários e, especialmente, focaremos nas implicações no melhoramento. A abordagem de modelos mistos se presta e tem sido empregada nas várias etapas de um ciclo de melhoramento nas variadas culturas. As vantagens e as justificativas para seu emprego serão ilustrados demonstrando sua flexibilidade para lidar com problemas frequentes, como desbalanceamento, heterocedasticidade, variação espacial, peculiaridades de delineamentos experimentais, variáveis cuja distribuição não é a normal, o fenômeno da interação genótipos por ambientes, incorporação das informações de registros genealógicos e/ou marcadores moleculares. Para este último, tem sido notória a participação da estatística na execução da seleção genômica ampla a fim de predizer os valores genéticos em indivíduos não fenotipados, ou mesmo praticar a análise genômica de associação para determinar quais locos marcadores têm maior potencial para seleção assistida. Em síntese, a abordagem de modelos mistos tem grande aplicabilidade no melhoramento de plantas. Vale salientar que, em geral, foram os problemas provenientes da genética e melhoramento os grandes motivadores para o desenvolvimento de métodos no âmbito da estatística. Nesse ponto fica claro que as questões são peças primordiais para o aumento do conhecimento científico e que a junção de conhecimentos de várias ciências é a forma mais otimizada para aumentar a eficiência no melhoramento genético de plantas.

Melhoramento Genético de Alógamas: Passado, Presente e Futuro

Prof. Dr. Roberto Fritsche-Neto, Dept. de Genética, ESALQ –USP, SP

Antes mesmo da redescoberta das Leis de Mendel já haviam programas de seleção em milho. Um exemplo disso foi a distribuição de uma tabela de classificação e pontuação de plantas, pelo governo Norte-Americano a produtores rurais no final do século XIX. Talvez, esta foi a primeira tentativa de seleção simultânea e criação de ideótipo. Desde então, até a metade do século XX, foram incorporados a este processo as Teorias de Darwin e Mendel, os estudos sobre vigor híbrido de Shull e East e as modificações na composição e seleção de híbridos de Jones, Jenkins e Cockerham. Se considerarmos a chamada equação do melhorista ($RS = i.r.Vg/T$), constatamos que todos estes estudos buscaram, basicamente, aumentar a resposta à seleção (RS), seja pelo incremento ou forma de explorar da variabilidade genética (Vg), ou pelo aumento na acurácia na identificação das melhores composições híbridas (r). A partir da segunda metade do século XX, diversos programas de melhoramento ao redor do mundo iniciaram suas atividades. Com base nos estudos já citados e nos de Wright, Hardy, Weinberg e Henderson, o melhoramento via esquemas de seleção recorrente ganhou espaço. Nesta linha, pesquisadores como Souza Jr, Miranda-Filho, Parterniani e Vencovsky se destacaram pelo desenvolvimento de novos esquemas, buscando maximizar a r , neste caso pela covariância entre as unidades de seleção e recombinação, ou ainda a redução do T . Mais recentemente, a seleção genômica proposta por Meuwissen, tem aumentado a r e reduzido significativamente o T . Uma das causas da sua limitação está no desbalanço entre a quantidade de informação fenotípica e genotípica. Para contornar isso, há a fenotipagem em larga escala, a qual visa aumentar substancialmente a Vg efetivamente usada, sem comprometer a qualidade da avaliação, sendo esta de forma rápida, precisa e barata. Mesmo após anos de avanços, todos os trabalhos ainda buscam, de forma direta ou indireta, aumentar a RS , modificando pelo menos um de seus componentes. Isto porque, ainda há pontos que podem ser melhor compreendidos, como a identificação e uso da epistasia, heterose e GxA. Para o futuro se espera um incremento gigantesco na quantidade de informações genômicas e fenotípicas (oriundas de todas as formas, estádios e níveis). Assim, o melhorista moderno terá que ter, além dos conhecimentos básicos de genética de populações, quantitativa e métodos de melhoramento, a habilidade para trabalhar em grupos interdisciplinares, conhecimento em linguagem de programação e em ferramentas de integração e compartilhamento de dados. Em breve, as hipóteses que poderão ser testadas não serão limitadas pelos conjuntos de dados, mas pela imaginação do pesquisador.

Melhoramento Genético de Autógamas: Passado, Presente e Futuro

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho, Dept. de Biologia, Universidade Federal de Lavras, MG

Entre as plantas autógamas, aquelas que possuem menos de 5% de polinização cruzada, estão inúmeras espécies que apresentam enorme importância social e econômica em todo o mundo. Na apresentação será focado o melhoramento de plantas autógamas no Brasil. No início do século XX, com a criação de algumas escolas de Agronomia, o IAC e unidades de Pesquisa do Ministério da Agricultura, vários trabalhos importantes de melhoramento foram realizados com arroz, trigo, feijão, café entre outras espécies. A partir dos anos 60 e 70 do século passado foram criados os cursos de pós-graduação, a Embrapa e outras empresas estaduais de pesquisa. Os trabalhos de melhoramento tiveram enorme sucesso em termos do incremento na produtividade, permitindo a sustentabilidade do agronegócio. Com a promulgação da Lei de Proteção de Cultivares, o investimento em melhoramento cresceu especialmente na cultura da soja, com as empresas privadas. A competição entre essas empresas é acirrada e o número de progênies a serem avaliadas anualmente é cada vez maior. A partir de 1980 várias metodologias de biologia molecular foram propostas para acelerar os programas de melhoramento. Algumas não passaram de uma euforia inicial. Contudo, o emprego de transgênicos foi eficaz para alguns caracteres e profissionalizaram mais o processo de produção de sementes. Novas ferramentas são frequentemente propostas. Prever o futuro é difícil, mas a experiência acumulada nos últimos quase 100 anos de melhoramento de plantas autógamas no Brasil possibilita inferir que o sucesso do melhoramento ainda será altamente dependente da intensa avaliação das progênies obtidas sob condições de cultivo e tendo sempre como foco a melhoria da precisão experimental.

Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF/RJ, Campos dos Goytacazes

Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira, Universidade Estadual do Norte Fluminense,
Campos dos Goytacazes, RJ

O objetivo da palestra foi apresentar de forma sucinta, o Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF para caracterizar um Programa nível de excelência junto a CAPES. A apresentação inicia com um breve relato do conjunto de programas da área de Genética e Melhoramento com conceitos 6 e 7 junto à CAPES. Em seguida, faz comentários gerais, sobre o que se espera de um Programa para ser considerado de excelência pelos critérios das Ciências Agrárias junto a CAPES. Por fim, apresenta o Programa da UENF em termos de características e os principais resultados. O Programa de Genética e Melhoramento de Plantas da UENF (PGGMP-UENF, Conceito 6) foi criado em 2004. Para ser considerado de excelência, o programa deve possuir: uma proposta coerente com a formação de recursos humanos de elevado preparo científico e profissional, um conjunto de disciplinas que caracterize a formação do futuro profissional, um corpo docente qualificado, que contemple o conjunto de linhas e projetos de pesquisa do programa. O Programa deve possuir a capacidade de atrair Pós-doutores e Pesquisadores Visitantes, critérios objetivos de credenciamento e descredenciamento de docentes, etc. Outro aspecto importante é a produção intelectual do programa. Vale ressaltar a participação discente na produção intelectual. Deve-se atentar não somente pela quantidade de publicações, mas também pela qualidade, considerando o fator de impacto dos periódicos e consequentemente a classificação Qualis CAPES. Deve ainda, possuir distribuição harmônica dos projetos de pesquisas nas linhas de pesquisas e áreas de concentração. Também, deve possuir harmonia quanto à distribuição dos orientandos por orientador e ainda, a distribuição da produção intelectual. O PGGMP-UENF possui como objetivo, a formação de geneticistas e melhoristas de plantas, capazes de atuar tanto no setor público quanto privado. São capacitados, dentre outros aspectos, a estabelecerem e conduzirem programas de melhoramentos voltados ao desenvolvimento de cultivares. O PGGMP foi aprovado em 2004 com conceito 4 junto a Capes, passando a conceitos 5 e 6 nas avaliações subsequentes. O mesmo possui 15 docentes, sendo 11 na categoria de docente permanente. Destes, 10 são bolsistas de produtividade do CNPq. Até a presente data, o PGGMP já titulou 95 mestres e 79 doutores em Genética e Melhoramento de Plantas. Os mesmos atuam nas mais diferentes instituições tais como Embrapa, Universidades Federais e Estaduais, Institutos Federais, Empresas privadas, dentre outros. Além da formação de pessoal, objetivo maior do PGGMP, o mesmo participa ativamente no desenvolvimento regional através do desenvolvimento e recomendação de novas cultivares de diferentes culturas. O PGGMP-UENF já registrou, 29 cultivares envolvendo as culturas de mamão, milho, milho pipoca, feijão, maracujá e pimentas. Merece salientar que muitas outras se encontram em fase final de avaliação e registro, incluindo culturas como o feijão de vagem, abóbora, milho super-doce, milho silagem, dentre outras. Assim, com a formação de recursos, a geração de conhecimentos científicos e de tecnologia, o PGGMP vem cumprindo seus compromissos com a Sociedade Brasileira.

Sistema Qualis da Área de Ciências Agrárias I – CAPES

Prof. Dr. Luiz Carlos Federizzi, Dept. de Plantas de Lavoura, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

A Capes tem como objetivo desde sua criação a formação de recursos humanos para o desenvolvimento do País e em 1977 criou o sistema da avaliação dos programas de pós-graduação brasileiros. A avaliação foi sendo aprimorada e devido ao aumento substancial da produção de artigos científicos pelos programas de pós-graduação, em 2007 foi instituído o Qualis atual por área de conhecimento. O Qualis Periódicos, portanto, é uma das ferramentas utilizadas para a avaliação dos programas de pós-graduação no Brasil (Barrata, 2016). Uma das formas indireta de avaliação de qualidade de um artigo é utilizar o fator de impacto do periódico onde foi publicado. Entretanto o uso do fator de impacto direto, embora facilite a composição do Qualis, pode causar assimetrias na avaliação de programas de diferentes subáreas ou especialidades em uma mesma área. Como a área de Ciências Agrárias tem subáreas com fatores de impactos muito diferentes adotou uma nova sistemática para a estratificação dos periódicos da área, para a avaliação quadrienal dos programas de PG no ano de 2017. Para todos os artigos publicados em periódicos com fator de impacto (FI) na base Web of Science e com cites per doc 2anos (CpD2) na base Schimago Country Rank foi calculado um fator de impacto padronizado (Fip). O $Fip = \frac{FI-JCR \text{ periódico ou CpD2}}{(FI-JCR \text{ mediana da "subject category" que se encontra o periódico})}$. Com base no Fip os periódicos foram classificados nos estratos A1, A2, B1 e B2. Periódicos que não possuem FI ou CpD2 foram classificados em B3, B4 ou B5 conforme sua indexação em diferentes bases de dados. O Qualis 2016 utilizou os fatores de impacto indicados pelas bases em 2016 e abrangendo todos os periódicos que os programas da área publicaram nos anos 2013 a 2016. Do total de 3333 periódicos foram classificados como: A1=380; A2=383; B1=665; B2=435; B3=82; B4=161; B5=1064; C=47 os demais 116 como não periódicos (NP). Os programas da área publicaram 55023 artigos, sendo 5721 em periódicos A1, 7123 em A2, 22229 em B1, 3967 em B2, 4500 em B3, 3268 em B4 e 8215 em B5.

Melhoramento Genético de Espécies Amazônicas

Dr. Ricardo Lopes, Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, AM

A megabiodiversidade na Amazônia inclui dezenas de milhares de espécies vegetais nativas, no entanto, poucas são as que justificam um programa de melhoramento genético. No caso das plantas perenes os programas de melhoramento genético são de longo prazo e alto custo, por isso, é necessário avaliar se a dimensão e a expressão econômica do mercado justifica um programa de melhoramento genético e quais serão as fontes de recurso para custea-lo. Esta análise é particularmente importante em um país como o Brasil onde os recursos investidos em pesquisa agropecuária ainda estão muito abaixo do necessário e a disponibilidade de recursos é irregular, sendo comum a descontinuidade de pesquisas de médio e longo prazo. Considerando as características das espécies perenes, como fase improdutiva (de dois até mais de dez anos em algumas espécies) e período de avaliação na fase adulta necessário para estimar com boa acurácia o potencial produtivo dos materiais em avaliação, dificilmente os primeiros resultados de um programa de melhoramento chegam ao produtor com menos de 15 anos, em alguns casos, podem ser necessárias mais de duas décadas. Para as espécies com mercado restrito e baixa expressão econômica pode-se inicialmente explorar o extrativismo, evoluindo para o manejo de paisagem e sistemas tradicionais de cultivo antes de buscar no melhoramento genético cultivares para o cultivo intensivo. Estratégias como o melhoramento participativo *in situ* são mais adequadas para as espécies com baixa demanda de cultivo intensivo. Dentre estas espécies, as que estão recebendo algum nível de atenção da pesquisa, entre as domesticadas, são: Graviola, Pupunha, Maracujá, Guaraná, Cubiu e Urucum, entre as semidomesticadas: Bacuri, Ingá-cipó, Cacau e Araça-boi, entre as incipientemente domesticadas: Castanha-do-Pará, Caiaué, Cupuaçu e Açaí-do-pará, incluindo também o camu-camu, espécie ainda silvestre. Entre as espécies perenes nativas da Amazônia com programas de melhoramento genético estruturado e com produto (cultivares) estão: Açaí-do-Pará, Caiaué (hibridação interespecífica com dendê), Cacau, Cupuaçu, Guaraná, Pupunha (palmito) e Seringueira. Entre as espécies para as quais ainda não estão disponíveis cultivares, mas que existem ações de melhoramento ou pré-melhoramento estão Camu-camu, Castanha da Amazônia e Tucumã-do-Amazonas. Cita-se também o Araça-boi como espécie com potencial para um programa de melhoramento genético. Com relação aos métodos de melhoramento aplicados as espécies perenes nativas, não existem diferenças das estratégias utilizadas para as exóticas, no entanto, o pesquisador tem a sua disposição ampla variabilidade genética em populações naturais e cultivos tradicionais, então considerável esforço deve ser direcionado ao trabalho de prospecção nessas populações. Grande parte do ambiente de cultivo agrícola na Amazônia é de clima quente e úmido, o que favorece a incidência de doenças, por isso, a resistência genética a doenças é imprescindível para muitos dos programas de melhoramento, como a resistência a antracnose no guaraná, vassoura de bruxa no cupuaçu, mal das folhas na seringueira, amarelecimento fatal no caiaué (hibridação com dendê), entre outros. No melhoramento de espécies nativas destaca-se também a legislação de acesso ao patrimônio genético e ao conhecimento tradicional associado que estabelece uma série de autorizações antes de iniciar as coletas e as ações de pesquisa. Na palestra foram abordados as estratégias e os resultados obtidos pelos principais programas de melhoramento genético de espécies perenes nativas da Amazônia.

Melhoramento de Espécies Forrageiras Adaptadas ao Semi-Árido Nordeste

Dr. José Geraldo Eugênio de França, Instituto Agronômico de Pernambuco – IPA,
Recife, PE

A região semiárida do Nordeste compreende 960.000 km², sendo habitada por 22 milhões de pessoas, contemplando mais de 120 municípios. A ocorrência de secas tem sido uma constante e no momento, parte do semiárido nordestino, notadamente nos estados da Paraíba, Pernambuco, Bahia convivem com um seca que se prolonga desde 2012. Neste sentido não há dúvidas que um dos principais temas de pesquisa científica a ser incentivado é o desenvolvimento de cultivares de culturas alimentares, forrageiras e industriais com tolerância a estresses hídricos e temperaturas elevadas. Uma vez que a principal atividade econômica dessa região é a pecuária, investir em programas de melhoramento genético vegetal que visem a obtenção de genótipos mais adaptados a períodos secos e a um clima em mudança se torna algo estratégico. Esta apresentação visa chamar a atenção para a importância de um programa regional ou de programas estaduais mas com objetivos correlatos para dois grupos de espécies: Os sorgos, notadamente o *Sorghum bicolor*, L. (Moench) e o *Sorghum sudanense* e as Palmas forrageiras dos gêneros *Opuntia* sp. e *Nopalea* sp. Espécies adaptadas a climas áridos e desérticos como é o caso das cactáceas, portadoras de mecanismos de tolerância a ambientes com limitações hídricas e calor excessivo e um mecanismo fotossintético que permitem uma significativa adaptação a períodos de secas. As cultivares de sorgo forrageiro e de dupla finalidade (grão e forragem) desenvolvidas pelo programa de melhoramento conduzido pelo IPA desde os anos 70 da década passada são sabidamente as melhores adaptadas ao semiárido e a região, hoje conhecida como MATOPIBA, enquanto que o programa de melhoramento de palma forrageira, espécies que os técnicos do IPA estudam desde os anos 50, resultou em várias cultivares amplamente cultivadas em todo o Nordeste, Minas Gerais e Espírito Santo. Pela importância do que representa uma alternativa deste caráter, tais programas devem contar com o que existe de mais atual em termos de tecnologias de genotipagem e fenotipagem. No caso da fenotipagem se faz urgente uma associação com instituições brasileiras e do exterior de forma a que se possa avançar na obtenção de cultivares mais eficientes quanto ao uso de água e de nutrientes, bem como tolerantes as pragas e doenças, em especial os insetos do grupo das Cochonilhas que vem causando sérios danos econômicos aos cultivos comerciais da palma forrageira.

Uso de Parentes Silvestres da Caatinga para Melhoramento de Frutíferas Irrigadas no Semiárido Brasileiro

Dr. Manoel Abilio de Queiróz, Francisco Pinheiro de Araújo, Márcia Adriana Carvalho dos Santos e Patrícia Gomes de Oliveira, Dept. de Tecnologia e Ciências Sociais, Universidade do Estado da Bahia

O Semiárido brasileiro possui dois grandes eixos de desenvolvimento, sendo um dependente da chuva onde predomina o bioma Caatinga que está situado em praticamente todo o Semiárido brasileiro (900 mil km²). O outro eixo é a agricultura irrigada baseada em águas acumuladas em grandes barragens poços e ao longo dos rios São Francisco e Parnaíba, onde predominam os cultivos de plantas hortícolas (olerícolas e a frutícolas) orientadas para o mercado, sendo que o polo de Petrolina-PE e Juazeiro-BA envolvendo vários municípios do entorno é o mais diversificado em toda a região Semiárida, estimando-se que a região irrigada de todos os Estados está situada ao redor dos 700 mil hectares. O bioma caatinga tem várias espécies de plantas e entre elas, as frutíferas se destacam e foram escolhidas plantas do gênero *Passiflora* e do gênero *Psidium*. Os cultivos irrigados com o maracujazeiro *P. edulis f. flavicarpa* sofrem grande efeito dos fungos *Fusarium oxysporum* e *F. solani*. Assim, foi escolhida a essa espécie, um parente silvestre do maracujazeiro cultivado e nativo da Caatinga, pois entre as principais instituições do país, entre 599 acessos apenas 21 pertenciam à espécie *P. cincinnata*. Foram coletados 55 acessos no Semiárido que formaram um banco de germoplasma estabelecido no Campo Experimental da Embrapa (Petrolina-PE). Esses acessos foram acometidos pelos fungos *F. oxysporum* e *F. solani* e apenas dez deles apresentaram sobrevivência de cerca de 70% das plantas. Esses acessos foram plantados no Campo Experimental de Bebedouro em 2014 e até o momento tem sobrevivendo que podem fornecer progênies para estudos de herança do caráter. A goiabeira (*Psidium guajava* L.) é cultivada em áreas irrigadas, porém, os cultivos têm sido dizimados pelo nematoide *Meloidogyne enterolobii* e ainda mais quando associado ao fungo *Fusarium* spp. Assim, uma estratégia foi estudar acessos de araçazeiros (*Psidium* spp.) e quando avaliados para reação ao nematoide *M. enterolobii* foram encontradas plantas com fator de reprodução - FR = população final/população inicial - variando de zero a 0,99, portando todas resistentes, porém, em *P. guineense* e *P. guajava* os valores de FR chegaram até 52 e 58, respectivamente. Contudo, há problemas de incompatibilidade entre o porta-enxerto e a copa de goiabeira. Outra possibilidade é fazer o cruzamento entre plantas de araçás resistentes com a goiabeira e o híbrido resultante foi mais compatível, estratégia feita pela Embrapa Semiárido. Uma terceira possibilidade é buscar fonte de resistência em *P. guajava* e foi encontrada resistência em acessos coletados em Minas Gerais, Paraná e Rio de Janeiro com FR abaixo de 1,0, pesquisa essa conduzida na Universidade Federal do Espírito Santo e na Universidade Estadual do Norte Fluminense-RJ. Assim, esses parentes silvestres podem dar grande contribuição ao cultivo de maracujazeiro e goiabeira em áreas irrigadas do Semiárido e, para tanto, progênies de plantas resistentes devem ser avaliadas em diferentes doses do inóculo para que se possa examinar o desempenho de plantas dessas fontes em ambiente de cultivo no Semiárido irrigado na presença dos estresses bióticos dos sistemas radiculares para se comprovar a eficiência de potenciais fontes encontradas.

Melhoramento Genético de Soja

Dr. Luis Fernando Alliprandini, Monsanto do Brasil

A modernização da agricultura teve início no Período Neolítico, quando o nomadismo deu lugar ao sedentarismo, sendo que o surgimento de comunidades está associado a necessidade de suprimentos alimentares, onde os habitantes passam a coletar, armazenar propágulos e cultivar as espécies de interesse. O aumento populacional na Europa na Idade Média é caracterizado por uma crescente demanda de alimentos, levando a necessidade de aumentar a produção agrícola em escala e o desenvolvimento de ferramentas para o cultivo do solo, sendo uma das mais significativas realizações, a invenção e o consequente uso do arado. A partir do século XVIII, tendo como centro difusor a Inglaterra e suas colônias, a agricultura passa por nova onda de desenvolvimento, levando a agricultura intensiva em cultivo de grandes áreas, proporcionando o desenvolvimento de equipamentos e técnicas de cultivo para melhor atender a demanda de um mercado em crescimento, em sintonia com a revolução industrial e o sistema Capitalista. Esta conjuntura proporcionou cada vez mais um ambiente favorável à demanda por sementes de qualidade e de cultivares adaptados as diferentes regiões e sistemas de cultivo. Sabe-se que até o início da década de 60, a cultura da soja restringia-se praticamente ao Estado do Rio Grande do Sul, sendo que a partir de 1966, a expansão da lavoura ocorreu em níveis significativos nos estados de Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e Goiás. Mais tarde, com a inclusão de grandes áreas do Mato Grosso, Tocantins, Maranhão, Bahia e Piauí, o Brasil, ocupa agora a posição de segundo maior produtor mundial de soja, onde a adaptação dos cultivares e o sucesso do empreendimento deve-se ao conhecimento das características agrícolas destas regiões, aliado ao crescente uso de tecnologias e ao grande empenho em melhoramento genético, com a ampliação do uso de diferentes grupos de maturidade e germoplasma de soja, adaptado às diferentes condições de latitude, clima e solo. A utilização de novas cultivares de soja tem sido uma das tecnologias que mais tem contribuído para os aumentos de produtividade e estabilidade de produção sem acrescentar custos adicionais ao agricultor. Com o advento do Melhoramento a partir do uso de transgênicos, adentramos em uma nova era caracterizada pela seleção genotípica direta. Primeiramente comercializada nos Estados Unidos em 1996, as variedades transgênicas ofereciam novas soluções para problemas antigos, como resistência a herbicidas não seletivos, proporcionando melhor controle de ervas daninhas e pragas. O grande desafio que temos pela frente é o crescimento da população mundial, aliado a demanda por uma agricultura sustentável, amparada em conceitos de preservação do meio ambiente, de forma que a utilização de cultivares melhoradas e transformadas geneticamente, possam proporcionar maior produtividade e resistentes a pragas e a doenças. Desta forma, podemos preservar os recursos naturais importantes como a vegetação nativa, água, nutrientes minerais e também com impacto na matriz energética, reduzindo o uso de combustíveis e eletricidade para irrigação. Esta necessidade, aliada as mudanças climáticas, nos indica uma grande responsabilidade, no sentido de que a soja, como um dos mais importantes alimentos e fonte de proteína para a humanidade, apresenta uma grande área de ocupação agrícola, e com certeza a adoção de novas técnicas de cultivo, aliadas ao incremento do ganho genético em condições de estresse, são ferramentas essenciais para que possamos garantir safras mais estáveis.

Resumos dos Trabalhos de
Biotecnologia e Genômica

ABORDAGEM SOBRE MODELOS, COVARIÁVEIS E ACURÁCIA NA SELEÇÃO GENÔMICA

Leonardo de Azevedo Peixoto^{1*}; Cosme Damião Cruz¹; Leonardo Lopes Bhering¹

¹Universidade Federal de Viçosa. leoazevedop@gmail.com.

A seleção genômica (SG) tem se tornado uma ferramenta de grande potencial no melhoramento. A adição de QTLs significativos como efeito fixo pode melhorar a acurácia dos modelos tradicionais de SG. Além disso, vários fatores influenciam a predição pela SG. Portanto os objetivos desta pesquisa foram: 1) avaliar modelos utilizando os SNPs significativos encontrados pela seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) e pelo estudo de associação genômica ampla (GWAS) como efeito fixo nos modelos tradicionais de SG; 2) comparar os métodos tradicionais de SG (RRBLUP, GBLUP, Bayes A, Bayes B, Bayes Cπ, Bayesian LASSO, BRR e RKHS); 3) verificar como a herdabilidade e o número de QTLs que controlam a característica podem influenciar na predição do valor genético; 4) estabelecer uma equação de predição da acurácia genotípica em função da acurácia fenotípica; 5) estabelecer o número ideal de indivíduos para compor a população de treinamento; e 6) estabelecer a quantidade necessária de marcadores para obter máxima acurácia pelos métodos de SG. Foram simuladas populações F₂ com 1000 indivíduos em diferentes cenários. As populações foram simuladas com 3000 marcadores. Para formação dos cenários características com diferentes herdabilidades (5, 20, 40, 60, 80 e 99%) e número de QTLs (60, 120, 180 e 240) (objetivos 2, 3 e 4) foram simuladas. Para o objetivo 5 o número de indivíduos na população de treinamento variou de 2 a 990 e para o objetivo 6 o número de marcadores variou de 2 a 3000. Para os demais objetivos utilizou-se 800 e 200 indivíduos na população de treinamento e na população de validação respectivamente. A cross validação 5-fold foi utilizada com 50 repetições. As acurácias fenotípicas e genotípicas foram estimadas para todos os cenários. As principais conclusões desta pesquisa foram: 1) A utilização de um modelo de SG com as marcas significativas encontradas pelo GWAS como efeito fixo e as demais marcas como efeito aleatório é uma boa estratégia para selecionar indivíduos superiores com alta acurácia; 2) Os métodos RRBLUP e Bayes B mostraram-se superiores aos demais para a maioria dos cenários avaliados; 3) A herdabilidade apresentou uma relação linear positiva com a acurácia fenotípica, e quadrática com a acurácia genotípica, enquanto que o número de QTLs que controlam a característica não apresentou nenhum tipo de relação linear com a acurácia fenotípica e genotípica; 4) Não existe uma linearidade entre a acurácia fenotípica e genotípica; 5) Os modelos de SG para predição em populações F₂ devem ser compostos por 200 a 900 marcadores de maior efeito sobre a característica e mais de 600 indivíduos na população de treinamento.

Palavras-chave: Predição genômica; acurácia; biometria

Agradecimentos: FAPEMIG, Cnpq, CAPES, e Funarbe.

ALTERAÇÃO NO PERFIL DE METILAÇÃO DO DNA DURANTE UM CICLO DE PRODUÇÃO EM GOIABEIRAS

Ana Beatriz Rocha de Jesus Passos^{1*}; Luziane Brandão Alves¹; Marina Santos Carvalho¹; Matheus Alves Silva¹; Ramon Azevedo Braz¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *Email do autor para correspondência: anabiapassos@yahoo.com.br.

A metilação no DNA é um evento epigenético que consiste na adição de um grupo metil na citosina formando a 5-metilcitosina (5-mC) alterando a conformação da cromatina para formas mais condensadas do DNA, podendo estar associada às fases de desenvolvimento em plantas. Neste trabalho foi analisado o teor de 5-mC global do DNA de goiabeiras durante os estágios vegetativos e reprodutivos em um ciclo de produção por cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE). Quatro genótipos de goiabeiras (Cortibel 7, 10, 13 e 17) de um pomar com 3 anos de idade foram avaliadas em blocos casualizados com três repetições. Foram coletados folhas em cinco diferentes épocas após a poda: 1) 54 dias – período vegetativo; 89 dias – florescimento; 120 dias - frutificação; 152 dias – frutos maduros; e 304 dias pós-colheita. O DNA genômico foi submetido a hidrólise ácida do DNA e posterior análise cromatográfica utilizando um sistema CLAE. Foram quantificados citosina (C) e 5-metilcitosina, utilizando o método do padrão externo. O percentual de metilação variou de 9,68 a 22,60 entre as épocas de coleta e genótipos de goiabeiras avaliadas. Na época de frutificação foram verificados os maiores valores de 5-mC em todos os genótipos, sugerindo controle epigenético neste estágio de desenvolvimento da planta. No período pós-colheita houve decréscimo nas porcentagens de 5-mC sugerindo descompactação do DNA. Os maiores valores de 5-mC foram detectados nos genótipos Cortibel 10 e 13, previamente conhecidos por sua similaridade genética baseada em marcadores de DNA e por características de composição de óleos essenciais. Os resultados obtidos sugerem que a variação no nível de metilação do DNA tem função nos eventos relacionados ao desenvolvimento das goiabeiras em um ciclo de produção. Novas avaliações estão sendo conduzidas para ampliar as informações sobre este fenômeno.

Palavras-chave: 5-mC; Epigenética; *Psidium guajava* L.

Agradecimentos: Capes, CNPq, Fapes.

ANÁLISE DA VARIAÇÃO SOMACLONAL DE MANDIOCA (*Manihot esculenta*)

Betty Cristiane Kuhn¹; Sama Beatriz Kuhn²; Claudete Aparecida Mangolin²;
Maria de Fátima Pires da Silva Machado²

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Dois Vizinhos, UTFPR.

²Universidade Estadual de Maringá, UEM. *bettykuhn@utfpr.edu.br

O sistema de propagação *in vitro* de *Manihot esculenta* (mandioca) é eficiente para produzir grande quantidade de mudas com alto padrão fitossanitário em curto espaço de tempo. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a taxa de variação somaclonal gerada após o cultivo *in vitro* da variedade IPR-União que foi obtida no banco de germoplasma mantido pelo Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR). Meristemas apicais foram usados como fonte de explantes, após a assepsia foram inoculados em meio de cultura MS suplementado com 0,04 mg · L⁻¹ citocinina, 0,02 mg · L⁻¹ de auxina e 0,05 mg · L⁻¹ de giberelina para estabelecimento inicial da cultura. Após 60 dias as plântulas foram transferidas para meio MS suplementado com 0,02 mg · L⁻¹ citocinina, 0,05 mg · L⁻¹ de auxina e 0,05 mg · L⁻¹ de giberelina para crescimento e desenvolvimento. A cada 40 dias as plântulas foram subcultivadas, de maneira que cada planta mãe gerou clones que foram analisados após 5 e 10 subcultivos (S5 e S10). Após a aclimação em casa de vegetação, as análises genéticas foram realizadas com dez plantas obtidas em S5 e dez plantas obtidas em S10, comparadas com a planta matriz. Foram utilizados os marcadores moleculares EST-SSR, IRAP e REMAP. O polimorfismo encontrado com o marcador EST-SSR foi de 10% nas plantas após 5 subcultivos e de 20 % nas amostras após 10 subcultivos. Os marcadores baseados em retrotransposons IRAP e REMAP detectaram um polimorfismo de 13,9% nas plantas em S5 e de 41,7% nas amostras em S10. As plântulas cultivadas em S10. Devido à mobilidade dos retrotransposons e sua possível indução sob condições de estresse causada pela cultura *in vitro*, um maior polimorfismo foi encontrado pelos marcadores IRAP e REMAP. Em contraste, EST-SSR contém tags de sequências expressas e são mais preservadas já que mutações podem gerar alterações metabólicas. Pode-se concluir que a propagação *in vitro* leva a um acúmulo de mutações a cada subcultivo e os marcadores IRAP e REMAP foram mais eficazes que os marcadores EST-SSR para evidenciar a instabilidade genética induzida *in vitro*. Apesar de terem detectado um baixo nível de polimorfismo, o marcador EST-SSR continua sendo uma ferramenta útil, pois mostra a variação em uma sequência expressa.

Palavras-chave: *in vitro*; EST-SSR; Retrotransposons.

ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA DA METILTRANSFERASE EM GENÓTIPOS DE TRIGO CONTRASTANTES PARA RESISTÊNCIA A GERMINAÇÃO PRÉ-COLHEITA

Alana Madureira^{1*}; Josiane Conte¹; **Ana Claudia Rosa**¹; **Antônio Henrique Bozi**¹; **Rodnei dos Santos**¹; Taciane Finatto¹; Giovani Benin¹

¹ Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, Campus Pato Branco - PR.
*alanna_madureira@hotmail.com

Um dos principais problemas que afetam a cultura do trigo á nível de campo, é a germinação pré-colheita, a qual é responsável por perdas consideráveis de produtividade e a qualidade dos grãos. Diversos estudos relatam a importância do estudo do gene codificador da enzima metiltransferase (MET), responsável pela metilação do DNA, no processo do estímulo da geminação. Esta enzima catalisa a transferência de um grupo metil para uma molécula aceptora, como por exemplo, o DNA. O objetivo do presente estudo, foi analisar a expressão de um gene codificadores da enzima MET, através de análise de expressão gênica semi-quantitativa, em cultivares de trigo expostas ao molhamento contínuo na maturidade fisiológica. Foram utilizadas três cultivares de trigo com diferentes níveis de resposta a germinação pré-colheita: Frontana e Jadeíte 11 (resistentes), e a cultivar BRS 207 (suscetível). As plantas foram cultivadas em casa de vegetação, e na maturidade fisiológica, foi realizada a coleta e debulha das espigas. Posteriormente, as sementes foram distribuídas em caixas de poliestireno transparente, e mantidas a 24°C e 100% de umidade em câmara de germinação. Após 24 horas, foi realizada a coleta das sementes para extração do RNA. Foi realizada a quantificação do RNA extraído, síntese do cDNA, análise de RT-PCR (reação da transcriptase reversa, seguida de reação em cadeia da polimerase) e eletroforese em gel de agarose. A RT-PCR semiquantitativa foi realizada com iniciadores do gene alvo codificador da metiltransferase (Traes_7DS_996B0734B), e o gene da Tubulina (Traes_6AS_FAFAAF12) como referência. Cada genótipo foi analisado em triplicata. As imagens obtidas por eletroforese foram armazenadas, e os perfis de expressão de cada gene alvo foi avaliada pela densitometria das bandas utilizando o software ImageJ. A expressão relativa foi obtida pela densidade da banda do gene alvo/densidade da banda do gene referência. Posteriormente, procedeu-se a análise da variância e comparação de médias pelo teste de Duncan a 5% de probabilidade de erro. O teste de Duncan evidenciou que após 24 horas de molhamento, a expressão do gene MET foi maior nas cultivares resistentes em comparação com a cultivar suscetível. A expressão deste gene nos genótipos resistentes corrobora com estudos que indicam que a metilação do DNA é importante para a aquisição de dormência, evitando a germinação das sementes na espiga. Sendo assim, este estudo sugere que a manutenção do DNA metilado pode ser um fator que contribui para a resistência a germinação.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L.; Germinação pré-colheita; PCR Semi-quantitativa.

ANÁLISE MOLECULAR DE *Rotylenchulus reniformis* PRESENTE EM ÁREAS DE CULTIVOS DE MELOEIRO

Alcileide Barreto^{1*}; Ioná Holanda¹; Jorge Neto¹; Rhut Medeiros¹; Rosecleide Silva¹; Anankia Ricarte¹; Glauber Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *E-mail do autor para correspondência: leide_eng@hotmail.com_

Rotylenchulus reniformis é um fitonematoide semi-endo parasito sedentário de raízes e causa grandes prejuízos à cultura do melão. Devido à dificuldade que se tem para seu diagnóstico, a análise molecular é uma ferramenta que permite identificar a presença precoce do nematoide em diferentes amostras de raízes, de forma rápida, segura e eficiente. O uso de marcadores de genes específicos permite maior confiabilidade aos estudos por se basearem em regiões específicas do DNA e não sofrerem influencia ambiental. Esse trabalho teve como objetivo identificar a nível molecular a presença do *R. reniformis* em áreas de cultivos de meloeiro no Estado do Rio Grande do Norte. Foram coletadas trinta amostras de solos em seis diferentes áreas. Sementes de melão do tipo Vedorais foram semeadas nos solos coletados, utilizando-se vasos de 500g. Após 35 dias, as plantas foram levadas ao laboratório e retiradas suas raízes para a extração de DNA. A extração do DNA dos nematoides foi realizada a partir das raízes do meloeiro utilizando o método CTAB. Após a extração do DNA, 2µl de cada amostra foi submetida a quantificação em gel de agarose a 1%, corado com brometo de etídeo e fotodocumentado sob luz ultravioleta. Sequências de *primers* universais, D2A (ACA AGT ACC GTG AGG GAA AGT TG) e D3B (TCG GAA GGA ACC AGC TAC TA) para confirmação molecular de nematoides e específicos para *R. reniformis*, R_renif_R2A (CCC GAT ACC ATT TCC ATA CAA G) e D2A (ACA AGT ACC GTG AGG GAA AGT TG) foram utilizadas nas análises moleculares. As condições de reação com um volume total de 10µl, continha Tris-HCl, 10mM (pH 8,3), KCl 50 mM MgCl₂ 2,0 µM, 0,4µM de cada dNTP, 0,2 nM de cada um dos *primers* genes específicos, 1 U de Taq DNA polimerase e aproximadamente 20 ng de DNA. As amplificações foram realizadas em termociclador automático. Os produtos de PCR foram separados em gel de agarose a 2,0%, corado com brometo de etídeo e fotografados sob luz ultravioleta. Como resultado, observou-se que quando se utilizou o *primer* universal específico para nematoides foi possível a identificação de fragmentos amplificados de 750 pares de bases (próximo ao tamanho esperado) em raízes de plantas cultivadas nos solos das seis áreas. Quando utilizou-se os *primers* específicos para *R. reniformis*, foram observados fragmentos de 320 pares de bases, próximo ao esperado, em apenas uma área. Este resultado é de grande relevância para o produtor desta cultura, pois confirma a presença de nematoides em todas as áreas avaliadas. Adicionalmente, viabilizar-se-á medidas de controle e manejo da doença especificamente para *R. reniformis*.

Palavras-chave: Fitonematoide; Melão; *Primer* específico

ANÁLISIS COMPARATIVO DE LA EXPRESIÓN CIRCADIANA DE LOS HOMÓLOGOS DEL GEN *FLOWERING LOCUS T* EN VARIETADES DE SÉSAMO CON DISTINTOS TIEMPOS DE FLORACIÓN

Miguel López¹; M. Cristina Romero-Rodríguez^{2,3}; Rosa Oviedo de Cristaldo³; Diego González Espínola⁴; Julio C. M. Iehisa^{1*}

¹Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Asunción (UNA). ²Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Químicas, UNA. ³Laboratorio de Biotecnología, Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Dirección General de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, UNA. ⁴Facultad de Ciencias Agrarias, UNA. *E-mail: jcmiehisa@qui.una.py.

El sésamo (*Sesamum indicum* L.) es uno de los cultivos importantes del Paraguay debido a que es el generador de ingresos de los agricultores pequeños. A pesar de ser uno de los cultivos más antiguos e importantes a nivel mundial, se han realizado muy pocos estudios a nivel genético, genómico y análisis funcional de los genes. Recientemente se ha publicado un borrador del genoma de sésamo que permitiría identificar genes y marcadores moleculares asociados a caracteres agronómicos. El tiempo de floración es uno de los factores que influyen en el aumento del rendimiento de los cultivos, y la obtención de variedades con floración temprana es importante en los cultivos en donde las semillas son utilizadas para el consumo. Aunque existen diferencias en el tiempo de floración entre las variedades de sésamo, no se conoce el mecanismo por el cual se modifica este tiempo. Se conoce que el gen *FLOWERING LOCUS T* (*FT*) induce la floración en las plantas. Como primer paso para dilucidar el mecanismo por el cual se modifica el tiempo de floración, se planteó buscar los homólogos de *FT* en sésamo y analizar la expresión circadiana de ellos utilizando variedades con floración temprana (K3) y tardía (Escoba blanca). Mediante la búsqueda BLAST se encontró cuatro genes en el genoma del sésamo cuya homología respecto a la proteína FT de *Arabidopsis thaliana* fueron 79% para SiFTL1 (FT-like 1), 74% para SiFTL2, 71% para SiFTL3 y 69% para SiFTL4. Para el análisis de expresión génica, se realizó la extracción de RNA de las hojas de las dos variedades de sésamo luego de cuatro semanas de la siembra y cultivo a 12 h de luz y 12 h de oscuridad. La extracción se realizó a un intervalo de cuatro horas durante 24 horas, considerando como punto cero el momento en que se enciende la luz. Mediante la PCR en tiempo real de los productos de retrotranscripción (RT-qPCR) se reveló que el nivel de expresión de *SiFTL1* es mayor en la variedad temprana K3 que el nivel de la variedad tardía Escoba blanca. Por otro lado, los niveles de expresión de *SiFTL2* y *SiFTL3* fueron similares entre las dos variedades. No se pudo detectar la expresión de *SiFTL4* con los primers diseñados. Estos resultados indican que *SiFTL1* es el inductor de la floración en sésamo.

Palabras-claves: sésamo; FT, floración

ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE GENES IMPLICADOS EN LA RESPUESTA DE UNA VARIEDAD DE SOJA (*Glycine max*) FRENTE A LA INFECCIÓN POR EL HONGO *Macrophomina phaseolina*

Adriana Orrego Durañona¹; M. Cristina Romero-Rodríguez^{2,3}; Antonio Samudio³; Julio C. M. Iehisa^{1*}

¹Departamento de Biotecnología, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Asunción. ²Departamento de Química Biológica, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Asunción. ³Laboratorio de Biotecnología, Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas – Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, Universidad Nacional de Asunción. *jcmiehis@qui.una.py

El hongo *Macrophomina phaseolina* es un fitopatógeno necrotrófico transmitido por el suelo que causa la enfermedad de la pudrición carbonosa en varias especies vegetales; entre ellas la soja (*Glycine max*), cultivo que constituye parte importante del sostén económico de varios países; incluyendo a Paraguay. Actualmente, poco se sabe sobre el mecanismo molecular de la patogenia de este microorganismo, por lo cual utilizando como modelo a la soja se analizó el perfil de expresión génica mediante RT-PCR de los siguientes genes marcadores de vías de señalización de fitohormonas involucradas en la defensa vegetal: *PR2*; Proteína Relacionada a la Patogénesis 2 para la vía del ácido salicílico (SA), *VSPB*; Proteína de Almacenamiento Vegetativo B para la vía del ácido jasmónico/etileno (JA/ET) y por último a *IAA30*; gen que codifica a un represor de la respuesta temprana a auxina; utilizando como gen de referencia *EF1-b* (Factor de Elongación 1 beta). Como muestras fueron utilizadas raíces de soja variedad Nidera A 5009 RG (Nidera, Argentina) infectadas por *M. phaseolina*, obtenidas mediante un sistema experimental de infección *in vitro*; para el cual se procedió a la germinación en condiciones estériles de semillas, a las 48 h las semillas germinadas fueron transferidas a placa de Petri plástico con solución de Hoagland solidificado con agar, de tal forma que la parte aérea de la plántula se desarrolle fuera de la placa, y puestas bajo condiciones de fotoperiodo de día largo programado para el crecimiento y desarrollo de las plántulas. Evaluando el proceso infectivo; en este sistema, se observó la detención del desarrollo vegetal a las 72 h de inoculación y la aparición de microesclerocios a los cuatro días de inoculación. Como parte del trabajo se realizó la evaluación de la eficacia de tres métodos de extracción de ARN con TRIzol®, demostrándose que el agregado de PVPP a las raíces antes de su extracción, es eficiente para la obtención del material con el cual se realizó el análisis de expresión génica, el cual reveló que la vía de señalización activada en la defensa contra *M. phaseolina* fue la vía del SA; se produjo la inducción de un represor de la vía de señalización de auxina, y también se verificó la represión de la vía del JA/ET.

Palabras claves: *Macrophomina phaseolina*, *Glycine max*, fitohormonas

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) NA POPULAÇÃO UENF14 DE MILHO-PIPOCA

Janeo Eustáquio de Almeida Filho¹, Ismael Albino Schwantes¹, Gabrielle Sousa Mafra¹, Jhean Torres Leite¹, Ismael Fernando Schegoscheski Gerhardt¹, Antônio Teixeira do Amaral Júnior^{1*}

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). *E-mail do autor para correspondência: amaraljr@uenf.br

Como a pipoca é uma guloseima apreciada em várias partes do planeta, a cultura do milho-pipoca tem elevada importância no cenário agrícola; com isso, programas de melhoramento são fundamentais para a disponibilização de cultivares mais adaptadas para cada sistema produtivo. O melhoramento genético, por sua vez, pode ser substancialmente otimizado com o conhecimento das regiões do genoma que afetam as características de interesse; dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar marcadores SNPs associados a características de capital importância para a cultura do milho-pipoca, a saber: rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE) e incidência de fusariose (IF). Para tanto, foram amostrados 99 indivíduos da população de polinização aberta UENF14 – que é uma população resultante de oito ciclos de Seleção Recorrente na UENF –, os quais foram autofecundados e genotipados para mais de 20K SNPs, sendo considerado um painel de 14.025 marcas distribuídos em todo genoma, com *missing* < 5% e MAF > 5%. As progênies S₁ dos indivíduos genotipados foram fenotipadas em dois locais: Itaocara-RJ e Campos-RJ, sob delineamento de blocos casualizados com três repetições. O Estudo de Associação Genômica Ampla (*Genomic-Wide Association Studies* - GWAS), revelou dois SNPs associados com IF, um observado em cada local, cujas marcas possuem MAF de 0,1 e 0,12 e cada qual explicou ~16% da variação fenotípica média das progênies, no respectivo local de associação. Para CE foram observados dois SNPs associados em Itaocara, ambos no cromossomo 8, cujas marcas estão distanciadas a ~2,7Mb, com MAF de 0,12 e 0,16, e que possuem elevado LD ($r^2=0,69$). Após a filtragem de um SNP pelo elevado LD, o remanescente explicou ~19,6% da variação média de CE em Itaocara. Também para CE, foi identificado um marcador no cromossomo 6 de MAF=0,34, com interação SNP x Ambiente significativa ($p<10^{-5}$). Enquanto para RG foram observadas duas marcas com MAF~0,051 independentes ($r^2\sim 0$) em distintos cromossomos (1 e 4), com associações significativas em Campos, esses dois SNPs juntos explicaram ~26% da média desse caráter nesse ambiente. Essas marcas de interesse devem ser avaliadas em outros indivíduos, a fim de validar (ou não) esses achados; dessa forma, tem-se a perspectiva de genotipar e fenotipar linhagens S₇ que foram derivadas da população UENF14. Caso algumas dessas associações sejam efetivas, essas marcas podem ser utilizadas para otimizar o melhoramento do milho-pipoca.

Palavras-Chave: *Genomic-Wide Association Studies*; SNP; interação SNP x Ambiente.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; FAPERJ.

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA O TEMPO DE FLORESCIMENTO DE CULTIVARES DE FEIJÃO USANDO REGRESSÃO QUANTÍLICA

Moysés Nascimento^{12*}; Ana Carolina Campana Nascimento¹²; Fabyano Fonseca e Silva²³; Leiri Daiane Barili⁴; Naine Martins do Vale⁴, José Eustáquio Carneiro⁴;

¹Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico (LICAE), Universidade Federal de Viçosa (UFV), MG. ²Departamento de Estatística, UFV. ³Departamento de Zootecnia, UFV. ⁴Departamento de Fitotecnia, UFV. *E-mail do autor para correspondência: moysesnascim@gmail.com.

O florescimento é uma importante característica agrônômica uma vez que a identificação de cultivares com menor ciclo propicia a redução do consumo de água pelas plantas, o planejamento de colheitas em períodos com menor precipitação pluvial, e a rápida liberação da área para próximos cultivos. De forma a obter um melhor entendimento da arquitetura genética de caracteres de interesse em feijão comum diversos estudos de mapeamento genético têm sido desenvolvidos. As metodologias utilizadas para este fim baseiam-se na identificação do possível efeito médio de SNP's sobre o caráter de interesse. Entretanto, em muitos casos, devido ao pequeno número de indivíduos disponíveis para o ajuste do modelo, as inferências a respeito da associação entre os marcadores e as características em estudo ficam prejudicadas em termos de precisão estatística. Visando contornar esse problema uma abordagem interessante a ser utilizada é a Regressão Quantílica (RQ) que se baseia em quantis condicionais, $Q_{\tau}(Y|X)$, que possibilita um estudo mais informativo da relação entre as variáveis. No presente trabalho um total de 80 genótipos de feijão comum, genotipados para 380 marcadores SNP's, foram utilizados em análises de associação genômica. e o dados foram ajustados em modelos baseados em marcas simples e na RQ considerando quantis 0,1; 0,2; ...; 0,9. Observou-se que com o método tradicional de associação, baseado na regressão de marcas simples, não foi capaz de encontrar nenhuma associação entre SNP's e o caráter. Entretanto, considerando o quantil 0,1 da RQ, foram encontrados um total de 6 SNP's significativos para o caráter dias para o florescimento. Especificamente, os SNP's significativos foram detectados nos cromossomos 1, 2, 3, 7, 10 e 11.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., modelo linear, quantil condicional.

Agradecimentos: Os autores agradecem a Fundação Artur Bernardes (FUNARBE) da Universidade Federal de Viçosa, à Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes).

ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE *CaTI*, UM INIBIDOR DE PROTEASE SERÍNICA DE SEMENTES DE *Capsicum annuum* L. SOBRE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS

Marcielle Souza da Silva¹; Suzanna de Fátima Ferreira Ribeiro¹; Gabriel Bonan Taveira¹; André de Oliveira Carvalho¹; Rosana Rodrigues¹; Valdirene Moreira Gomes¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *marcielle-souza@hotmail.com

Extensas perdas econômicas associadas à agricultura são derivadas de doenças causadas por microrganismos em plantas de importância agrônômica. Essas doenças têm como importantes agentes bactérias e fungos fitopatogênicos. Devido à presença de um número cada vez maior de patógenos resistentes a diversos compostos, os peptídeos antimicrobianos (AMPs) de plantas vêm despertando a atenção dos pesquisadores na tentativa de desenvolver novos agentes no controle de doenças e pragas. Desta forma, diferentes peptídeos com atividade antimicrobiana têm sido identificados em sementes de diferentes espécies de plantas. Diversos AMPs já foram identificados no gênero *Capsicum*, entre eles os da família das tioninas, das proteínas transportadoras de lipídeos (LTPs) e dos inibidores de proteases serínicas. O objetivo geral deste trabalho foi avaliar a atividade antifúngica e o mecanismo de ação de um peptídeo denominado *CaTI*, isolado de sementes de *Capsicum annuum*, pertencente a família dos inibidores de proteases serínicas, sobre fungos fitopatogênicos de interesse agrônômico. Neste trabalho o peptídeo foi inicialmente extraído a partir de sementes de *C. annuum* e submetido a métodos cromatográficos para a sua purificação, como cromatografia de troca catiônica em resina CM-Sepharose e cromatografia de fase reversa em sistema HPLC utilizando uma coluna C2/C18. Os resultados mostraram que *CaTI* foi capaz de inibir o crescimento dos fungos fitopatogênicos *Colletotrichum gloeosporioides* e *Colletotrichum lindemuthianum*. Também foi observado que *CaTI* foi capaz de permeabilizar a membrana de todos os fungos testados (*C. gloeosporioides*, *C. lindemuthianum*, *Fusarium oxysporum* e *Fusarium solani*). Quando testamos a propriedade desse inibidor induzir as espécies reativas de oxigênio (ROS) e óxido nítrico (NO), pode-se observar uma indução de ROS e NO em todos os fungos. A detecção da localização de *CaTI* acoplado a FITC revelou a presença desse inibidor no interior das hifas do fungo *F. oxysporum*. Os peptídeos antimicrobianos, entre os quais se destaca a família de inibidores de tripsina, estão presentes em diferentes espécies do gênero *Capsicum* e fazem parte do arsenal químico que as plantas usam para se defenderem contra agentes patogênicos.

Palavras-chave: *Capsicum*; Inibidores de tripsina; Fungos fitopatogênicos.

Agradecimentos: UENF; FAPERJ

AUXINAS E CITOCINAS E SUA INFLUÊNCIA NO CRESCIMENTO DE MANJERICÃO “FOLHA DE ALFACE”

Letícia Neris Barboza¹; Andressa Bezerra Nascimento²; Jessica Rezende Trettel³; Héliida Mara Magalhães⁴;

UNIPAR, Universidade Paranaense Umuarama-Pr. Email: leticia-nbarboza@hotmail.com

O manjericão pertencente à família Lamiaceae, faz parte de um grupo de plantas medicinais e aromáticas de grande valor econômico, muito utilizado para diversos fins: como ornamental, condimento, medicinal, aromático, na indústria de perfumaria e de cosmético. No entanto essa espécie é mais amplamente estudada no ponto de vista farmacêutico, poucos são os trabalhos que abordam etapas que procedem ao melhoramento de plantas. Objetivou-se com esse trabalho avaliar os efeitos da interação dos reguladores de crescimento vegetais no desenvolvimento de plântulas de manjericão alface cultivadas *in vitro*. As sementes passaram por um processo de assepsia com álcool etílico 70%, hipoclorito de sódio por 10 minutos em seguida foram lavadas com água deionizada e autoclavada. A inoculação foi realizada em frascos de vidro transparentes de 350 ml contendo 50 ml de meio. Utilizou-se o meio MS (MURASHIGE e SKOOG) com adição 30 g L⁻¹ de sacarose, 6,5 gL⁻¹ de Agar, pH de 5,8 e adicionados reguladores Cinetina (KIN), Ácido Indolilacético (AIA) e Ácido Naftalenoacético (ANA) em diferentes combinações. Foram observadas características morfológicas em quatro épocas: 20, 40, 60 e 80 dias após a inoculação. Os resultados demonstraram plântulas com raízes bem estabelecidas e folhas estendidas. O número de folhas, número de brotos, comprimento da parte aérea e da raiz, biomassa fresca e seca da parte aérea e da raiz foram influenciados pelos reguladores, de forma que o tratamento 3 (0,5mg.L de KIN+1,5mg.L de AIA) apresentou maior média para o desenvolvimento dessas características. Os tratamentos 5 (0,5 e KIN+0,5 de ANA), 6 (0,5 de KIN+1,5 de ANA) e 7 (1,5 de KIN+0,5 de ANA) devido a combinações com doses altas, influenciou significativamente no desenvolvimento radicular e biomassa da parte aérea, os quais obtiveram médias muito baixas para essas características e resultaram também em maiores médias no desenvolvimento anormal das plântulas de manjericão.

Palavras chave: *Ocimum basilicum* “folha de alface”; Lamiace; reguladores de crescimento;

AValiação DA TAXA DE GERMINAÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE PALMA DE ÓLEO (*Elaeis guineenses*)

Geís Ferreira Neves^{1*}; Antonia Maiara Marques do Nascimento²; Mariana Magalhães Caetano¹; Fernando Batista dos Santos Filho¹; Lúbia da Silva Teixeira¹; Sérgio Yoshimitsu Motoike³

¹Graduação em Agronomia – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ²Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ³Professor do Departamento de Fitotecnia – UFV/Viçosa-MG/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: geis.nevesufv@gmail.com.

Palma de óleo (*Elaeis guineenses*) é uma espécie de grande importância econômica devido ao seu uso na indústria alimentícia, cosmética e bioenergética. A micropropagação tem sido considerada como ferramenta fundamental para a propagação de clones elites de palma de óleo, especialmente para otimizar tempo e espaço em programas de melhoramento genético de palma de óleo. No entanto, o sucesso da micropropagação dos diversos genótipos exige a formulação correta do meio de cultura. O objetivo deste trabalho foi testar quatro meios de cultura na germinação de embriões somáticos obtidos *in vitro* do genótipo AM 34, supostamente tolerante ao Amarelecimento Fatal. O experimento foi conduzido em DIC, com quatro tratamentos, representados pelos meios de cultura Y3 (Eeuwens 1976), C1 (crescimento 1), C2 (crescimento 2) e C3 (crescimento 3), com 19 repetições, totalizando 76 unidades experimentais, sendo cada unidade experimental representado por um frasco de vidro de 300 ml, contendo 30 ml de meio de cultura e seis embriões somáticos cada. O material vegetal foi acondicionado a temperatura de 28 °C, fotoperíodo de 16 horas de luz e irradiância de 30 $\mu\text{mol (m}^2\text{)}^{-1}\cdot\text{s}^{-1}$ durante 60 dias. Após esse período foram avaliadas a percentagem de germinação e o número de plantas viáveis em cada tratamento. O número de plantas viáveis no meio Y3 foi superior estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade em relação ao meio C1 e igual aos demais meios de cultivo. A percentagem de germinação dos meios C1, C2, C3 e Y3 foram respectivamente 8,70%; 17,54%; 19,30% e 31,50%.

Palavras-chave: Embriogênese somática; *Elaeis guineenses*; Germinação

AVALIAÇÃO DA VIABILIDADE DO CONSÓRCIO CUPUAÇUZEIRO X MOGNO AFRICANO, EM SISTEMA AGROFLORESTAL NO MUNICÍPIO DE TOMÉ AÇU - PA

Rafael Moysés Alves^{1*}; Abel Jamir Ribeiro Bastos²; Thalita Gomes dos Santos²;
Jack Loureiro Pedroza Neto²

¹Embrapa Amazônia Oriental. ²Universidade Federal Rural da Amazônia.
*rafael.moyses-alves@embrapa.br.

Os sistemas agroflorestais apresentam diversas finalidades, desde alimentação e uso da madeira, até enriquecimento da vegetação, sombreamento e uso medicinal. A sua introdução no sistema de produção familiar pode ser uma alternativa viável para aumentar a produção e renda, entretanto ainda pouco se conhece a respeito das interações existentes entre as espécies cultivadas. Este trabalho objetivou avaliar as inter-relações entre árvores de mogno africano e cupuaçuzeiro, visando avaliar a viabilidade dessas espécies para utilização em sistemas agroflorestais. Mudanças de cupuaçuzeiro e uma progênie de polinização aberta de mogno africano foram plantadas no campo em 2005. Foram adotados os espaçamentos de 6 x 4 m para o cupuaçuzeiro e 18 x 10 m para o mogno. Avaliaram-se quatro níveis de influência do mogno sobre o cupuaçuzeiro, definidos pela proximidade das plantas das duas espécies envolvidas: Nível 1 = 3,6 m; Nível 2 = 6,7 m; Nível 3 = 9,2 m; Nível 4 = 13,4 m, considerada testemunha. Cada nível era composto por quatro plantas de cupuaçuzeiro, que foram avaliadas em relação a nove árvores de mogno africano presentes no plantio, totalizando 144 plantas de cupuaçuzeiro. Para cada planta de cupuaçuzeiro foi estimado o desenvolvimento vegetativo em altura e diâmetro nos dois primeiros anos (2006 e 2007), a média de produção de frutos/planta nas cinco últimas safras (2010/2011 à 2014/2015) e o percentual de plantas mortas nesta última safra. Os dados foram submetidos à análise de variância seguida do teste de Tukey no programa estatístico Genes. Foi possível observar que a competição estabelecida pelo mogno afetou o cupuaçuzeiro em todos os níveis de distância avaliados, não apresentando diferenças estatísticas significativas para as variáveis avaliadas. Para a altura de plantas do cupuaçuzeiro as médias foram de 1,88, 1,91, 1,93 e 1,80 m, enquanto que, para o diâmetro do caule foram de 3,57, 3,52, 3,32 e 3,38 cm para os níveis 1, 2, 3 e 4, respectivamente. O número de frutos, na média geral, foi de 13,33 frutos/planta/safra, com menor média de 12,46 frutos para o nível 1 e 15,13 frutos nível 4. Por outro lado, o percentual de mortalidade do cupuaçuzeiro foi elevado. Apenas as plantas mais afastadas foram menos afetadas. Os níveis 1, 2 e 3 apresentaram 30,9, 31,4 e 33,3% das plantas de cupuaçuzeiro mortas na safra 2014/2015, enquanto que o último nível apresentou 16,6%. Foi possível concluir que o mogno africano não deve ser indicado para compor SAFs com o cupuaçuzeiro no espaçamento estabelecido e sem uso de irrigação. Porém, tendo em vista a complexidade das relações nesses sistemas, há necessidade de ampliação e refinamento das pesquisas.

Palavras-chave: *Theobroma grandiflorum*, *Khaya ivorensis*, consórcio, competição vegetativa.

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL EMBRIOGÊNICO DE TRÊS MEIOS DE CULTURA PARA REGENERAÇÃO DE PALMA DE ÓLEO (*Elaeis guineenses*)

Geís Ferreira Neves¹; Antonia Maiara Marques do Nascimento²; Mariana Magalhães Caetano¹; Fernando Batista dos Santos Filho¹; Lúbia da Silva Teixeira¹; Sérgio Yoshimitsu Motoike³.

¹Graduação em Agronomia – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ²Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas – UFV/Viçosa-MG/Brasil.; ³Professor do Departamento de Fitotecnia – UFV/Viçosa-MG/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: geis.nevesufv@gmail.com.

Micropropagação tem sido cada vez mais utilizada para propagar plantas elites de palma de óleo. No entanto, o desafio da micropropagação é produzir um meio de cultura eficiente para cada genótipo a ser propagado, uma vez que as necessidades nutricionais dos genótipos selecionados para propagação são distintas. AM 34 é um genótipo de palma de óleo que sobreviveu ao amarelecimento fatal, considerado a mais grave enfermidade da palma de óleo do continente americano. O objetivo deste trabalho foi testar três meios de cultura Y3 (Eeuwens 1976), C1 (crescimento 1) e C2 (crescimento 2) na regeneração *in vitro* de embriões somáticos do genótipo AM 34 de palma de óleo. O experimento foi conduzido em DIC com três tratamentos e 4 repetições, totalizando 12 unidades experimentais, sendo cada unidade experimental representado por uma placa de Petri com cinco massas proembriogênicas (3mm³) cada. Após transferências das massas proembriogênicas nas respectivas placas de Petri, estes foram incubados na ausência de luz em sala de cultivo mantidos a 28°C por 45 dias. Ao final do período de incubação obteve-se a média de 19,25, 72,0 e 60,25 embriões somáticos por placa para os meios de cultura Y3, C1 e C2, respectivamente. O número de embriões somáticos obtidos em C1 e C2 foram estatisticamente superiores ao número de embriões obtidos em Y3 pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. O maior número de embriões formados é de suma importância para contagem final de plantas, logo os tratamentos com os meios C1 e C2 foram os que apresentaram melhor desempenho.

Palavras Chave: Micropropagação; *Elaeis guineenses*; embriões somáticos

Agradecimentos: CNPq; UFV; FAPEMIG.

BUSCA E ANÁLISE DE TRANSPOSONS NO GENOMA DE *Hemileia vastatrix*

Pedro Ricardo Rossi Marques Barreiros¹; Rafaela Leite Prado¹; Laércio Zambolim^{1,2}, Ney Sussumu Sakiyama^{1,3}; Eveline Teixeira Caixeta^{1,4}

¹Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, BIOAGRO UFV; ²Departamento de Fitopatologia, UFV; ³Departamento de Fitotecnia, UFV; ⁴EMBRAPA Café, *E-mail do autor para correspondência: pedro.barreirosufv@gmail.com.

A ferrugem alaranjada, causada por *Hemileia vastatrix*, é a principal doença que afeta os cafeeiros e pode ocasionar quedas drásticas de produtividade e qualidade final do grão. Esse fungo apresenta altos índices de variabilidade genética, levando ao surgimento de novas raças que suplantam a resistência das cultivares de café obtidas nos programas de melhoramento. A causa dessa alta variabilidade ainda não é bem compreendida, uma vez que que *H. vastatrix* se reproduz assexuadamente. Um dos mecanismos que podem influenciar essa variabilidade são elementos transponíveis presentes do genoma de *H. vastatrix*. Desta forma, o objetivo do trabalho foi quantificar e localizar os elementos transponíveis do tipo retrotransposons LTR, assim como avaliar sua possível influência nos genes do fungo. Para as análises, foi utilizado o banco de sequências de DNA do genoma de referência de *H. vastatrix*. Para a busca por retrotransposons LTR, utilizou-se o programa LTR-Finder. O *software* AUGUSTUS foi usado para prever os genes de *H. vastatrix* por meio do alinhamento com ESTs (*Expression Sequence Tags*) de *Ustilago maydis*. Os genes preditos que estão sobrepondo as sequências de LTRs foram analisados por meio do banco de dados Genbank, NCBI. Foram encontrados 1.109 retrotransposons LTR completos distribuídos em 58.535 *contigs*, variando de 0 a 12 LTRs por *contig*. Observou-se que os LTRs estão concentrados em um número pequeno de *contigs* indicando uma preferência de sítio de integração. Foram identificados sete genes que estão sobrepostos a sequências de LTRs e a maioria deles correspondem a estruturas características do retrotransposons. Uma das proteínas identificadas é conhecida como proteína de mutação, o que sugere que os transposons associados a ela sejam altamente mutagênicos. Esses elementos, chamados de *mutator transposons*, podem aumentar em 50 vezes as taxas de mutação e, portanto, podem estar contribuindo para aumentar a variabilidade genética de *H. vastatrix*. Conclui-se que os retrotransposons LTR estão presentes em grande quantidade no genoma de *H. vastatrix* e seus sítios de inserção sugerem sua potencial influência na variabilidade genética desse fungo, se tornando relevante e necessário uma maior investigação sobre essa influência.

Palavras-chave: *Coffea*; ferrugem do cafeeiro; Elementos transponíveis

Agradecimentos: Consórcio de Pesquisa do Café (CBP&D/Café), INCT-Café, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

CARACTERIZAÇÃO DE PEPTÍDEOS ANTIMICROBIANOS EM FRUTOS DE *CAPSICUM* INFECTADOS COM *COLLETOTRICHUM GLOEOSPORIOIDES*

Álan Chrisleyr Maracahipes^{1*}; Lorrán Yves Machado de Sousa¹; Gabriel Bonan Taveira¹; Érica de Oliveira Mello¹; Rosana Rodrigues¹; Valdirene Moreira Gomes¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: alan.chrisleyr@outlook.com

Existem vários problemas fitossanitários que vem causando sérios prejuízos à cultura de *Capsicum*, estando entre elas a antracnose. Mediante o ataque de algum patógeno, várias moléculas protéicas são produzidas, tais moléculas são conhecidas como proteínas relacionadas a patogênese ou proteínas PRs. O objetivo desse trabalho foi identificar proteínas e/ou peptídeos antimicrobianos de frutos de dois genótipos de *Capsicum annuum* infectados com o fungo *Colletotrichum gloeosporioides*. Para o estudo dessas proteínas e/ou peptídeos envolvidos na resposta de defesa, foi realizada a inoculação do fungo em frutos de *Capsicum* por meio da deposição de uma gota da suspensão de esporos (10^6 conídios/ml) e após os intervalos de 24 e 48 horas, os frutos foram retirados da câmara úmida e levados para o processo de extração protéica. Os extratos foram dialisados em água destilada e liofilizados. A caracterização parcial das proteínas dos extratos foi realizada por meio de eletroforese em gel de tricina e Western Blotting. As bandas que se destacaram no perfil de eletroforese foram submetidas a sequenciamento por espectrometria de massas. Foi realizado ensaios de inibição de tripsina e ensaio de determinação da atividade β -1,3-glucanásica. Os resultados obtidos mostraram várias proteínas de baixa massa molecular em todos os tratamentos analisados, dando destaque para alguns tratamentos onde foram identificados peptídeos antimicrobianos, como os pertencentes as famílias das Defensinas, Proteínas Transferidoras de Lipídeos (LTP) e de Inibidores de Proteases. Peptídeos estes os quais podem ser expressos pelas plantas na defesa contra diversos patógenos, inclusive ao *Colletotrichum gloeosporioides*. Foi concluído que os frutos verdes são mais responsivos a infecção, havendo a produção de peptídeos antimicrobianos em resposta ao ferimento e a inoculação do fungo, fato não ocorrido em nenhum tratamento de frutos maduros.

Palavras-chave: Antracnose, Pimenta, Proteínas PR.

Agradecimentos: FAPERJ

CARACTERIZAÇÃO E ATIVIDADE ANTIMICROBIANA DE PEPTÍDEOS DE FRUTOS DE *Capsicum annuum* L. SOBRE FUNGOS DE IMPORTÂNCIA AGRONÔMICA

Layrana de Azevedo dos Santos^{1*}; Gabriel Bonan Taveira¹; Suzanna de Fátima Ferreira Ribeiro¹; Lídia da Silva Pereira¹; André de Oliveira Carvalho¹; Rosana Rodrigues¹; Olga Lima Tavares Machado¹; Antônia Elenir Amâncio Oliveira¹; Jucélia da Silva Araújo¹; Valdirene Moreira Gomes¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *layrana.as@gmail.com

Nos últimos anos muitos trabalhos vêm demonstrando o papel de peptídeos com atividade antimicrobiana isolados de várias espécies de plantas contra um vasto número de microrganismos, como fungos, vírus e bactérias. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi purificar e caracterizar peptídeos presentes em frutos de pimenta da espécie de *Capsicum annuum*. Inicialmente, as proteínas presentes nos frutos de pimenta foram extraídas em tampão fosfato pH 5,4 e precipitadas com sulfato de amônio a 0-70 % de saturação. O extrato resultante da extração foi submetido à cromatografia de fase reversa usando coluna C2/C18 em sistema HPLC. As frações obtidas após cromatografia (Fa2 – Fa8) foram selecionadas e submetidas a ensaios antifúngicos contra *Fusarium laterithium*, *Fusarium solani*, *Fusarium oxysporum* e *Colletotrichum gloeosporioides*, numa concentração de 200 µg.mL⁻¹. Estas frações também foram submetidas a ensaio de inibição *in vitro* da α-amilase salivar humana e de larvas do inseto *Callosobruchus maculatus* e da tripsina suína. A fração antifúngica, denominada Fa5, apresentou alta atividade antimicrobiana sobre as espécies do gênero *Fusarium*, não apresentando atividade significativa contra o fungo *C. gloeosporioides*. A fração Fa5 foi também selecionada e submetida a testes de permeabilidade de membranas e de indução de espécies reativas de oxigênio (ROS). A fração Fa5 apresentou duas bandas protéicas majoritárias de 17 e 6,5 kDa, e estas foram submetidas a identificação de sequência por espectrometria de massas. Dois peptídeos foram obtidos a partir da banda de 6,5 kDa, os quais apresentaram, por análise comparativa em bancos de dados de proteínas, similaridade com peptídeos antimicrobianos. Os fungos *F. laterithium*, *F. solani*, *F. oxysporum*, e *C. gloeosporioides* quando tratados com a fração Fa5 tiveram suas membranas permeabilizadas. Os fungos pertencentes ao gênero *Fusarium* também apresentaram um aumento na produção endógena de ROS, quando tratados com essa fração. A fração Fa5 foi também capaz de inibir 69 % da atividade das α-amilases salivar humana e 80 % da atividade larval do inseto *C. maculatus*, mas nenhuma atividade sobre a enzima tripsina foi detectada.

Palavras-chave: Peptídeos; *Capsicum annuum*; Fungos filamentosos

Agradecimentos: UENF; FAPERJ

CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO R2R3-MYB DE PLANTAS

Luciano Nobuhiro Aoyagi^{1,2}; Valéria S. Lopes-Caitar¹; Francismar C. Marcelino-Guimarães¹

¹Embrapa Soja, Londrina, 86001-970, Brasil; ² Universidade Estadual de Maringá, Maringá, 8702-900, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: francismar.marcelino@embrapa.br

Proteínas MYB desempenham a regulação de importantes processos biológicos de plantas, incluindo respostas a estresses, e representam uma das maiores famílias de fatores de transcrição. A classe R2R3-MYB é a mais numerosa e análises da conservação do seu domínio e motivos (C-terminais) permitem agrupá-los em subgrupos com funções conhecidas. Este trabalho objetivou a identificação e classificação filogenética de R2R3-MYBs, bem como predição putativa de funções biológicas em arroz, milho, trigo, sorgo, feijão, soja e Arabidopsis. A busca de modelos gênicos codificando os fatores R2R3-MYB foi conduzida nos bancos: PlantTFDB, SOYDB e Phytozome, através da palavra-chave MYB e realizando alinhamento *Blastp* utilizando o Modelo de Markov (HMM - PF00249), resultando em um total de 1250 sequências. A identificação do domínio R2R3 foi realizada através de análise utilizando as ferramentas Pfam, Prosite, MEME (análise de domínio e motivos) e inspeção manual. A classificação em subgrupos foi realizada alinhando-se as sequências com guias (AtMYB) e as árvores filogenéticas foram construídas com o método *Neighbor-joining*, ambos utilizando o programa MEGA (v.7.0), com 1000 replicatas. A análise das sequências proteicas permitiu a identificação de 1008 R2R3-MYBs, assim como a atribuição de funções putativas dos mesmos. Foi observado a formação de todos os 23 subgrupos guias conhecidos (AtMYB) em todas as espécies de plantas analisadas, bem como subgrupos novos em arroz (17), milho (18), trigo (15), sorgo (12), feijão (15) e soja (12). A principal função putativa sobre as quais R2R3s desempenham controle em plantas é a defesa (todas as plantas - 14 a 24,6% das sequências R2R3), seguido de metabolismo em milho, trigo e sorgo (17%; 10% e 19%, respectivamente) e desenvolvimento em feijão (11%) e soja (19%). Cada subgrupo apresentou motivos únicos e esperados (de acordo com seu guia AtMYB). Trigo possui a maior família R2R3-MYB (242 sequências) entre as espécies analisadas. A classificação permitiu inferir papéis putativos de MYBs de plantas, indicando potenciais alvos para análises funcionais aos mais variados estresses.

Palavras-chave: MYB; filogenia; *motif*

***Coffea arabica* L. BIOTECHNOLOGICAL IMPROVEMENT AGAINST COFFEE BERRY BORER (CBB)**

Luiz Filipe P. Pereira^{1,*}, Jimmy Villalta-Villalobos², Laura Rojas-Lorz², Marta F. Valdez-Melara, Griselda Arrieta-Espinoza³, Andrés Gatica-Arias²

¹Embrapa Café-IAPAR, Londrina, PR, Brasil. ²Laboratorio Biotecnología de Plantas, Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica, 2060 San Pedro, Costa Rica. ³Centro de Investigación en Biología Celular y Molecular, Universidad de Costa Rica, 2060 San Pedro, Costa Rica. *Corresponding Author: filipe.pereira@embrapa.br

Coffee (*Coffea arabica* L.) is one of the most important crops in developing countries. It is susceptible to different diseases and pests, being coffee berry borer (*Hypothenemus hampei* Ferrari, CBB) a major threat for its production. However, genetic resistance to CBB is one of the features not easily available in the coffee genetic pool. Neither *C. arabica* nor *C. canephora* have natural resistance to CBB, hampering traditional breeding approaches for CBB control. Alternatively, the effectiveness of *Bacillus thuringiensis* genes in controlling coffee berry borer has been well reported. Bioassays against first-instar of *H. hampei* of *cry10Aa* and *cyt1Aa* gave estimated larval mortality of 20% and 50%, respectively. Additionally, a combination of *cry10Aa* and *cyt1Aa* resulted in 100% of larval mortality. Therefore, our main goal is to introduce *cry10Aa* and *cyt1Aa* genes into the coffee genome using biotechnology tools. We developed suitable transformation vectors with fruit tissue-specific promoter (CaEXP and CrLTP) for the expression of the entomopathogenic *cry10Aa* and *cyt1Aa* genes from *B. thuringiensis*. We also optimize the transformation protocols using either *Agrobacterium tumefaciens* or particle acceleration method, using *uidA* (GUS) reported gene. For particle acceleration, highest *uidA* transient activity was obtained using a pressure of 900 psi and a target distance of 9 cm. For *A. tumefaciens*, best transformation results were obtained using *ATHV* strain. The optimized genetic transformation protocols developed are being used for incorporation and stable expression of the *cry10Aa* and *cyt1Aa* genes under the control of fruit-specific promoters. The development of coffee varieties resistant to CBB using transgenic technology it is an important and strategical tool in order to offer coffee farmers alternatives to control this important pest.

Keywords: transformation; *Hypothenemus hampei*; *Bacillus thuringiensis*

Acknowledgment: Agricultural Innovation MKTPlace, Consórcio Café, INCT-Café.

COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS DE EXTRAÇÃO DE DNA EM *Fevillea spp.*

Ámena Ornelas Brito¹; Jamile da Silva Oliveira²; Kenia Gracielle da Fonseca²; Sílvia Ferreira de Sá³; Fábio Gelape Faleiro⁴; Léo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição⁴; Nilton Tadeu Vilela Junqueira⁴

¹Estudante do Curso de Graduação em Agronomia União Pioneira de Integração Social/Planaltina-DF, ²Estudante de pós-graduação UnB\ Brasília-DF, ³Estudante do Curso de Graduação em Agronomia ICESP/Águas Claras-DF, ⁴Pesquisador(a) da Embrapa Cerrados/Planaltina-DF. *E-mail do autor para correspondência: fabio.faleiro@embrapa.br

O gênero *Fevillea* L. pertence à família Cucurbitaceae e relatos indicam que algumas espécies apresentam potencial de uso em diversos segmentos industriais como óleo para cosméticos, tintas e etc, além de biocompostos com possíveis aplicações em fármacos e defensivos. A Embrapa tem estabelecido um Banco de Germoplasma de *Fevillea spp.*, que atualmente possui mais de 140 acessos. Contudo, é indispensável quantificar a variabilidade existente neste germoplasma conservado, essencial para progressos em melhoramento. Neste sentido, marcadores moleculares são ferramentas úteis para estudos de variabilidade em recursos genéticos, no entanto, o primeiro passo é escolher um método de extração de DNA adequado para uso em metodologias de amplificação de DNA. Sendo assim, objetivou-se buscar um método de extração de DNA eficiente para fevilha visando a sua utilização em estudos moleculares. Foram testados dois protocolos de extração, onde ambos empregam o tampão de CTAB: (i) protocolo com base na metodologia convencional (ii) protocolo com uso de lavagem com tampão de Sorbitol. As concentrações do DNA extraído e as relações 260\280 foram obtidas por meio de análises realizadas em espectrofotômetro. Após a extração foram realizados testes de amplificação em PCR com marcadores RAPD. Ao todo foram utilizados 10 genótipos originados de diferentes localidades: Carmópolis-SE, Jundiá do Sul-PR, Mato Verde-MG, Peruíbe-SP e Planaltina-DF. O método convencional apresentou concentração média de 203,01µg e média para relação 260\280 de 1,64 ng/µL. Para o método com o uso de Sorbitol, as médias foram superiores com concentração de 579,06µg e relação 260/280 de 1,78 ng/µL. A média da razão 260/280 pela espectrofotometria de absorção ultravioleta, com o uso de Sorbitol, praticamente alcançou valores considerados para uma amostra de DNA puro, entre 1,8 e 2,0 ng/µL. Para valores menores que estes, provavelmente existe contaminação com proteínas, fenol entre outros contaminantes que absorvem em 280 nm. A amplificação com o método convencional foi insatisfatória, enquanto o método com Sorbitol foi eficiente produzindo bandas eletroforéticas fortes e nítidas. A metodologia com o uso de Sorbitol pode ser recomendada para extração de DNA em fevilha para utilização em técnicas moleculares.

Palavras chave: Extração de DNA; Sorbitol; Fevilha.

Agradecimentos: À Embrapa, Finep, Petrobrás, MCTIC, MDA e CNPq

COMPORTAMENTO REPRODUTIVO EM RECURSOS GENÉTICOS DE *Moringa oleífera* Lam.

Rafaela Grazielle Castrillon^{1*}; Rosimara Barboza Bispo²; Douglas Alexandre de Campos Castrillon Junior³; Sérgio Alessandro Machado Souza⁴

¹Mestranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, MT - Brasil. ²Graduanda do curso de Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, MT - Brasil. ³Mestrando do Programa de Pós-graduação em Ciências Ambientais, Universidade do Estado do Mato Grosso, Cáceres, MT. ⁴Professor, Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, MT - Brasil. *E-mail do autor para correspondência: rafaela_castrillon@hotmail.com.

A *Moringa oleífera* Lam. é originária da Índia, pouco exigente em termos agrônômicos. A espécie possui propriedade medicinal, nutricional e coagulante em água. O objetivo deste trabalho foi verificar o comportamento reprodutivo através da viabilidade polínica, por meio de dois métodos colorimétricos, e o índice meiótico da espécie. As amostras foram coletadas no município de Cáceres – MT. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado (DIC). Procederam duas análises: viabilidade polínica e índice meiótico (IM), onde os botões florais em diferentes fases de desenvolvimento foram coletados e fixados em etanol 70% e mantidos a 5°C. A viabilidade polínica foi realizada a partir dos métodos colorimétricos via coloração tripla de Alexander e Carmim Acético 1%. Botões florais na antese foram selecionados para o preparo das lâminas. As anteras foram maceradas em uma gota do corante e foram conduzidas oito lâminas e em cada lâmina foram contados 250 grãos de pólen, perfazendo um total de 2.000 grãos de pólen. O índice meiótico foi estabelecido com o uso de Carmim Acético 1%, onde botões florais em fase inicial foram selecionados e as lâminas foram preparadas a partir da técnica de esmagamento (squash). Tétrade com quatro células de mesmo tamanho foi considerada normal e qualquer desvio (mônade, díade, tríade e políade) foi considerado anormal. Foram contados 2.000 produtos pós-meióticos. Os dados da viabilidade polínica e IM foram submetidos à análise de variância realizada com o programa Genes e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. As análises estatísticas mostraram que não houve diferença significativa entre os dois métodos de coloração, a viabilidade polínica foi alta tanto para o corante Alexander com média de 88,8% quanto para o corante Carmim que obteve média de 93,4% comprovando assim a eficiência deste método para a estimativa da viabilidade polínica da espécie. Na análise dos produtos pós-meióticos além de células em tétrade também foram observadas células em mônade, díade e tríade, porém, apesar da presença dessas células a espécie obteve alto índice meiótico 91,9%, comprovando assim a alta porcentagem da viabilidade polínica obtida via teste colorimétrico.

Palavras-chave: moringaceae, pólen, teste colorimétrico

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pela concessão de bolsa.

CONTROLE GENÉTICO E MAPEAMENTO POR ASSOCIAÇÃO PARA RESISTÊNCIA À MANCHA BRANCA EM LINHAGENS DE MILHO

Kaian Albino Corazza Kaefer¹, Adilson Ricken Schuelter¹, Ivan Schuster²,
Jonatas Marcolin¹, Eliane Cristina Gruska Vendruscolo³.

¹Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon – PR, Brasil. ²Dow Agrociências, Cravinhos – SP, Brasil. ³Universidade Federal do Paraná, Palotina – PR, Brasil. E-mail do autor para correspondência: adilson_schuelter@yahoo.com.br

O objetivo do trabalho foi identificar regiões genômicas associadas com a resistência à mancha branca (MB) em linhagens de milho comum e estudar o controle genético envolvido na resistência por meio da análise de médias e variâncias. Para o mapeamento por associação, 72 linhagens foram genotipadas e fenotipadas, sendo a genotipagem realizada com marcadores SNP na plataforma 650K (Affymetrix®), enquanto que a fenotipagem baseou-se da predição dos valores genotípicos derivadas das notas de resistência para à MB considerando o modelo 21 do software SELEGEN-REML/BLUP. A fim de evitar associações espúrias entre marcadores SNPs e o caráter estudado, realizou-se inicialmente a análise de estrutura da população. A análise de associação entre os marcadores SNPs e a MB foi realizada utilizando-se modelo linear misto (MLM). Para o estudo do controle genético, o experimento foi conduzido no ano de 2016 e foi composto por blocos casualizados com três repetições, sendo os tratamentos constituídos pelos genitores (1 e 2) e suas gerações F₁, F₂, RC₁ e RC₂. Por meio das notas atribuídas às linhagens e as suas respectivas gerações, foram extraídos os dados genotípicos relacionado à herança da doença estudada. As estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais, foram baseadas na análise das variâncias das gerações segregantes e não segregantes. As associações significativas de marcadores SNP para resistência, mapeados nos cromossomos 2, 4 e 8, revelam a possibilidade de aumentar a resistência à mancha branca. No entanto, existem outras associações, que se encontram distribuídas pelos demais cromossomos, excetuando-se o cromossomo 6, que podem aumentar, reduzir ou até mesmo anular o efeito desse atributo. O emprego de valores genômicos obtidos a partir da análise de associação MLM pode ser uma estratégia eficaz para selecionar genitores para estudos de controle genético para caracteres quantitativos. O controle genético da resistência à mancha branca, envolvendo os genitores CD15 e CD69 é de natureza quantitativa, sendo que os efeitos gênicos aditivos são os mais importantes na determinação do caractere, permitindo boa eficiência de seleção de genótipos superiores e ganhos por seleção satisfatórios, baseadas em avaliações fenotípicas.

Palavras-chave: *Pantoea ananatis*, resistência genética, desequilíbrio de ligação.

EFICÁCIA DE MARCADORES SCAR, CAPS E SSR NA SELEÇÃO ASSISTIDA DE CAFEIROS RESISTENTES A *Hemileia vastatrix*

Dênia Pires de Almeida¹; Karoliny Ferreira Moreira¹; Antonio Carlos Baião de Oliveira^{2,3}; Antonio Alves Pereira²; Laércio Zambolim¹; Ney Sussumu Sakiyama¹; Eveline Teixeira Caixeta^{1,3}

¹ Universidade Federal de Viçosa-MG

² Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, EPAMIG-MG

³ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA Café-DF

* eveline.caixeta@embrapa.br

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) tem sido utilizada como estratégia auxiliar no melhoramento genético de plantas, permitindo reduzir o número de progênies a ser levada para o campo, bem como o número de gerações para a estabilização dos genótipos. Nesse trabalho, objetivou-se testar a eficiência de seleção (ES) dos marcadores SCAR, CAPS e SSR para SAM do cafeeiro, visando seleção de genótipos resistentes a ferrugem. Foram analisadas plantas de duas populações $F_{2:3}$ (C15 e C35) e duas populações de retrocruzamento suscetível (RCS_2), cada uma originada de plantas selecionadas no RCS_1 (C47 e C108). Essas populações são provenientes do cruzamento da fonte de resistência Híbrido de Timor UFV443-03 e da cultivar suscetível Catuaí Amarelo IAC 64 (UFV 2148-57). Os cafeeiros foram fenotipados com uredósporos da raça II de *H. vastatrix* e analisados por qui-quadrado ($\chi^2=5\%$) no programa GENES. Dos marcadores analisados, CaRHv8 e SSR16, pertencentes ao grupo de ligação (GL) 2 do mapa genético, representam o loco A de resistência. CaRHv8 se comporta como marcador dominante e está ligado em repulsão, marcando o alelo a. O SSR16 corresponde a marcador codominante, permitindo a identificação de indivíduos AA, Aa e aa. Os marcadores CaRHv9 e CaRHv11_CAPS, pertencentes ao GL5, representam o loco B de resistência. Ambos se comportam como dominantes e acoplados, permitindo, portanto, a identificação dos indivíduos B_ e bb. Na análise fenotípica, observou-se que todos os indivíduos da $F_{2:3}$ -C15 foram resistentes, enquanto que na $F_{2:3}$ -C35 a segregação foi de 3R:1S (P= 9,18%). Para os dois RCS_2 observou-se segregação de 3R:1S, RCS_2 -C47 (P= 9,25%) e RCS_2 -108 (P =18,69%). Utilizando os quatro marcadores associados aos dois QTL, observou-se uma ES de 100% para a população $F_{2:3}$ -C15, de 97,3% para $F_{2:3}$ -C35, de 89% RCS_2 -C47 e de 93,6% para RCS_2 -C. A partir da validação da eficiência desses marcadores, foi realizada a seleção de 7 plantas AAB_ de cada população $F_{2:3}$ para a próxima geração, 16 plantas RCS_2 -C108 e 28 plantas RCS_2 -C47 de genótipo AaBb para a obtenção do RCS_3 . Logo, o uso desses marcadores na SAM possibilitaram um avanço no programa de melhoramento do cafeeiro com a seleção precoce de indivíduos.

Palavras-chave: *Coffea arabica*; ferrugem; marcador molecular.

Agradecimentos: Consórcio de Pesquisa Café (CBP&D/Café), INCT-Café, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

DETECÇÃO MOLECULAR DE *Phakopsora euvitis* ONO EM PLANTIO DE UVA NO SEMIÁRIDO NORDESTINO

Ioná Holanda¹; Talison Costa¹; Débora Dantas¹; Django Dantas¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *E-mail do autor para correspondência: iona@ufersa.edu.br

Doenças causadas por fitopatógenos causam prejuízos que podem até dizimar áreas de plantio. A ferrugem da videira, fitopatologia causada pelo agente etiológico *Phakopsora euvitis* Ono, prejudica a sustentabilidade da produção de uvas por influenciar na maturação dos frutos comprometendo sua qualidade final. Sua rápida proliferação e dispersão pode ser um problema na introdução das cultivares para produção de vinhos no Semiárido Nordeste, região onde a implementação das cultivares é objeto de estudos experimentais. A rápida identificação do agente etiológico permite que seu controle seja realizado de forma ativa e eficaz. O objetivo deste estudo foi diagnosticar a presença do fungo *Phakopsora euvitis* Ono em cultivos de uva comerciais do Semiárido Nordeste através de análises moleculares. Folhas da videira com sintomas claros da patologia e coletadas na área experimental da Fazenda Rodolfo Fernandes em Mossoró/RN foram utilizadas para o isolamento do DNA através do método CTAB. A quantificação do DNA extraído foi realizada em gel de agarose a 1% submetido a eletroforese por 1 hora a 120V. Em seguida o gel foi corado com brometo de etídeo e fotografados sob luz ultravioleta. As reações de amplificação foram realizadas em um volume final de 20µl, contendo 10 mM de Tris-HCl (pH 8,3), 50 mM de KCl, 2 mM de MgCl₂, 0,4 mM de cada dNTP, 0,2 µM de cada um dos *primers* genes específicos N1 (5'-GCATATCAATAAGCGGAAAAG-3') e N4 (5'-GGTCCGTGTTTCAAGACGG-3'), 1 U de Taq DNA polimerase (Biotec) e aproximadamente 20 ng de DNA. As amplificações foram realizadas em termociclador de acordo com o seguinte programa: 94°C por 4 minutos; 30 ciclos de 94°C a 1 minuto, 55° C a 1 minuto, 72° C por 1,5 minutos e extensão final por 72°C durante 10 minutos. Os produtos de PCR foram separados em gel de agarose a 2,0%, corado com brometo de etídeo e fotografados sob luz ultravioleta. Como resultado foram observados fragmentos de DNA amplificados de aproximadamente 560 pares de bases, tamanho de *amplicon* este esperado para a identificação do *Phakopsora euvitis* Ono. Com os resultados preliminares é possível confirmar que o protocolo de diagnóstico foi eficiente para a confirmação da presença do patógeno em plantios de videira avaliados da área experimental de Mossoró/RN. Estes resultados são de importante relevância no que tange a indicação de medidas de controle da ferrugem da videira nos plantios da área estudada.

Palavras-chave: Ferrugem da videira; Marcadores de DNA

Agradecimentos: Universidade Federal Rural do Semi-Árido.

DEVELOPMENT OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM (SNP) MARKERS FOR GENETIC MAP SATURATION OF *UROCHLOA HUMIDICOLA*

Aline da Costa Lima-Moraes¹; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Fernanda Ancelmo de Oliveira¹; Cláudio Benício Cardoso-Silva¹; Cacilda Borges do Valle³; Anete Pereira de Souza^{1*}

¹Center for Molecular Biology and Genetic Engineering (CBMEG) - Institute of Biology, UNICAMP, Campinas, SP. ²Embrapa (Brazilian Agricultural Research Corporation) Southeast Livestock, São Carlos, SP. ³Embrapa Beef Cattle, Campo Grande, MS. *Corresponding Author E-mail: aclima@unicamp.br.

Large areas of Brazil are destined for the cultivation of pasture, where the purpose is to feed cattle. Among these, it stands out *Urochloa humidicola* (syn. *Brachiaria humidicola*), a hexaploid specie that reproduces by apomixis. In the breeding program developed by Embrapa Beef Cattle, the commercial cultivar BRS Tupi was crossed with the accession H031, unique sexual genotype of the Germplasm Bank, generating 279 hybrids F₁. These hybrids were used in construction of a genetic map based on microsatellite markers, developed exclusively for the species. This current map consists of 294 markers, distributed in 49 linkage groups. In order to increase the density of markers on map, the main objective of this work was identify and development SNP markers from the foliar transcriptome of BRS Tupi and H031 genotypes. For this, the reads of each genotype were mapped in transcriptome assembly and prospection of SNP was made using CLC Workbench software. Contigs sequences containing these loci were grouped, creating a reference bank used for a new mapping and prospection of SNP, allowing the selection of common SNP in both genotypes. In these, 15,215 loci were identified. According to the technique that will be used in genotyping, a series of filtrations was performed: i) elimination of markers that did not have a region of at least 150 bp on each flank and/or had another SNP at 50 bp or less distance; ii) identification of introns in the flanking portions of SNP through BLAST using *Setaria italica* data from Phytozome v9.1; iii) BLAST with the genome of *S. italica* as a query and also as subject, considering the genes with a single hit as a unigene; iv) then, contigs of *U. humidicola* were aligned with these genes via BLAST, and only those with similarity greater than 70% were selected. At the end of all filtering steps, we obtained 251 candidates SNP. Of these, 76 SNP are associated with nitrogen fixation pathways, cellulose and lignin metabolism, C4 metabolism, and flood tolerance. These were submitted to primer design in Assay Design Suite from Agena Bioscience® software, for genotyping on MassARRAY® System Agena Bioscience™. The SNP markers developed will be used to saturate the genetic map of the *U. Humidicola* and represent a significant set of tools that will benefit breeding programs for this species.

Keywords: koronivia grass; polyploidy; RNASeq

Acknowledgment: FAPESP, CNPq and Embrapa Beef Cattle.

DEVELOPMENT OF SNP MARKERS FOR POPULATION STRUCTURE IN PEACH USING GENOTYPING BY SEQUENCING

Liane Bahr Thurow^{1,3*}; Ksenija Gasic²; Maria do Carmo Bassols Raseira³;
Caroline Marques Castro³.

¹UFPel. ²Clemson University. ³Embrapa Clima Temperado. *lianepel@yahoo.com.br

Genotyping by sequencing (GBS) is a simple, high throughput, multiplex capable next-generation sequencing system, which provides low cost for simultaneous genome-wide SNP discovery and genotyping. In this study, we applied GBS approach for population structure inferences among 217 peach genotypes (*Prunus persica*) belonging to the Embrapa peach breeding germplasm. Genomic DNA was extracted and normalized to 10 ng/μl for subsequently library preparation. 96-plex libraries were *ApeKI* restricted, ligated to barcoded adaptors, pooled and amplified for multiplex sequencing on the Illumina HiSeq 2000 platform. Default parameters of Tassel 4.0 pipeline software were used to call SNPs. Before analysis, SNPs with more than 25% missing data and MAF less than 0.05 were removed. To avoid the strong influence of SNP clusters, data were pruned based on Linkage Disequilibrium using PLINK 1.9 (--indep 50 5 2). Population structure was then investigated using fastSTRUCTURE with a simple prior option and visualized in Distruct. K values ranging from 1 to 10 were tested. A dataset of 93353 SNP markers evenly distributed through the eight major scaffolds of the peach v2.0 genome was obtained. After quality filters, 5738 unlinked SNPs were used in fastSTRUCTURE. The algorithm for multiple choices of K estimated the most likely number of populations at K = 3. Using membership coefficient (Q) of >80% for assignment of genotypes to a specific subpopulation, 70 genotypes clustered in Pop1, only one in Pop2 and 59 genotypes were assigned to Pop3. The remaining 87 genotypes were considered as unstructured. The distribution of the genotypes within clusters is based mainly on their fruit traits: melting and non-melting flesh cultivars. Majority of the melting peaches were assigned to Pop1, such cultivars are used for fresh market and include advanced selections and cultivars released by Embrapa breeding program, cultivars from *Agronomic Institute* of Campinas (IAC), majority of the introductions from North American peach breeding programs and additional few cultivars from Japan, Mexico, Spain, Italy and Taiwan. Pop2 included only 'Mollares Hierro' the melting peach from Canary Islands, while Pop3 is comprised by majority of the non-melting cultivars and advanced selections bred for processing by Embrapa program, few accessions from IAC and few introduced from Bolivia. The information of population structure developed in this study and the high quality SNP resources generated by GBS will support genome-wide association studies (GWAS) for valuable traits in peach.

Keywords: *Prunus persica*; GBS; Next-generation sequencing.

Acknowledgements: CAPES, CNPq, UFPel, Embrapa Clima Temperado and Clemson University.

DIAGNÓSTICO MOLECULAR DO FITOPATÓGENO *Alternaria alternata* EM PLANTIOS COMERCIAIS DE MAMOEIRO NO RIO GRANDE DO NORTE

Anna Brito^{1*}; Ioná Holanda¹; Suzana Silva¹; Rui Sales Junior¹; Belícia Silva¹;
Rosecleide Silva¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. * E-mail do autor para correspondência: britoannalu@gmail.com

São vários os fitopatógenos causadores de doenças em cultivos frutíferos, dentre eles, se destaca a espécie *Alternaria alternata*, um fungo produtor de toxinas hospedeiro-específicas, capaz de causar perdas econômicas consideradas de grande magnitude em diversos cultivos, como por exemplo o do mamão. Um dos passos importantes para prevenir e/ou remediar o ataque por fitopatógenos é o aumento do conhecimento sobre sua biologia, de modo a permitir uma correta identificação do agente causador do dano, e assim, buscar metodologias de combate baseadas em suas características específicas. Desse modo, objetivou-se com esse trabalho, realizar o diagnóstico molecular da presença do fungo *A. alternata* em mamões coletados de diferentes áreas produtoras do Rio Grande do Norte. Para a identificação molecular do fungo, foi feito seu isolamento a partir de mamões coletados em três diferentes fazendas. Dessas amostras, foi feita a extração de DNA com método baseado na lise celular por meio do uso de SDS. Após avaliação da integridade e quantificação, o DNA foi submetido a reação de polimerase em cadeia (PCR) utilizando três pares de *primers* gene-específicos. Um deles foi o controle positivo Dir5cAlta1 (GAGAACAGCTTCATGGACTTCTCTTT), Inv4Alta1 (CGCGGCAGTAGTTGGGAA) capaz de identificar todas as espécies pertencentes ao gênero *Alternaria*. Outro, foi o controle negativo AinfDA1 (CGCATCCTGCCAGTTG), AinflAlta1 (GTTGGTAGCCTTGATGTTGAAGC), específico para a espécie *A. infectoria*. E o terceiro par AaltDA1 (CGCATCCTGCCCTGTCA), AinflAlta1 (GTTGGTAGCCTTGATGTTGAAGC), capaz de identificar a espécie em estudo, *A. alternata*. A análise em gel de agarose dos *amplicons* gerados, mostrou que dos 16 isolados que tiveram seu material genético extraído, 12 foram identificados como pertencentes ao gênero *Alternaria*, 12 como pertencentes a espécie *A. alternata*, e nenhum pertencente a espécie *A. infectoria*. Nos isolados que apresentaram amplificação com o primer específico para *A. alternata*, havia ao menos um representante de cada uma das três fazendas onde os frutos foram coletados. Assim, conclui-se que mamões de todas as localidades analisadas foram positivos para presença de *A. alternata*. Ou seja, a ferramenta se mostrou eficaz na detecção e diagnóstico do fitopatógeno, sendo portanto, capaz de prevenir infecções em estágios iniciais prevenindo grandes perdas econômicas.

Palavras-chave: *Carica papaya*; *Primer* gene-específico; Mamão

DIODOS EMISSORES DE LUZ, TIDIAZURON E PACLOBUTRAZOL NA MICROPROPAGAÇÃO DE *Bambusa oldhamii* MUNRO

Andreia Alves da Costa Silveira^{1*}; Rafael Medeiros¹; Livia Cristina da Silva¹;
Paulo Roberto Faria¹; Sérgio Tadeu Sibov¹.

¹Universidade Federal de Goiás. *E-mail do autor para correspondência: (andreiaac2@gmail.com).

Bambusa oldhamii Munro (Bambusoideae) é uma espécie de bambu usada na fabricação de móveis e pisos utilizando o BaLC (Bambu Laminado Colado), além da produção de brotos comestíveis. Espécie de difícil propagação convencional e florescimento esporádico, tornou-se alvo de técnicas de cultivo *in vitro* para auxiliar a produção de mudas. A micropropagação representa uma das técnicas de cultura de tecidos vegetais que visa a produção de mudas em larga escala, pouco tempo e livres de patógenos. É utilizada na propagação de genótipos elites e também na conservação de germoplasma vegetal. A micropropagação é feita por meio de propágulos que são desinfetados e inoculados em meio de cultura sob condições assépticas. No meio de cultura são utilizados diferentes reguladores de crescimento, tais como a citocinina tidiazuron (TDZ) e a auxina paclobutrazol (PBZ). O uso de radiação fotossinteticamente ativa por meio de diodos emissores de luz (LEDs) *tende* a melhorar o desenvolvimento e a qualidade de mudas produzidas *in vitro*. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi estabelecer um protocolo de micropropagação de *B. oldhamii*, utilizando explantes inoculados em meio de cultura MS suplementado com TDZ (2,27 µM) e PBZ (3,4 µM), sob diferentes comprimentos de ondas e diferentes intensidades de LEDs: 100% azul (455 nm), 100% vermelho (630 nm), 30% azul + 70% vermelho, e 30% vermelho + 70% azul. Analisou-se o número de brotações laterais, número de folhas e a produção de clorofila A, B e carotenoides. Ocorreu aumento de 50% na produção de folhas em meio de cultura com PBZ, assim como o aumento visível no tamanho. Não houve diferença significativa quanto ao número de brotações referentes aos reguladores de crescimento e aos diferentes comprimentos de onda de LED. Entretanto, a combinação de luzes 30% vermelho + 70% azul promoveram aumento de 18% no nível de clorofila das mudas, enquanto que 100% vermelho promoveu o menor nível de clorofila. O PBZ é uma auxina inibidora de giberelina, o que desencadeia maior produção de folhas e melhor qualidade fotossintética. O aumento no nível de clorofila em LEDs deve-se ao fato de que redes de fotorreceptores presentes nas folhas controlam os processos fisiológicos nas plantas, dentre eles a produção de clorofila, o que pode ser otimizado pela intensidade e tamanho do comprimento de onda presente na fonte de radiação.

Palavras-chave: Bambu; LED; cultura *in vitro*.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.

DISCOVERY PROTEOMICS REVEALS NEW TARGETS FOR GENETIC MANIPULATION OF LIGNIN METABOLISM IN EUCALYPTUS PLANTS

Marília Gabriela de Santana Costa¹; Paulo Mazzafera²; Tiago Santana Balbuena^{3*}

¹ School of Agricultural and Veterinarian Sciences, São Paulo State University (UNESP), Jaboticabal-SP, Brazil. ² Institute of Biology, University of Campinas (UNICAMP), Campinas-SP, Brazil. *tsbalbuena@fcav.unesp.br

Genetic engineering is widely used in plant breeding programs. One of the genetic approaches to successfully improve a desired trait is to monitor changes in the expression of genes in a closely related species that contains the target phenotype, and then insert the specific transgene into the host genome. Proteomics has the advantage over the other large-scale gene expression profiling strategies in delivering direct evidence of the final gene products that are expressed in a cell. *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus globulus* are among the most widely cultivated trees, differing in lignin composition and plantation areas. Here, we carried out an unbiased proteome analysis in the stems of *E. grandis* and *E. globulus* seedlings grown in different temperatures, aiming at the identification of key molecular regulators in the monolignol pathway. Our deep-search proteomics data allowed the identification of 3,111 proteins, representing approximately 10% of the predicted proteome for the *E. grandis* genome model. The gene expression profile, in terms of the number of identified proteins, corroborated with the gene density pattern for all of the 11 *Eucalyptus* chromosomes. Pathway mapping analysis containing the accessions from all identified enzymes revealed a comprehensive metabolic coverage from the acquired mass spectrometric data. Regarding the lignin biosynthesis, our proteomics approach resulted in the identification of 13 of the 17 core proteins involved in this metabolism, corroborating with gene predictions and the currently proposed lignin toolbox. Quantitative analyses revealed significant differences in 8 protein isoforms. The identification and quantification of most of the core lignification toolbox allowed us to pinpoint target genes and identify cross-species differences induced by temperature. Considering all quantification data from the proteins described in the protein dataset, it can be inferred that the lignin biosynthetic pathway is stimulated in *E. globulus* plants grown at low temperature, while the *E. grandis* lignin biosynthetic pathway is induced upon growth in high temperature environments. Finally, it is important to mention that protein identities described here, as specific gene products, can be used to monitor or engineer plants for the purpose of obtaining a higher lignocellulose yield.

Keywords: Eucalyptus breeding, lignocellulose biomass, plant-environment interaction

Funding: FAPESP grants: 2011/11650-0, 2014/23541-0 and 2015/23354-8

DISTRIBUIÇÃO DE *LOCI* SSR NO GENOMA DE *Aegilops speltoides*: INFORMAÇÃO PARA PROGRAMA DE INTROGRESSÃO EM TRIGO

Eduardo Venske^{1*}; Railson Schreinert dos Santos¹; Mariana Peil da Rosa¹;
Camila Pegoraro¹; Luciano Carlos da Maia¹; Antonio Costa de Oliveira¹

¹Centro de Genômica e Fitomelhoramento, Universidade Federal de Pelotas. *E-mail do autor para correspondência: eduardo.venske@yahoo.com.br

Aegilops speltoides é uma espécie diploide ($2n = 2x = 14$, genoma SS), do *pool* gênico secundário do trigo, a qual tem demonstrado capacidade de doar diversas características de interesse ao melhoramento desta cultura. O processo de introgressão de genes e alelos favoráveis provenientes de *Ae. speltoides* pode ter sua eficiência bastante aumentada por meio do uso de marcadores moleculares. Entre os marcadores mais utilizados estão os SSRs, muito utilizados também em estudos de variabilidade genética e evolução. Os marcadores SSRs possuem diversas vantagens, em especial a de serem multi-alelicos, ou seja, capazes de diferenciar uma grande quantidade de alelos de um determinado *locus*. O objetivo deste estudo foi caracterizar o genoma de *Aegilops speltoides* quanto à distribuição de *loci* SSR. Para isso foi utilizada a versão "TGAC_WGS_speltoides_v1" do genoma de *Ae. speltoides* a partir do repositório do URGI do IWGSC (*International Wheat Genome Sequencing Consortium*). Utilizou-se o software SSRLocator, com os parâmetros padrão (*default*), que estabelecem números mínimos de repetições para cada classe de motivos SSR e um espaçamento mínimo de 100 pb entre *loci*, como critérios de qualidade e identificação. Um total de 58.274 *loci* foram encontrados ao longo de todo o genoma, resultando em uma densidade de aproximadamente 33,1 *loci* SSR.Mb⁻¹. As classes de motivos mais abundantes foram os tetrâmeros, isto é, seqüências de 4 nucleotídeos que se repetem *n* vezes (mínimo de 4 repetições, definido na busca) com 20.570 elementos, seguida dos dímeros (mínimo de 10 repetições), com 18.502 elementos. Os tetrâmeros que se repetem 4 vezes são os *loci* mais comumente encontrados neste genoma (14.761 elementos) e sugere-se serem as repetições mais promissoras para utilização como marcadores. Estudo subsequente está sendo realizado buscando estes dados também em outras espécies dos *pools* gênicos secundários e terciários do trigo, gerando informação relevante para programas melhoramento genético desta importante cultura. A seqüência deste trabalho deverá incluir ainda a validação destes resultados, através da avaliação do polimorfismo destes *loci* SSR em diferentes acessos de *Ae. speltoides* para então investigar a possibilidade de uso destes na identificação de QTLs relacionados com características de interesse agrônomo.

Palavras-chave: variabilidade genética; marcadores moleculares; introgressão.

Agradecimentos: ao CNPq e à CAPES pelo fornecimento de bolsas de estudo e pesquisa.

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO DE MANGABEIRA DO CERRADO MATO-GROSSENSE

Lidiane Miranda da Silva¹, Fabiano Silva Soares²; Carolina de Faria Cabral Pereira Paes e Barros³; Ana Aparecida Bandini Rossi⁴; Petterson Baptista da Luz⁵; Severino de Paiva Sobrinho⁶,

1Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas-UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil. 2Engenheiro Florestal, Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas-UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil. 3Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas-UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil. 5Professor-Departamento de Engenharia Agrônômica-UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil. E-mail do autor para correspondência: lidibms@hotmail.com

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma árvore frutífera nativa do Cerrado brasileiro que apresenta grande potencial econômico, devido aos seus múltiplos usos. O avanço da fronteira agrícola vem contribuindo para a rápida remoção da vegetação remanescente e exercendo forte pressão sobre as populações naturais da espécie. Informações a respeito da variabilidade genética neste bioma ainda são escassas. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade e a estrutura genética de uma população natural de mangabeira utilizando iniciadores ISSR (entre sequências simples repetidas). Foram amostradas 24 árvores matrizes de uma população encontrada em Chapada dos Guimarães-MT. Amostras de folhas foram coletadas para posterior extração do DNA. Ao todo, 20 iniciadores ISSR foram testados, dos quais dez apresentaram bandas amplificadas (UBC: 807, 809, 810, 812, 818, 827, 834, 835, 841 e 981), totalizando 57 bandas, com uma porcentagem de 57,89% de polimorfismo em nível de espécie e média de 5,7 bandas por iniciador. O valor de PIC (Índice de Conteúdo Polimórfico) para os iniciadores selecionados apresentou média de 0,41, variando de 0,10 (UBC 812) a 0,73 (UBC 807). A análise bayesiana utilizando o *Structure* separou a população em dois grupos diferentes ($K = 2$), sendo 62,5% das árvores matrizes alocadas no grupo 1 e 37,5% delas no grupo 2. Esses resultados foram consistentes com os da análise de agrupamento revelado pelo método UPGMA. Foi encontrada moderada diversidade genética, com o número de alelos observados ($N_a = 1,58$), alelos efetivos ($N_e = 1,29$), índice de diversidade de Nei ($H_e = 0,18$) e índice de Shannon ($I = 0,27$). A análise de variância molecular mostrou 16,61% da variância total entre os grupos e 83,39% dentro deles. Em conclusão, os iniciadores ISSR se mostraram eficientes na caracterização genotípica das árvores matrizes de mangabeira, servindo como subsídio para o delineamento de planos de manejo e conservação da espécie.

Palavras-chave: *Hancornia speciosa* Gomes, variabilidade genética, iniciador ISSR.

Agradecimentos: Os autores agradecem à FAPEMAT pelo suporte financeiro, e a CAPES pela concessão de bolsa de mestrado.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS *Fevillea* spp. DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA CERRADOS

Ámena Ornelas Brito¹; Jamile da Silva Oliveira²; Sílvia Ferreira de Sá³; Kenia Gracielle da Fonseca²; Fábio Gelape Faleiro^{4*}; Léo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição⁴; Nilton Tadeu Vilela Junqueira⁴

¹Estudante do Curso de Graduação em Agronomia União Pioneira de Integração Social/Planaltina-DF, ²Estudante de pós-graduação UnB\ Brasília-DF, ³Estudante do Curso de Graduação em Agronomia ICESP/Águas Claras-DF, ⁴Pesquisador(a) da Embrapa Cerrados/Planaltina-DF. *E-mail do autor para correspondência: fabio.faleiro@embrapa.br

O gênero *Fevillea* L., pertencente à família Cucurbitaceae, possui algumas espécies nativas da flora brasileira com potencial uso em produtos de valor comercial para inúmeros setores como oleoquímico, cosméticos, fármacos e defensivos. A Embrapa tem empenhado esforços em domesticar a fevilha (*Fevillea trilobata*), desenvolver o processamento da matéria-prima e caracterizar o germoplasma visando o melhoramento genético. O Banco Ativo de Germoplasma de Fevilha (BAGFEV) possui mais de 140 genótipos, no entanto, estudos de diversidade genética neste gênero ainda são inexistentes. Neste sentido, objetivou-se caracterizar a variabilidade genética de acessos do BAGFEV por meio de marcadores moleculares. Foram utilizados 20 genótipos de acessos de *Fevillea* spp. incluindo *Fevillea trilobata* (Planaltina-DF, Camacã-BA, Ilhéus-BA, Carmópolis-SE, Januária-MG, Mato Verde-MG e Jundiá do Sul-PR dois genótipos de cada), *Fevillea pedatifolia* (Januária-MG um genótipo), *Fevillea passiflora* (Peruíbe-SP dois genótipos), *Fevillea cordifolia* (Senna Madureira-AC um genótipo) e um provável híbrido interespecífico (*F. trilobata* x *F. cordifolia* dois genótipos). Reações de PCR foram conduzidas em termociclador e os fragmentos amplificados foram visualizados em gel de agarose e fotodocumentados. Inicialmente foram testados 18 *primers* RAPD e 19 ISSR. Destes, foram selecionados os que apresentaram amplificação e visualização eletroforética, oito RAPD e cinco ISSR. Para cada tipo de marcador, em separado, os amplicons obtidos foram codificados em matriz de dados binários, a partir da qual foi estimada a dissimilaridade genética entre os diferentes genótipos, com base no complemento do coeficiente de similaridade de Nei & Li. A matriz de dissimilaridade obtida foi empregada para efetuar a análise de agrupamento e geração do dendrograma pelo método UPGMA. Foram gerados 69 marcadores RAPD e 236 marcadores ISSR. Em ambos marcadores o coeficiente de correlação cofenético foi 0,83 mostrando elevada associação entre as matrizes de dissimilaridade e as representações gráficas. Os grupos formados e a distância entre os genótipos em ambas análises mostram ligação com a origem dos genótipos e distância geográfica. Os marcadores foram eficientes na caracterização do germoplasma.

Palavras chave: RAPD; ISSR; Fevilha.

Agradecimentos: À Embrapa, Finep, Petrobrás, MCTIC, MDA e CNPq

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENITORES DE *Coffea canephora* POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES

Letícia de Faria Silva¹; Emilly Ruas Alkimim¹; Haroldo Silva Rodrigues¹; Daniela Teixeira Lelis¹; Felipe Lopes da Silva¹; Laércio Zambolim¹; Eveline Teixeira Caixeta^{1,2};

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Embrapa Café. *E-mail: leticia.f.faria@ufv.br.

O sucesso de um programa de melhoramento depende, sobretudo, da escolha correta de genitores. Estes devem apresentar bom desempenho agrícola e variabilidade genética. Algumas ferramentas podem ser utilizadas para auxiliar esse processo, como o uso de marcadores moleculares. Marcadores SSR (*Simple Sequence Repeats*) foram utilizados em acessos da espécie *Coffea canephora*, visando avaliar a diversidade genética e, dessa forma, auxiliar a escolha de genitores para o melhoramento dessa espécie. A população avaliada consistiu em cafeeiros que pertencem aos dois grupos varietais, Conilon e Robusta, e por híbridos provenientes de cruzamentos entre acessos desses grupos. Com os dados de genotipagem foi gerada uma matriz de dissimilaridade multialélica e, os acessos foram agrupados pelo método de otimização Tocher. Esse método se baseia no critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo. Analisando os cafeeiros Robusta e Conilon separadamente observou-se a formação de 10 e 13 grupos, respectivamente. Esse resultado mostra que os cafeeiros pertencentes a um mesmo grupo varietal apresenta considerável diversidade, possibilitando a seleção de cruzamentos promissores dentro do grupo. A matriz gerada permitiu selecionar os acessos mais divergentes para formação de população, com promissor ganho genético. Para os programas de melhoramento que visam cruzar cafeeiros dos dois grupos varietais e aproveitar a heterose, foi realizado a análise dos híbridos já formados e todos os acessos em conjunto. Para os híbridos foram obtidos 14 grupos e baseado nas maiores distâncias genéticas foi possível selecionar conjuntos de variedades híbridas, de modo a evitar problemas com autoincompatibilidade genética. Na análise conjunta, considerando Conilon, Robusta e híbridos, verificou-se a formação de 21 grupos e, em geral, os acessos foram alocados de acordo com seus grupos varietais. Verificou-se também híbridos geneticamente mais próximos de Robusta ou Conilon. No grupo 1 foram alocados 29 acessos, sendo constituídos pelos híbridos, exceto o genótipo Conilon 3627-8. Esse resultado sugere que esse genótipo é um provável híbrido natural. Com base na análise conjunta foi possível também selecionar os cafeeiros de cada grupo varietal para serem cruzados, formando novos híbridos. As informações moleculares foram eficientes na discriminação dos genótipos, demonstrando ser útil na seleção de genitores e híbridos nos programas de melhoramento de *C. canephora*.

Palavras-chave: Cafeeiro; SSR; Tocher

Agradecimentos: Consórcio Pesquisa Café; CNPq; Fapemig; INCT/Café.

DIVERSIDADE GENÉTICA INTRA E INTERESPECÍFICA DE *Passiflora* spp. BASEADA EM MARACADORES ISSR E RAPD

Jamile da Silva Oliveira¹; Fábio Gelape Faleiro²; Nilton Tadeu Vilela Junqueira²;
Kenia Gracielle Fonseca¹ e Susan Araya^{1*}

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Cerrados. *E-mail do autor para correspondência: jamile.oliveira54@gmail.com.

O maracujazeiro tem grande importância para o Brasil devido à grande diversidade de espécies e seu múltiplo uso na produção de frutos para consumo in natura e processamento industrial e na produção de plantas ornamentais e medicinais. Outro importante uso das passifloras é o fornecimento de importantes genes para programas de melhoramento genético de espécies comerciais, possibilitando a ampliação da base genética. O estudo da diversidade genética intra e interespecífica é essencial para subsidiar os diferentes usos, sendo que a caracterização dos recursos genéticos disponíveis é a base desses estudos. Nas etapas de caracterização, os marcadores moleculares apresentam diferentes aplicações, complementando as informações morfológicas e agronômicas. Neste trabalho, objetivou-se caracterizar e quantificar a variabilidade genética intra e interespecífica de 15 acessos de *Passiflora* spp., utilizando marcadores moleculares ISSR e RAPD. Para isso, foi realizada a extração do DNA a partir de folhas novas, utilizando o método CTAB. Para amplificação via PCR, foram testados 18 *primers* ISSR e 19 RAPD, sendo selecionados cinco ISSR e oito RAPD que apresentaram maior qualidade das amplificações. Foram obtidos 146 marcadores ISSR perfazendo uma média de 29,2 marcadores por *primer*. Enquanto para RAPD, 271, perfazendo uma média de 33,89 marcadores por *primer*, a partir dos quais foram estimadas dissimilaridades genéticas entre os acessos. A matriz de dissimilaridade genética foi obtida com base no coeficiente de Nei e Li, sendo essa empregada para realizar análises de agrupamento por meio de dendrograma, utilizando o método da ligação média entre grupos usando médias não ponderadas (UPGMA) como critério de agrupamento, e a dispersão gráfica baseada nas coordenadas principais. Houve uma correlação positiva e significativa de 0,56 entre as distâncias genéticas estimadas com base nos marcadores ISSR e RAPD. As caracterizações baseadas nos marcadores moleculares ISSR e RAPD demonstraram elevada diversidade genética e diferenciação dos acessos de *Passiflora* spp. Existe estruturação genética entre os acessos avaliados, com tendência de agrupamento entre os acessos de *P. alata* e os materiais que são oriundos do cruzamento envolvendo acessos desta espécie. Essa alta diversidade genética e as informações obtidas com os marcadores são importantes nos programas de caracterização e uso de recursos genéticos e melhoramento do maracujá, uma vez que permite complementar estudos de caracterização morfo-agronômica que vão subsidiar a seleção de genitores divergentes para compor os blocos de cruzamento e hibridações.

Palavras-chave: Marcadores moleculares; variabilidade genética; maracujá.

Agradecimentos: Capes, CNPq.

EFICÁCIA DE MARCADORES SCAR, CAPS E SSR NA SELEÇÃO ASSISTIDA DE CAFEIROS RESISTENTES A *Hemileia vastatrix*

Dênia Pires de Almeida¹; Karoliny Ferreira Moreira¹; Antonio Carlos Baião de Oliveira^{2,3}; Antonio Alves Pereira²; Laércio Zambolim¹; Ney Sussumu Sakiyama¹; Eveline Teixeira Caixeta^{1,3}

¹ Universidade Federal de Viçosa-MG

² Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, EPAMIG-MG

³ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA Café-DF

* eveline.caixeta@embrapa.br

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) tem sido utilizada como estratégia auxiliar no melhoramento genético de plantas, permitindo reduzir o número de progênies a ser levada para o campo, bem como o número de gerações para a estabilização dos genótipos. Nesse trabalho, objetivou-se testar a eficiência de seleção (ES) dos marcadores SCAR, CAPS e SSR para SAM do cafeeiro, visando seleção de genótipos resistentes a ferrugem. Foram analisadas plantas de duas populações $F_{2:3}$ (C15 e C35) e duas populações de retrocruzamento suscetível (RCS_2), cada uma originada de plantas selecionadas no RCS_1 (C47 e C108). Essas populações são provenientes do cruzamento da fonte de resistência Híbrido de Timor UFV443-03 e da cultivar suscetível Catuaí Amarelo IAC 64 (UFV 2148-57). Os cafeeiros foram fenotipados com uredósporos da raça II de *H. vastatrix* e analisados por qui-quadrado ($\chi^2=5\%$) no programa GENES. Dos marcadores analisados, CaRHv8 e SSR16, pertencentes ao grupo de ligação (GL) 2 do mapa genético, representam o loco A de resistência. CaRHv8 se comporta como marcador dominante e está ligado em repulsão, marcando o alelo a. O SSR16 corresponde a marcador codominante, permitindo a identificação de indivíduos AA, Aa e aa. Os marcadores CaRHv9 e CaRHv11_CAPS, pertencentes ao GL5, representam o loco B de resistência. Ambos se comportam como dominantes e acoplados, permitindo, portanto, a identificação dos indivíduos B_ e bb. Na análise fenotípica, observou-se que todos os indivíduos da $F_{2:3}$ -C15 foram resistentes, enquanto que na $F_{2:3}$ -C35 a segregação foi de 3R:1S (P= 9,18%). Para os dois RCS_2 observou-se segregação de 3R:1S, RCS_2 -C47 (P= 9,25%) e RCS_2 -108 (P =18,69%). Utilizando os quatro marcadores associados aos dois QTL, observou-se uma ES de 100% para a população $F_{2:3}$ -C15, de 97,3% para $F_{2:3}$ -C35, de 89% RCS_2 -C47 e de 93,6% para RCS_2 -C. A partir da validação da eficiência desses marcadores, foi realizada a seleção de 7 plantas AAB_ de cada população $F_{2:3}$ para a próxima geração, 16 plantas RCS_2 -C108 e 28 plantas RCS_2 -C47 de genótipo AaBb para a obtenção do RCS_3 . Logo, o uso desses marcadores na SAM possibilitaram um avanço no programa de melhoramento do cafeeiro com a seleção precoce de indivíduos.

Palavras-chave: *Coffea arabica*; ferrugem; marcador molecular.

Agradecimentos: Consórcio de Pesquisa Café (CBP&D/Café), INCT-Café, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

EFICIÊNCIA DO MAPEAMENTO DE QTL DE BAIXA HERDABILIDADE SOB ALTA DENSIDADE DE SNPS

Renato Lorenzon Villaschi^{1*}; Marcelle Ferreira Silva¹; Leonardo Alves Risso¹;
Aloísio Fernando Silva Ribeiro¹; Vitor Batista Pinto¹; José Marcelo Soriano
Viana¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Dpto. de Biologia Geral, 36570-900, Viçosa, MG, Brasil. *E-mail: renatovillaschi@gmail.com

O mapeamento de QTL (*Quantitative Trait Loci*) tem sido um dos mais importantes métodos da genética quantitativa, empregado nos programas de melhoramento animal e vegetal visando o estudo genético de caracteres complexos. Desde o advento das tecnologias de genotipagem e sequenciamento de alto rendimento a densidade de marcadores utilizados tem aumentado. Os conhecimentos sobre a eficiência do mapeamento de QTL vem de estudos com base em simulação, assumindo geralmente uma densidade de marcadores entre 5 e 20 cM e uma herdabilidade de QTL de intermediária a alta. O mapeamento de QTL numa geração F_2 pode ser uma alternativa para encontrar genes candidatos de efeitos reduzidos devido ao maior desequilíbrio de ligação. Este estudo avaliou a eficiência dos métodos dos mínimos quadrados, da máxima verossimilhança e bayesiano para o mapeamento de QTL assumindo alta densidade de SNP e baixa herdabilidade do QTL. Foi utilizado o software REALbreeding para simular as linhagens parentais, a F_1 e os genótipos e fenótipos da F_2 . Foram distribuídos ao longo dos dez cromossomos 12 QTLs de efeito maior, 88 genes de efeito menor e 1000 marcadores SNPs. Foram simuladas 50 amostras de 400 indivíduos F_2 , genotipados para 1000 SNPs (densidade média de um SNP/cM) e fenotipadas para três características - rendimento de grãos, capacidade de expansão e dias até a maturidade. As herdabilidades dos QTLs variaram aproximadamente de 1 a 2% e os tamanhos amostrais foram de 200 e 400. O poder de detecção de QTLs de baixa herdabilidade variou aproximadamente entre 30 e 60% e a taxa de falsa descoberta (FDR) variou apenas de 0,5 a 1,2%. A precisão do mapeamento variou de aproximadamente 4 a 6 cM. O mapeamento de QTLs não foi influenciado pelo grau de dominância e as abordagens estatísticas foram comparáveis em relação a FDR. Os métodos de mapeamento por intervalo simples e com base em regressão apresentaram poder de detecção e precisão de mapeamento equivalentes. Em comparação ao mapeamento por intervalo, o mapeamento por intervalo composto inclusivo proporcionou poder de detecção de QTL e precisão de mapeamento ligeiramente maiores apenas para QTLs de herdabilidade intermediária e alta. A abordagem Bayesiana proporcionou maior poder de detecção de QTLs maximizando o número *a priori* de QTLs.

Palavras-chave: Taxa de falsa descoberta; poder de detecção de QTL; precisão de mapeamento.

Agradecimentos: Fapemig, Capes e CNPq.

ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE *Mimosa gracilis* Benth.*var.capillipes* (Fabaceae - Mimosoideae)

Gabriel Mamédio de Freitas¹; Lívia Cristina da Silva¹; Sérgio Tadeu Sibov¹

¹Universidade Federal de Goiás. *E-mail para correspondência: (gabriel.m_f@hotmail.com).

Mimosa gracilis Benth.*var.capillipes* é uma planta arbustiva, endêmica do Cerrado, com princípios ativos contra o veneno de cobras do gênero *Bothrops*, como a jararaca. Para o emprego medicinal, a parte da planta utilizada é a raiz o que causa a perda do indivíduo na natureza quando ocorre o extrativismo. O presente trabalho tem como objetivo o estabelecimento *in vitro* da espécie para auxiliar a parte de estudos fitoquímicos, conservação bem como o posterior desenvolvimento de processos de obtenção do metabólito secundário em condições *in vitro*. Sementes de *M. gracilis* foram obtidas a partir de frutos maduros coletados na Reserva Biológica Professor José Ângelo Rizzo, no Parque Estadual da Serra Dourada, em Mossâmedes, Goiás, GO. Um total de 50 sementes foram previamente lavadas com pequena quantidade de detergente comercial e em água corrente durante 20 minutos. Em fluxo laminar, foram submetidas a assepsia com álcool 70 % por 1 minuto e em hipoclorito de sódio comercial (2,0% de cloro ativo) por 20 minutos. Posteriormente, foram inoculadas cinco sementes por frasco com 40 ml de meio MS. Os frascos foram mantidos em sala de crescimento a 25°C ± 2°C com fotoperíodo de 16 h de luz / 8 h de escuro. O protocolo de descontaminação possibilitou que 40 sementes pudessem germinar *in vitro* sem a interferência de fungos e bactérias. Após 15 dias, foi observado o início da germinação que durou por mais duas semanas. Após dois meses, as plantas já apresentavam 10 cm de altura e foram repicadas. De cada planta foram retirados de 3 a 4 explantes, que eram constituídos de fragmentos de ramos com gemas axilares inoculados em meio MS sem adição de reguladores de crescimento. A repicagem foi bem sucedida pois após duas semanas foi observado o surgimento de novas raízes destes explantes, e o surgimento de novos ramos e folhas. O próximo passo será a utilização de reguladores de crescimento no meio e a seleção de plantas com melhor adaptação ao desenvolvimento *in vitro*, bem como, maior produção de raízes.

Palavras-chave: conservação *in vitro*; metabólitos secundários; micropropagação

Agradecimentos: CAPES, CNPq.

ESTIMATIVA DA VIABILIDADE POLÍNICA E ÍNDICE MEIÓTICO DE *Cucurbita moschata* Duch.

Rafaela Grazielle Castrillon^{1*}; Rosimara Barboza Bispo²; Sérgio Alessandro Machado Souza³

¹Mestranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, MT - Brasil. ²Graduanda do curso de Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas, Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, MT - Brasil. ³Professor, Universidade do Estado do Mato Grosso, Alta Floresta, MT - Brasil. *E-mail do autor para correspondência: rafaella_castrillon@hotmail.com.

A família Cucurbitaceae é destaque entre as oleráceas de regiões tropicais. No Brasil, ocorrem cerca de 30 gêneros e 200 espécies. Entre as espécies de importância econômica e alimentar destaca-se a abóbora da espécie *Cucurbita moschata*, que tem como centro de origem as Américas e significativa participação na alimentação de muitos países. Visando auxiliar programa de melhoramento genético, o objetivo deste trabalho foi estimar o índice meiótico e viabilidade polínica de duas variedades de *Cucurbita moschata* Duch. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado (DIC). Botões florais em diferentes fases de desenvolvimento foram coletados e fixados em etanol 70%, sendo mantido em refrigeração à 5°C. Para o preparo das lâminas, as anteras foram seccionadas transversalmente com o auxílio de um bisturi e em seguida foram maceradas em duas gotas de cada um dos corantes, independentemente. Na análise do índice meiótico (IM) foi utilizado o corante Carmim Acético 1% e na análise de viabilidade polínica foi utilizada a coloração tripla de Alexander. Após preparo das lâminas, o material foi coberto por uma lamínula e observado em microscópio óptico. No IM, observaram-se oito lâminas, onde se contabilizou 250 células/lâmina, totalizando 2000 produtos pós-meióticos por variedade. Na viabilidade polínica observaram-se oito lâminas, onde se contabilizou 250 grãos de pólen/lâmina, totalizando 2000 grãos de pólen por variedade. Os dados da viabilidade polínica e IM foram submetidos à análise de variância realizada com o programa Genes e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. A análise estatística demonstraram que não houve diferença significativa entre as duas variedades de *C. moschata* Duch para a viabilidade polínica e para o Índice mitótico através do método de coloração. As médias de viabilidade das duas variedades foram altas 96,8% para a variedade A e 93,8% para a variedade B. Na análise dos produtos pós-meióticos foram observados na variedade A além de células em tetrade algumas células com irregularidades durante o processo de divisão, como células em díade e tríade, já na variedade B a única irregularidade observada foram células em díade. A alta porcentagem do Índice meiótico 99,35% e 98,9% para a variedade B e variedade A respectivamente, confirma a alta viabilidade encontrada para as duas variedades.

Palavras-chave: abóbora; pólen; corante

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pela concessão de bolsa.

ESTRESSE FISIOLÓGICO EM ALGODOEIRO GENETICAMENTE MODIFICADO SOBRE INFESTAÇÃO DE *Aphis gossypii* GLOVER, 1877 (HEMIPTERA: APHIDIDAE)

Michael Souza^{1*}; Nermy Ribeiro²; Higor de Castro¹; Marcus Soares¹; Veríssimo de Sá³

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM). ²Doutoranda pela Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG). ³Pesquisador Doutor Dow AgroSciences.

*Email: michaelst2011@hotmail.com

A cotonicultura tem-se destacado na agricultura brasileira por sua importância econômica e social. Ênfase é dada ao plantio de algodão transgênico no Brasil, sendo que em 2014, o país registrou uma área de 42,2 milhões de hectares de culturas transgênicas, incluindo o algodoeiro, a soja e o milho. As interações entre plantas Bt e organismos não alvos, bem como as modificações fisiológicas e seus reflexos na produtividade ocasionadas pelo ataque do pulgão-do-algodoeiro, *Aphis gossypii* Glover, 1877 (Hemiptera, Aphididae) são pouco conhecidos na cultura do algodoeiro. Diante do exposto, objetivou-se avaliar o efeito da infestação de *A. gossypii* na fluorescência da clorofila *a* em algodão Bt e sua isolinha. Para isso, foi montado um experimento em delineamento de blocos casualizados em casa de vegetação com o plantas de algodão Bt (281-24-236/3006-210-23) e sua isolinha, com 30 repetições. As análises dos parâmetros da fluorescência da clorofila foram realizadas por meio de fluorômetro. Foram determinadas notas para a severidade de infestação de *A. gossypii*, de acordo com o número de pulgões presentes nas folhas a serem avaliadas. Para a análise dos dados foram ajustados modelos de regressão para o algodoeiro Bt e a isolinha em função da infestação de *A. gossypii*. Para testar a diferença entre os tratamentos foi usado o teste de identidade de modelos. O teste de identidade de modelos não detectou diferenças entre o algodoeiro Bt e sua isolinha em função da infestação de *A. gossypii* para a fluorescência inicial (Fo), fluorescência máxima (Fm), relação fluorescência variável/fluorescência máxima (Fv/Fm) e taxa de transporte de elétrons (ETR). Isto indica que não há comportamento diferente para os parâmetros fotossintéticos entre o algodão Bt e sua isolinha em função do grau de infestação de um afídeo não alvo da tecnologia.

Palavras-chave: Algodão; Transgenia; Pulgão

Agradecimentos: A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo apoio financeiro e as bolsas concedidas.

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES NATIVAS DE *Passiflora cristalina* VANDERPL. & ZAPPI

Greicielle Farias da Silveira¹; Tatiane Lemos Varella¹; Maicon Douglas Arenas de Souza²; Ana Aparecida Bandini Rossi³

¹Mestres em Genética e Melhoramento de Plantas, UNEMAT - Alta Floresta - MT/Brasil email:greicielefarias@hotmail.com; ²Mestre em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos, UNEMAT- Alta Floresta - MT/Brasil; ³Doutora em Genética e Melhoramento. Professora da Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias, UNEMAT - Alta Floresta - MT/Brasil. Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular.

Passiflora cristalina Vanderpl. & Zappi é uma espécie nativa da Amazônia Meridional com ocorrência natural no município de Alta Floresta – MT. Considerando, que o conhecimento da estrutura genética de uma espécie é um ponto chave para a adoção de estratégias de manejo mais adequadas para a sua conservação genética, o presente estudo objetivou avaliar a estrutura populacional e a diversidade genética em populações nativas de *P. cristalina* por meio de marcador molecular SSR. Para o estudo foram selecionadas duas populações denominadas: ECE (estrada central) e EPA (Estrada Porto de areia) e amostrados um total de 50 indivíduos, sendo 25 provenientes de cada população, dos quais, foram coletadas folhas para extração de DNA genômico. As amplificações foram realizadas via PCR com o emprego de 8 *primers* SSR. O número de alelos por loco variou de 3 (A08FP1) a 10 (PE75), com média de 5,62, obtendo-se um total de 45 alelos para os 8 locos avaliados. A heterozigotidade esperada apresentou média de 0,71, enquanto que o número de alelos efetivos por loco apresentou uma média de 4,05. A estruturação genética (GST) nas populações analisadas apresentou uma média de 0,83, enquanto que o fluxo gênico (Nm) apresentou uma média de 1,16. A AMOVA revelou que a maior parte da variabilidade genética encontra-se dentro das populações (65%) do que entre (35%), o que pode estar correlacionado com o sistema de reprodução da população ou com a distribuição geográfica dessas populações. O dendrograma gerado pelo método UPGMA possibilitou a formação de dois grupos distintos, assim como no agrupamento do “Structure”, demonstrando que os indivíduos ficaram alocados em suas populações de acordo com o relacionamento genético e a proximidade geográfica. Devido aos elevados níveis de diversidade detectados no presente estudo nas duas populações confirmadas pela diversidade genética é de grande importância que sejam realizadas estratégias que visem à conservação populações naturais de *P. cristalina*, uma vez, que podem ser utilizadas em futuros programas de melhoramento genético e conservação dos recursos genéticos.

Palavras- chave: Maracujá; Variabilidade Genética; Marcador molecular (SSR).

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA RESISTÊNCIA PARCIAL DA SOJA AO FUNGO *Sclerotinia sclerotiorum*

Bruno de Almeida Soares ^{1*}; Guilherme de Sousa Paula ²; Ari Flávio Ferreira de Souza ³; Lucas Rodrigues Vieira de Sousa ³; Trazilbo José de Paula Júnior ⁴; Rogério Faria Vieira ⁴; Felipe Lopes da Silva ⁵

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa (UFV); ² Doutorando em Fitotecnia, UFRV; ³ Bolsistas PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG; ⁴ Pesquisadores/Bolsistas CNPq, EPAMIG-Viçosa; ⁵ Professor, UFRV.

* bruno.a.soares@ufv.br

O Brasil é um dos maiores produtores de soja, *Glycine max* (L.) Merrill, com uma produção aproximada de 210 milhões de toneladas na safra 2015/2016. Patógenos, como o agente etiológico *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, causador da Podridão Branca da Haste (PBH), causam grandes prejuízos no cultivo da soja. Quando em condições de temperatura amena (18-22 °C) e alta umidade (acima de 80%) este fungo pode diminuir até 90% da produção. A falta de conhecimento sobre o germoplasma brasileiro é um entrave para os avanços genéticos em relação à resistência da soja à *S. sclerotiorum*. Um fator importante para resistência parcial da soja à PBH é a resistência fisiológica. Essa resistência compreende os mecanismos de defesa da planta que inibem o crescimento do fungo. Estudos de associação genômica ampla (GWAS) são importantes para detecção de novos alelos favoráveis para o melhoramento genético. Assim, o objetivo desse trabalho foi de avaliar em casa de vegetação 169 genótipos de soja quanto a resistência fisiológica à PBH e obter novos SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) relacionados com essa resistência. O experimento foi instalado em 2016 em Viçosa. Cada unidade experimental foram duas plantas em um copo de isopor de 200 ml contendo substrato. O método de avaliação utilizado foi o *straw test*, em que a inoculação é realizada entre os estádios fenológicos V4/V5. A avaliação foi feita com base em notas e no comprimento de lesão, em centímetros. As notas variam de 1=plantas sem sintomas, até 9= Lesão além do terceiro nó ou morte da planta. Os dados são obtidos aos 3, 7, 10 e 14 dias após inoculação. A análise de GWAS foi feita pelo software R Core Team (2016), com o pacote GAPIT. Ao todo foram detectados 11 SNPs significativos nos cromossomos 8, 11, 16 e 18. São descritos 8 *Quantitative Trait Loci* (QTLs) no cromossomo 8, 1 QTL no cromossomo 11, 8 QTLs no cromossomo 18 e nenhum QTL no cromossomo 16 no banco de dados *Soybase*. O marcador significativo encontrado no cromossomo 18 neste trabalho está bem próximo ao QTL Sclero 5-8. Novos marcadores no cromossomo 8 foram encontrados, todos em uma mesma região. Isso indica um possível novo QTL. O mesmo ocorreu para os cromossomos 11 e 16. Com isso, é possível direcionar cruzamentos com o intuito de aumentar a frequência de alelos favoráveis e obter novos genótipos com resistência parcial à PBH.

Palavras-chave: GWAS; Podridão-Branca-da-Haste; SNPs

Agradecimentos: FAPEMIG e CAPES.

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA A RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DE ESPIGA CAUSADA PELO FUNGO *Fusarium verticilloides*

Guilherme de Jong^{1*}; Andrezza Kellen Alves Pamplona²; Renzo Garcia Von Pinho³; Marcio Balestre²

¹Departamento de Biologia – UFLA. ²Departamento de Estatística – UFLA. ³Departamento de Agricultura – UFLA. *E-mail do autor para correspondência: gdejong@posgrad.ufla.br

A podridão de espiga causada por *Fusarium verticillioides* tem grande importância, pois afeta diretamente a produção e a qualidade dos grãos. A identificação de alelos de resistência através da análise de associação genômica, que é uma importante ferramenta na identificação de variações do alelo, pode ser bastante útil em programas de melhoramento. Os objetivos do trabalho foram identificar marcadores associados à resistência e identificar possíveis genes candidatos relacionados com a resistência à podridão de espiga. Foram avaliadas 238 linhagens mais 4 testemunhas resistentes ao patógeno no delineamento de blocos incompletos em dois locais (Lavras e Uberlândia – MG). A inoculação foi realizada 15 dias após todas as plantas terem emitido o estilo-estigma. A incidência da podridão de espiga foi avaliada através da proporção de espiga com sintomas de podridão. Para a caracterização genética foram genotipadas 447 linhagens com 23.153 marcadores DArTSeq™. A análise de associação genômica foi realizada através da função GWAS contida no pacote rrBLUP no software R. A caracterização dos genes foi feita através do MaizeGDB, utilizando o BLAST. A função de cada gene e suas vias metabólicas foram determinadas utilizando o Mayzecyc. No total 9 DArTs foram associados significativamente à resistência à podridão de espiga, sendo alguns coincidentes entre as análises. Na análise conjunta, os marcadores significativamente associados à resistência foram localizados nos cromossomos 7, 10 e em um grupo de cromossomos não identificado (Ni). Na análise individual de Lavras os marcadores foram localizados nos cromossomos 7 e no Ni. E na análise individual de Uberlândia os marcadores foram localizados nos cromossomos 1, 5 e 10. Entre os DArTs associados à resistência, um foi localizado dentro de um éxon e os demais foram localizados em regiões intrônicas ou intergênicas. Os marcadores foram localizados dentro ou próximos a genes com funções gerais na célula, tais como regulação da transcrição, adenosilhomocisteinase, ligação proteica, ligações de íons de zinco e transporte de carboidratos. Embora as vias metabólicas da resistência sejam pouco conhecidas e requerem mais estudos, o estudo de associação mostrou-se uma ferramenta que pode auxiliar na identificação de alelos de resistência.

Palavras-chave: *Fusarium verticillioides*; Podridão de espiga; Estudo de Associação Genômica.

Agradecimentos: CAPES; FAPEMIG.

DETERMINATION OF VALINE IN TRANSGENIC SOYBEAN EXPOSED TO GLYPHOSATE.

LACERDA, A.L.S.¹; S.R. BRANCALIÃO²; GAZIOLA, S.A.³; SCHMIDT, D.⁴; AZEVEDO, R.A.⁵; SOUZA, Z.M.⁶

¹Agronomist, PhD, Campinas-SP, ²Scientific Researcher, Cana Center, IAC / APTA / SAA, Ribeirão Preto, SP, Brazil. ³Biologist, Researcher, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Piracicaba-SP, ⁴Agronomist, PhD, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Piracicaba-SP, ⁵Biologist, Teacher Full, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Piracicaba-SP, ⁶Teacher Full, Campinas Estate University, Campinas. E-mail: alslacer@yahoo.com.br. Determination of valine in transgenic soybean exposed to glyphosate.

As the enzyme EPSP_s (5-enolpyruvyl-shikimate-3-phosphate synthase) has been substituted in transgenic soybean a crops these do not have the same efficiency in the catalyzing of the shikimic acid route. This may result in the plant's inefficient production of some amino acids such as valine. Thus, the presence of glyphosate in the transgenic soybean plant may restrict the manufacture of this amino acid, and the effects can be cited: synthesis of IAA and other plant hormones, chlorophyll synthesis, phytoalexins and lignin synthesis, protein synthesis, photosynthesis, respiration, transpiration, membrane permeability and more. Therefore, the work had as objective to verify the valine concentrations in glyphosate tolerant soybean cultivar. For this, a field experiment was carried out in a randomized complete block design with 6 treatments and 4 replicates with the genetically modified BRS Valiosa RR. Glyphosate treatments were applied once and without mixing (T1 = 1.5, T2 = 2.0 L.ha⁻¹ of the pc) and sequentially (T3 = 1.5 / 1.5, T4 = 2.0 / 1.5 and T5 = 2.0 / 1.5 / 1.5 L.ha⁻¹ of the pc) and T6 = control, i.e. without application of glyphosate. For the quantitative determination of valine, reverse phase HPLC was used after derivatization with o-phthaldehyde (OPA) on Spherisorb ODS-2 (C18) column. OPA derivatives were detected by fluorescence. The obtained data were submitted to analysis of variance and F test of the statistical program ASSISTAT version 7.7 beta. For the significant analyzes, we performed the comparison between means by the Tukey test at 5% probability. The obtained data (nMol.ml⁻¹) were: T1 = 146.0; T2 = 129.7; T3 = 137.6; T4 = 153.5; T5 = 141.7 and T6 = 117.8. Comparing the means between valine levels in transgenic soybean exposed and not exposed to glyphosate, it was verified that there was no significant difference between them by the Tukey test at 5% probability.

Key words: cell biology, soybean, amino acid, transgenic, herbicide

EXPRESSÃO DE ALELOS CANDIDATOS DENTRO DE META-QTLs DE RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO EM FEIJÃO

Antonio Carlos Mota Porto^{1*}; Carlos Henrique Cardon²; Monik Evelin Leite³; Fernanda Souza Lopes⁴; Welison Andrade Pereira⁵; João Bosco dos Santos⁶

¹Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/MG/Brasil, *porto.antonio@outlook.com. ²Doutorando em Biotecnologia Vegetal – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ³Bolsista de Pós-Doutorado - UFLA/Lavras-MG/Brasil. ⁴Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ⁵Prof. Adjunto do Departamento de Biologia - UFLA/Lavras-MG/Brasil. ⁶ Prof. Titular Aposentado do Departamento de Biologia - UFLA/Lavras-MG/Brasil.

O mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, pode causar perdas de até 90% sob condições ambientais favoráveis ao patógeno. A adoção de cultivares resistentes é considerada a maneira mais eficiente de controle da doença. Contudo, a resistência ao mofo é controlada por vários genes, o que implica em grande efeito ambiental e dificuldade na seleção. Nesse caso, uma metodologia que pode ser incorporada nos programas de melhoramento é a identificação de QTLs de maior efeito e estáveis. Assim, o objetivo é analisar a expressão de alelos localizados dentro de Meta-QTLs em linhagens contrastantes quanto ao nível de resistência ao mofo branco. Para análise da expressão alelos foram utilizadas as linhagens Cornell 605 (resistente) e Beryl (suscetível) em 0 e 24 horas após inoculação (HAI). Utilizou-se três repetições biológicas por tempo, cada uma constituída do pool de três hastes inoculadas pelo método *straw test*. As hastes foram coletadas, extraído o RNA total e sintetizado cDNA para quantificação da expressão por meio da PCR em tempo real (RT-qPCR). As amostras foram processadas em réplicas e os resultados foram normalizados usando CTs obtidos pela expressão dos genes *α -actin* e *insulin-degrading enzyme* pelo método $2^{-\Delta\Delta CT}$. Analisou-se a expressão dos alelos associados à resistência em intervalos de Meta-QTLs: *PvPGIP4* (Phavul.2g2017), *PvATERF-1* (Phavul.2g0558), *PvF-box* (Phavul.1g2404) e *PvPR-1* (Phavul.3g1091). Procedeu-se a análise de variância em esquema fatorial com auxílio do software R. Observou-se diferença significativa entre as linhagens (F=8,6); expressão global entre os genes (F=24,6); interação entre gene x tempo (F=32,9) e principalmente, entre os tempos de avaliação (F=17,4) ($\alpha = 0.01$). A forte interação tempo x gene foi provocada pela acentuada expressão do alelo *PvPR-1* em 24 HAI, com aumento relativo de 18,61 vezes na linhagem Beryl e de 16,16 vezes na linhagem Cornell. Houve queda significativa na expressão do alelo *PvPGIP4* em 24 HAI, sendo de 88,33 % na linhagem Beryl e 14,82% na Cornell. Como não houve uma notável diferença no nível relativo de transcrição dos alelos *PvATERF-1* e *PvF-Box*, a resistência da linhagem Cornell pode estar ligada à maior expressão do alelo *PvPGIP4* em 24 HAI.

Palavras-chave: QTL; *Phaseolus vulgaris*; RT-qPCR

Agradecimentos: CNPq, Fapemig

FINE MAPPING OF A UNIQUE ANTHRACNOSE RESISTANCE GENE IN ANDEAN COMMON BEAN LANDRACE AMENDOIM CAVALO

Thiago A.S. Gilio¹; Maria C. Gonçalves-Vidigal¹; Oscar P. Hurtado-Gonzales²; Giseli Valentini¹; Sandra A.L. Castro¹; Qijian Song²; Marcial A. Pastor-Corrales²

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá, PR, Brazil. ²Soybean Genomics and Improvement Laboratory, ARS-USDA, Beltsville, MD 20705. Email: thiago_gilio@hotmail.com

Amendoim Cavalo (AC) is an Andean common bean landrace with broad spectrum of resistance to races of *Colletotrichum lindemuthianum* that overcome most of known anthracnose resistance genes. To map the resistance gene in AC, 112 F₂ individuals from the cross AC (R) × PI 207262 (S) were inoculated with the race 3481 of *C. lindemuthianum* and bulk segregant analysis was performed using the BARCBEAN6K_3 BeadChip containing 5399 SNPs. The physical location of the positive associated SNPs positioned the *Co-AC* locus on the end of chromosome Pv01, in a region spanning 1.85 Mbps. This region was targeted with SSR and KASP markers to develop a genetic map using the F₂ population. To fine map the *Co-AC* locus, 62 F_{2:3} families were selected based on their recombination detected between flanking KASP markers SS56 and SS92. A total of 700 F_{2:3} plants were phenotyped with race 3481 of *C. lindemuthianum* and genotyped with SS56 and SS92 to identify F_{2:3} plants with recombinations. Eighty six F_{2:3} plants had recombinations in a 631 kbps region. This region was saturated with seven KASP markers. Based on the recombination events, the *Co-AC* locus was positioned between KASP markers SS102 and SS95 in a small region spanning 65.22 Kbps containing nine candidate genes found on the reference genome of common bean. Fine mapping of the *Co-AC* resistance gene on chromosome Pv01 showed that *Co-AC* is different from *Co-x*, a gene also present on Pv01. The newly discovered markers linked to the *Co-AC* locus will be great value to the common bean breeding community.

Keywords: *Phaseolus vulgaris*L.; *Colletotrichum lindemuthianum*; SNP markers.

Acknowledgments: Gilio, T.A.S. Castro, S.A.L. are recipients of fellowship from Capes. M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Financial support from Capes and CNPq.

FINE MAPPING OF SOYBEAN GENES INVOLVED IN RESISTANCE TO *Meloidogyne javanica*

Jean Carlos Alekcevetch^{1,2}; André Luis Passianotto²; Waldir Pereira Dias²; Adriana Brombini dos Santos²; Francois Belzile³; Francismar Correa Marcelino-Guimarães^{2*}; Ricardo Vilela Abdelnoor²

¹Doctoral Student in Genetics and Molecular Biology, Londrina State University, Londrina, PR, Brazil. ²Brazilian Agricultural Research Corporation, National Soybean Research Center (Embrapa – Soja), P.O. Box 231, Londrina, PR, Brazil. ³Department of Plant Sciences and Institute of Integrative Biology and Systems (IBIS), Université Laval, Quebec City, Quebec, Canada G1V 0A6. *Corresponding author: francismar.marcelino@embrapa.br.

Next global soybean production is projected to 344.68 million metric tons, with United States and Brazil as the largest producers. *Meloidogyne javanica* (root knot nematode) is one of four nematode species responsible for economic losses in soybean crop. An effective way to minimize losses in infected areas is crop management and genetic resistance. Molecular markers can be very useful on support to breeding programs once they can increase the efficiency in plant selection. Aiming to identify molecular markers linked to *M. javanica* resistance in soybean, we performed an association mapping using a non-structured population composed by 368 lines. Six plants for each soybean line were evaluated 30 days after the inoculation of nematode. The soybean lines were genotyped by genotyping by sequencing (GBS) technique. A pipeline in Perl language was used to filter missing data. Data showing minor allele frequency (MAF) $\geq 0,05$, kinship matrix (K) and first eight principal components (PC) were considered in GAPIT (Genomic Association and Prediction Integrated Tool) during association mapping. It identified 44,100 SNPs along all soybean chromosomes. Seven markers, located on chromosome 13, were associated to nematode resistance with elevated P-value ($P \geq 8.72 \times 10^{-11}$). These SNPs were found in a 29.4kb interval in intergenic region of genes containing Leucine Repeat Rich (LRR) motif. Transcriptome analysis and polymorphism searches on gene regions based whole genome data from 14 soybean cultivars, among contrasting phenotypes were performed aiming to identify the potential gene candidates to resistance. The occurrence of mutations was also confirmed by analysis of other soybean genomes data available in databases. A set of non-synonymous and stop codon mutations were identified in five genes models located in the region, being the stop codon type mutation present in three gene models and predominating in susceptible materials. Five genes models in the region were induced after pathogen infection based on expression profiles revealed by RT-qPCR analysis, with a peak of induction in the resistant (PI595099) four days before than in the susceptible (BRS133) genotype.

Key words: *Meloidogyne javanica*; association mapping; GWAS

GENES EXPRESSOS CONSERVADOS EM GENÓTIPOS DE ARROZ TOLERANTE E SUSCETÍVEL À SECA

Millene Gomes¹, Ricardo Silveira², Anna Cristina Lanna³, Rosana Pereira Vianello³, João Antônio Mendonça³, Claudio Brondani³

¹Uni-Anhanguera. ²IF Goiano; ³Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail do autor para correspondência: claudio.brondani@embrapa.br.

O desenvolvimento de cultivares de arroz de terras altas mais tolerantes a episódios de seca (veranicos) é um desafio premente dos programas de melhoramento, principalmente devido a projeções de mudanças climáticas globais. O objetivo desse trabalho foi identificar genes diferencialmente expressos (GDEs) envolvidos na tolerância à seca de duas cultivares de arroz de terras altas da subespécie Japônica, a Douradão, tolerante, e Primavera, suscetível. Foram conduzidos dois experimentos em casa-de-vegetação, em anos consecutivos, onde foi aplicada a deficiência hídrica no estágio reprodutivo R3. O delineamento foi em blocos casualizados com seis repetições por regime hídrico (com e sem déficit). Para a análise de transcriptoma, amostras de folhas no último dia de restrição hídrica foram utilizadas para extração do RNA. Foram desenvolvidas 8 bibliotecas de cDNA (2 genótipos x 2 regimes hídricos x 2 anos) para o sequenciamento de RNA (RNA-seq) no BGI (Beijing Genomics Institute). Os genes diferencialmente expressos foram identificados, posicionados no genoma de referência de arroz Nipponbare, anotados por BLAST, classificados por termos enriquecidos de gene ontology, e posicionados em rotas metabólicas pelo banco de dados KEGG. A comparação das bibliotecas obtidas para Douradão avaliado no Ano 1 apresentou o menor número de GDEs (907), enquanto que a comparação das bibliotecas de Douradão avaliado no Ano 2 apresentou o maior número de GDEs (2928). Do total de 7006 GDEs obtidos de Douradão e Primavera avaliados nos dois anos de experimento, 343 foram comuns, e destes, 39 genes foram distribuídos em mais de uma das 31 rotas metabólicas identificadas, sendo as mais abundantes a *Plant pathogen interaction*, com sete genes, e *Plant hormone signal transduction*, *Protein processing endoplasmic reticulum* e *Starch and sucrose metabolism*, com seis genes cada. O gene da enzima acetyl-CoA acetyltransferase foi encontrado em sete rotas metabólicas. A importância desse gene para o desenvolvimento de plantas de arroz mais tolerantes à seca, juntamente com os demais genes conservados, abrirá novas perspectivas para o desenvolvimento de cultivares de arroz mais tolerantes à seca.

Palavras-chave: RNA-seq, transcriptoma, rotas metabólicas.

Agradecimentos: Embrapa Arroz e Feijão e CNPq.

GENETIC RESISTANCE TO *Colletotrichum lindemuthianum* IN COMMON BEAN BEIJA FLOR CULTIVAR

João Ricardo Silva Marcon¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal^{1*}; Jean Fausto Carvalho Paulino³; Sandra Aparecida de Lima Castro¹; Giselly Figueiredo Lacanallo¹, Pedro Soares Vidigal Filho¹

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. ²GDM Genética do Brasil, Rio Verde, GO. ³Instituto Agrônomo de Campinas. *Corresponding Author: mcgvidigal@uem.br.

Anthraxnose is one of the most widespread and economically important diseases of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the world, which is caused by the fungus *Colletotrichum lindemuthianum*. The search for new sources of Andean resistance to *C. lindemuthianum* is extremely important for common bean breeding programs in tropical and subtropical regions. The Andean common bean cultivar Beija Flor is an important source of resistance and it is resistant to the races 7, 9, 64, 65, 73, 89, 453 and 2047 of *C. lindemuthianum*. The present study had as purpose to characterize the genetic resistance in Beija Flor cultivar by inheritance, as well as to conduct allelism tests. The inheritance test was conducted in the F₂ population derived from the cross Beija Flor (resistant) × TU (susceptible), inoculated with race 2047 of *C. lindemuthianum*. Allelism tests were conducted in F₂ populations derived from the crosses between Beija Flor and the cultivars Michigan Dark Red Kidney, Cornell 49-242, TO, AB136, G2333, Corinthiano, Pitanga, Jalo Vermelho and Perla, using specific races to produce R × R reaction in the parents. The inheritance test in F₂ population demonstrated that the cultivar Beija Flor has a single dominant resistance gene. Furthermore, allelism tests exhibited a fitted segregation ratio of 15R:1S, indicating the independence of Beija Flor gene from those previously characterized genes *Co-1*, *Co-2*, *Co-4*, *Co-4*², *Co-6*, *Co-12*, *Co-14*, *Co-15*, as well as the gene present in Perla cultivar. Based on the aforementioned results, we are proposing the symbol *Co-BF* to designate the new anthracnose resistance gene in Brazilian Andean common bean cultivar Beija Flor. This cultivar is an important source of resistance to *C. lindemuthianum* that should be a valuable contribution to the common bean breeding programs for anthracnose resistance.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L.; *Colletotrichum lindemuthianum*; Anthracnose.

Acknowledgments: M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Marcon, J.R.S., Paulino, J.F.C., Castro, S.A.L. and Lacanallo, G.F. are recipients of fellowship from Capes. Financial support from Capes and CNPq.

GENETIC VARIABILITY OF *Colletotrichum lindemuthianum* THROUGH SEQUENCING

Marcela Coêlho¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹; Giseli Valentini¹; Giselly F. Lacanallo¹; Vanusa S. R. Martins¹; Maria da Conceição Martiniano de Souza²

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. ²Instituto Agrônomo de Pernambuco. *Corresponding Author: marcelac.coelho81@gmail.com

The incidence of several races of *Colletotrichum lindemuthianum* is due to its wide intra-and inter-pathogenic variability observed among the races. The investigation of internal transcribed spacer (ITS) regions of fungal ribosomal DNA (rDNA) is one of the most successful strategies to identify genetic variability of this pathogen. These regions are highly variable in comparison to other genic regions of rDNA and specific fungal sequences can be amplified via PCR with taxon-specific primers. Thus, the objective of this work was to investigate the genetic variability in different 20 isolates of *C. lindemuthianum* from the states of Mato Grosso, Paraná and Santa Catarina, Brazil. DNA extraction of *C. lindemuthianum* mycelium was performed following SDS modified protocol. Amplification of regions ITS1, 5.8S and ITS2 of rDNA was carried out using the following primers: ITS1F (5' CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA 3') and ITS4 (5' TCCTCCGCTTATTGATATGC 3'). Amplification products of the *C. lindemuthianum* isolates were purified, sequenced and analyzed with the software BioEdit v.7.2.5. The construct of the phylogenetic tree was performed using the software MEGA 5.2.2. The results showed high genetic variability in the ITS1 region with 83 SNPs (*Single nucleotide polymorphisms*) followed by ITS2 region with 81 SNPs. The results revealed the presence of intra-and-inter genetic variability among the studied races, revealing the importance of ITS regions in order to determine diversity among *C. lindemuthianum* isolates. According to the phylogenetic tree generated by sequencing data, three isolates from the state of Paraná were divergent, since they were clustered separately from the other isolates, evidencing the existence of genetic variability within the physiological race of *C. lindemuthianum*. Interestingly, the isolates from the state of Santa Catarina were similar, since no different SNPs were found in the sequence of these isolates, which were allocated in the same group.

Keywords: Anthracnose; genetic variability; ITS region.

Acknowledgments: M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Coêlho, M., Martins, V.S.R., Souza, M.C.M. and Lacanallo, G.F. are recipients of fellowship from Capes and Fundação Araucária. Financial support from Capes and CNPq.

GENOME-WIDE ASSOCIATION MAPPING OF RESISTANCE TO A BRAZILIAN ISOLATE OF *SCLEROTINIA SCLEROTIORUM* IN SOYBEAN GENOTYPES MOSTLY FROM BRAZIL

Wei Wei^{1*}; Ana Carolina Oliveira Mesquita²; Adriana de A. Figueiró²; Xing Wu¹; Shilpa Manjunatha¹; Daniel P. Wickland¹; Matthew E. Hudson¹; Fernando C. Juliatti²; Steven J. Clough^{1,3*}

¹University of Illinois, Department of Crop Sciences, Urbana, IL 61801, USA.

²Universidade Federal de Uberlândia, Umuarama campus, Uberlândia, MG, Brazil. ³US Department of Agriculture-Agricultural Research Service, Urbana, IL 61801, USA.

*Email of corresponding authors: weiwei8@illinois.edu; steven.clough@ars.usda.gov

Sclerotinia Stem Rot (SSR), caused by the fungal pathogen *Sclerotinia sclerotiorum*, is ubiquitous in cooler climates where soybean crops are grown. Breeding for resistance to SSR remains challenging in crops like soybean, where no single gene provides complete resistance, but instead, multiple genes work together to provide partial resistance. In this study, genome-wide association study (GWAS) was performed to dissect the complex genetic architecture of soybean quantitative resistance to SSR and to provide effective molecular markers in marker assisted selection (MAS). A collection of 420 soybean genotypes were selected based on reports of resistance, and from three different breeding programs in Brazil, two commercial, one public. Their sensitivity to SSR was evaluated by cut stem inoculation method and lesion lengths were measured at 4 days post inoculation. Genotyping-by-sequencing was conducted to genotype the 420 soybean lines. The TASSEL 5 GBSv2 pipeline was used to call SNPs under the optimized parameters and with an extra step added to trim adapter sequences. After filtering missing data, heterozygosity and minor allele frequency, a total of 11,811 SNPs and 275 soybean genotypes were obtained for association analysis. Using a threshold of FDR-adjusted p-values < 0.1, the Compressed Mixed Linear Model (CMLM) in Genome Association and Prediction Integrated Tool (GAPIT), and the Fixed and Random Model Circulating Probability Unification (FarmCPU) method both identified SNPs with significant association to disease response on chromosomes 1, 11, and 18. The CMLM also found significance on chromosome 19, whereas FarmCPU also identified significance on chromosomes 4, 9, and 16. These similar and yet different results show that the computational methods used can impact SNP associations in soybean, a plant with a high degree of linkage disequilibrium and in SSR resistance, a trait that might have very complex genetic basis. A total of 125 genes were located within linkage disequilibrium of the three loci shared between the two models. Their annotations and gene expressions in previous studies of soybean infected with *S. sclerotiorum* were examined to narrow down the candidates. A gene encoding a *tau*-class GST on chromosome 1 and a Myb transcription factor on chromosome 18 were selected as promising candidates.

Keywords: GWAS; GBS; QTL

GENOMIC REGIONS ASSOCIATED TO LIPIDS AND DITERPENES CONTENTS SELECTED DURING DOMESTICATION AND BREEDING OF *Coffea arabica*

Gustavo C. Sant' Ana^{1,2,3}; David Pot²; Suzana T. Ivamoto⁴; Douglas S. Domingues⁴; Maria Brígida B. Scholz³; Thierry Leroy²; Luiz Filipe P. Pereira¹

¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). ²Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD). ³Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR). ⁴Universidade Estadual Paulista (UNESP). *gustavocsantana80@gmail.com

Lipids are important compounds in coffee beverage quality. Terpenoids and coffee-specific diterpenes, have a prominent role in this process. Here, we determined total lipid content, cafestol and kahweol concentrations, and genotyped 107 *Coffea arabica* genotypes, including wild accessions from the historical FAO collection. Genotyping-by-sequencing (GBS) and reads mapping on the diploid *Coffea canephora* reference genome allowed the identification of 6,696 SNPs, with an average depth of 39x. Population structure analyses suggested the presence of two to three genetic groups, which corresponded to the opposition between the Eastern and Western sides of the Great Rift Valley and to an additional group formed by accessions collected in forests on the Western side of the Great Rift Valley. LD decay analysis indicated that long distance linkage disequilibrium exist in *C. arabica*. Using association mapping analysis, we detected of 69 SNPs associated to lipids and diterpenes contents. Those SNPs were localized in or near genes potentially involved in the specialized metabolites biosynthesis pathways, i.e. geranylgeranyl transferase, kaurene synthase, P450 and diterpene synthases. Among the 69 significant SNPs, 7 showed strong selection signals between cultivars and wild accessions. Our results confirm that GWAS using GBS data in *C. arabica*, even using only one of its diploid ancestral genome (i.e. *C. canephora*) as a reference, has the power to identify markers and genes involved in metabolism of key biochemical compounds related to cup quality. Our results also confirm a great allelic richness in wild accessions from Ethiopia, especially those that originated from forests of the western side of the Great Rift Valley, and this reinforces the importance of conserving and using germplasm of the primary origin center of this important species.

Keywords: Genotyping-by-Sequencing; Genome Wide Association Study; coffee diterpenes.

Acknowledgment: CAPES/AGRÓPOLIS, CIRAD, IRD, FINEP, CNPq, Consórcio Pesquisa Café, IAPAR.

GENOMIC REGIONS RELATED TO ALTITUDE ADAPTATION IN *COFFEA ARABICA*

Gustavo C. Sant'Ana^{1,2,3}; Suzana T. Ivamoto⁴; Douglas Domingues⁴; Rafelle V. Ferreira³; Pierre Charmetant²; Thierry Leroy²; Luiz Filipe P. Pereira^{1,3}

¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). ²Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD). ³Instituto Agrônômico do Paraná (IAPAR). ⁴Universidade Estadual Paulista (UNESP).
*Corresponding author E-mail: gustavocsantana80@gmail.com.

Cultivation of *Coffea arabica* in higher altitudes is frequently associated with production of higher quality coffee. In order to identify genomic regions associated with adaptation to different altitudes, 84 accessions collected by FAO mission in the primary origin center of the species (Ethiopia) in altitudes ranging from 1200 to 2,140 m were genotyped with 2,587 high quality SNPs, detected using GBS and aligned in the reference genome of diploid ancestor *Coffea canephora*. Population structure analysis revealed the presence of two genetic groups. Accesses collected at altitudes below 1300 m were all allocated to the same group. Association analysis between SNPs and altitude was performed via general and mixed linear models. Two SNPs were significantly associated with altitude (P-value < 0.001), both on chromosome 4 (S4_18325272 and S4_4325350). One SNP is positioned at 11,956 base pairs of the ABCG11 gene, which encodes an ABC transporter involved in the cuticle and pollen coat development by controlling cutin and wax transport to the extracellular matrix, in developmental plasticity and in stress responses. Other SNP is positioned to 12,734 bp of IRX10L gene, which encodes a beta-1,4-xylosyltransferase that perform a critical function in the synthesis of glucuronoxylan during secondary cell-wall formation. The results of the present study might link cuticle and cell wall molecular properties to *C. arabica* adaptation to different altitudes. Additionally, altitude associated SNPs may be useful for accelerate breeding programs aimed development of *C. arabica* cultivars adapted to different altitudes.

Keywords: Coffee; GBS; mixed linear models

Acknowledgment: CAPES/AGRÓPOLIS, CIRAD, CNPq, Consórcio Pesquisa Café, INCT-Café

IDENTIFICAÇÃO DE ALELOS S EM GENÓTIPOS DE MACIEIRA COM IMPORTÂNCIA PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO

Maraisa Crestani Hawerth^{1*}; Thyana Lays Brancher²; Marcus Vinícius Kvitschal¹

¹Epagri. Abílio Franco, 1500, Bom Sucesso, 89500-000, Caçador-SC. ²UFLA. Doutor Sylvio Menicucci, 1001, Kennedy, 37200-000, Lavras-MG. * E-mail do autor para correspondência: maraisahawerth@epagri.sc.gov.br.

A autoincompatibilidade gametofítica na macieira é controlada pelo loco S, e se caracteriza pela obrigatoriedade da polinização cruzada entre plantas compatíveis. A identificação dos alelos S auxilia tanto na escolha de genótipos compatíveis para realização de cruzamentos dirigidos em programas de melhoramento genético quanto na definição de polinizadoras para pomares comerciais. Objetivou-se identificar os alelos desconhecidos do loco S em genótipos de macieira de interesse para o Programa de Melhoramento Genético de Macieira da Epagri, e confirmar os alelos S indicados na literatura para alguns genótipos já caracterizados quanto a esse loco. Foram analisados os alelos S em 44 genótipos de macieira do BAG-maçã da Epagri de Caçador-SC, via marcadores de DNA. Utilizou-se 13 conjuntos de iniciadores associados ao alelo S na macieira, conforme a literatura, e as seguintes características da PCR: reações com 1 U e tampão 1x da enzima Taq DNA, 2 mM de MgCl₂, 0,2 mM de dNTPs, 1 µM dos iniciadores, e 50 ng de DNA; em termociclador 3' a 94°C, seguido por 30 ciclos de 1' a 94°C, pareamento por 1' com temperatura variável ao iniciador, e 1' a 72°C, e extensão final a 72°C por 7', e 4°C constantes ao fim do processo. Os produtos amplificados foram analisados via eletroforese em agarose 3%. Confirmou-se a genotipagem indicada pela literatura para a Akane (S⁷S²⁴), Baronesa (S³S⁹), Catarina (S¹S¹⁹), Cripps Pink (S²S²³), Daiane (S³S⁵), Fred Hough (S⁵S¹⁹), Fuji Suprema (S¹S⁹), Imperatriz (S³S⁵), Joaquina (S⁵S¹⁹), Liberty (S³S⁵S¹⁰), Primícia (S²⁴n.i.), Princesa (S³S⁵), Priscila (S³S⁹), Red Free (S³S⁷), Sansa (S⁵S⁷). Ao menos um dos alelos S identificados na Duquesa (S³n.i.), Florina (S³S⁹), Lisgala (S⁵n.i.), *Malus floribunda* (S⁷S²⁴) e Priam (S⁵n.i.) divergiram daqueles identificados previamente, conforme a literatura. O loco S da Condessa, que possuía somente o alelo S² identificado, foi caracterizado como S²S²⁴. Os demais genótipos caracterizados foram: 21-300-13 (S¹S³), 21-300-21 (S⁹n.i.), 21-361-75 (S⁹n.i.), 21-373-58 (S³S⁵S⁹), 21-379-64 (S³S¹⁹), 21-503-1 (S¹S²⁴), 21-555-13 (S³S¹⁹), Castel Gala (S²S⁵), Coop 8 (S³S⁷S¹⁹), Coop 14 (S³S⁵), Coop 16 (S³S⁵), Coop 24 (S²n.i.), D1R102T116 (S³S²⁴), D1R103T245 (S³S²⁴), Elenise (S³S²³), Galaxy (S²S⁵), Kinkas (S⁹n.i.), Luiza (S³S¹⁹), M-10/09 (S⁵S²³), Mac Free (S²⁰n.i.), Monalisa (S²S¹⁰), Nova Easygro (n.i.) e Venice (S³S⁹). Alelos com a sigla 'n.i.' não foram identificados. A grande maioria dos alelos S passíveis de caracterização via marcadores de DNA foram identificados nos genótipos avaliados.

Palavras-chave: *Malus sp.*; Autoincompatibilidade gametofítica

Agradecimentos: À FAPESC, EPAGRI, Embrapa e UDESC.

IDENTIFICAÇÃO DE GENES CANDIDATOS ASSOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE DE FRUTO EM MAMOEIRO

Dieimes Bohry^{1*}; Helaine Christine C. Ramos¹; Adriana Azevedo V. Pirovani¹;
Rafaela Pereira Duarte¹; Pedro Henrique A. D. Santos¹; Thiago Motta
Venâncio¹; Messias Gonzaga Pereira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: dieimes.bohry@gmail.com

O mamoeiro (*Carica papaya*) é uma das fruteiras mais cultivadas nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. O Brasil é o segundo maior produtor e o terceiro maior exportador da fruta. As características teor de sólidos solúveis (TSS), firmeza interna (FI) e firmeza externa (FE) de frutos são de grande importância aos programas de melhoramento do mamão, no entanto, possuem herança poligênica, tornando a identificação de genótipos superiores trabalhosa e com baixa acurácia. Este trabalho teve o objetivo de identificar genes candidatos (GC) associados a TSS, FI e FE em mamoeiro. A realização deste trabalho baseou-se em uma análise de QTLs realizada pela equipe de melhoramento da UENF, obtida a partir de um mapa genético saturado com marcadores SNPs. Para a anotação dos GC foram identificados os SNPs altamente associados a cada QTL. Utilizando a base de dados do Phytozome, a posição de cada SNP foi acessada no genoma da espécie e os GC foram identificados por análise local de BLAST. As sequências proteicas referentes aos GC foram submetidas a análise de BLASTP contra proteínas de outras espécies de plantas através da base de dados do NCBI. Considerou-se GC aqueles que apresentaram homologia e cobertura da *query* mínima de 75%. As características TSS, FI e FE apresentaram 16, 15 e 14 QTLs, respectivamente. Para a característica TSS os QTLs explicaram 72.4% da variação fenotípica observada (%Var) e foram identificados 16 GC, dos quais 6 possuem grande efeito na expressão dessa característica. Considerando as características FI e FE, os QTLs explicaram 84.68% e 63.0% da %Var, respectivamente. Foram identificados 12 GC, sendo 5 de grande efeito para FI e 16 GC, sendo 6 de grande efeito para FE. Os GC foram classificados pela posição do SNP em exônicos (5), intrônicos (15) e intergênicos (24). Não foram identificados GC em 6 QTLs, podendo ser atribuído ao baixo efeito de cada QTL individual (<5% Var) ou pela restrição no tamanho da região em que buscou-se genes. O desenvolvimento de marcadores moleculares específicos se torna uma poderosa ferramenta para selecionar indivíduos superiores que contemplem as formas alélicas favoráveis em relação a esses GC. Para tal, a próxima etapa deste trabalho será o desenvolvimento e validação de marcadores SNAP (*Single Nucleotide Amplified Polymorphism*) para implementação da seleção assistida por marcadores na cultura do mamoeiro. Os GC devem ser estudados mais detalhadamente, especialmente aqueles com efeito principal na expressão das características TSS, FI e FE, pelo uso da técnica de clonagem posicional.

Palavras-chave: Mamoeiro; SNAP; SAM

IDENTIFICAÇÃO DE LOCOS SSR-EST ASSOCIADOS À FIRMEZA DE FRUTO EM MAMOEIRO (*Carica papaya* L.)

Thábata Nágime Mendes^{1*}; Rafaela Pereira Duarte¹; Helaine Christine Cancela Ramos¹; Adriana Azevedo Vimercati Pirovani; Dieimes Bohry¹

¹UENF - Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro. E-mail do autor para correspondência: thabatamendes1991@hotmail.com.

A avaliação das características relacionadas à qualidade de frutos de mamoeiro, como a Firmeza do Fruto (FF) e Firmeza da Polpa (FP), é uma etapa importante para os programas de melhoramento, a fim de selecionar genótipos superiores. Entretanto, essas características apresentam uma herança genética complexa e com forte influência ambiental, o que dificulta o processo de seleção. Além disso, as avaliações são realizadas manualmente, o que demanda tempo e trabalho intensivo. A identificação de QTLs através dos marcadores SSR-ESTs representa um grande avanço nos programas de melhoramento genético por possibilitarem que seja realizada a seleção assistida por marcadores, melhorando a seleção de características de difícil mensuração. O objetivo deste trabalho foi identificar QTLs, utilizando marcadores moleculares SSR-ESTs associados a características de FF e FP. Para análise de mapeamento, foram utilizados 7 *primers* polimórficos analisados via BSA (*Bulked Sefregant Analysis*). A população de mapeamento foi constituída de 186 indivíduos da geração F2, oriunda de um cruzamento dos genitores Sekati e JS-12, provenientes do grupo Formosa e que possuem características contrastantes. Visando a identificação de QTLs, a análise de associação característica-marcador foi realizada utilizando-se os dados fenotípicos estabelecidos para as duas características, juntamente com as marcas SSR-ESTs e os marcadores SNPs que compõem o mapa genético do mamoeiro. As etapas de fenotipagem da população F2 foram realizadas previamente pela equipe de melhoramento do mamoeiro da UENF. A análise de QTL foi realizada utilizando o pacote R/qtl do programa R. O valor de LOD *threshold* foi determinado para cada característica considerando o teste de permutação, com erro de 0,05 sobre 1000 permutações por dado. Na análise do mapa, três grupos de ligação (GL) tiveram marcas inseridas (GL2, GL3, GL6), sendo que o mapeamento de QTL ocorreu apenas no GL2. Foram detectados três QTLs, sendo: um QTL associado à FP (QTL 1 – Cpa_SSR_018504), um QTL associado à FF (QTL 3 – Cpa_SSR_001783), e um QTL associado às duas características (QTL 2/QTL 4 – Cpa_SSR_004871). A variação fenotípica explicada pelos QTLs variou de 1,97% a 9,66% e 1,49 a 7,42% para as características FP e FF, respectivamente. Uma maior saturação do mapa de ligação irá possibilitar que os QTLs obtidos neste trabalho tenham sua magnitude aumentada e realocação no mapa de ligação para explicação de um determinado caráter ou ainda, à medida que mais QTLs com efeitos maiores forem identificados, maiores índices de eficiência poderiam viabilizar a seleção assistida por marcadores.

Palavras-chave: Mamão; Mapa Genético; Marcadores SSR-EST

IDENTIFICAÇÃO DE MISTURA CLONAL EM MINICEPAS DE *Eucalyptus* spp. UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES

Daniella Flávia Said Heid Schettini Silva¹; Daniele Aparecida Alvarenga Arriel²;
Lúcio Mauro da Silva Guimarães³; Acelino Couto Alfenas⁴

¹Universidade Estadual Júlio de Mesquita Filho – Câmpus Botucatu, E-mail: daniellaflaviaschettini@gmail.com; ²Universidade Federal do Mato Grosso, E-mail: daniarriel@hotmail.com; ³Universidade Federal de Viçosa, E-mail: luciomsguimaraes@yahoo.com.br ⁴Universidade Federal de Viçosa, E-mail: aalfenas@ufv.br

O eucalipto é a principal fonte de madeira e seus derivados no Brasil. A propagação da cultura ocorre predominantemente pela clonagem de genótipos superiores utilizando-se, principalmente, a técnica de miniestaquia. No entanto, a propagação de diferentes materiais genéticos ao mesmo tempo e a dificuldade de separação morfológicas desses podem levar a identificação errônea de alguns genótipos e consequente mistura clonal. Marcadores moleculares são ferramentas auxiliares com aplicações em diferentes etapas de programas de melhoramento. Uma dessas aplicações é a identificação de mistura genética. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar por meio de marcadores microssatélites (SSR) a existência de mistura clonal em 129 minicepas de eucalipto pertencentes a cinco diferentes clones de *Eucalyptus* spp. Para isso, primeiramente, realizou-se a coleta do material foliar das minicepas e dos supostos clones a qual elas pertenciam, os quais serviram como comparadores. Em seguida, foi realizada a extração do DNA pelo método CTAB, seguida da quantificação das amostras, PCR, e posterior genotipagem em sequenciador de DNA por eletroforese capilar utilizando seis marcadores SSR. Os tamanhos de fragmentos SSR obtidos para os clones foram comparados com cada uma das minicepas. Foram consideradas misturas as minicepas que não apresentavam o mesmo perfil do putativo clone, a qual pertenciam, para pelo menos um dos marcadores. A taxa de mistura genética para os clones A, B, C D e E foram de 40%, 11%, 0%, 4% e 13%, respectivamente. Os resultados demonstraram que os marcadores SSR constituem uma importante ferramenta na manutenção da pureza clonal em viveiros de produção de mudas de *Eucalyptus*.

Palavras-chave: Biotecnologia; Eucaliptocultura; Identidade clonal.

Agradecimentos: À Clonar Resistência a Doenças Florestais; Laboratório de Patologia Florestal, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

IDENTIFICAÇÃO DE POPULAÇÕES EM ÁREA DE COLETA DE SEMENTES DE *Eucalyptus benthamii* INSTALADA EM COLOMBO-PR

Lucas Moura de Abreu^{1*}; Marília de Castro Rodrigues Pappas²; Vânia Cristina Rennó Azevedo²; Paulo Eduardo Telles dos Santos¹; Valderês Aparecida de Sousa¹; Rodrigo Furtado dos Santos³; Ananda Virginia de Aguiar¹

¹Embrapa Florestas. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ³University of Florida. *E-mail do autor para correspondência: lucas2708@gmail.com

Eucalyptus benthamii Maiden & Cambage é a espécie de eucalipto mais indicada para as regiões do sul do Brasil sujeitas à ocorrência de fortes geadas. Sua madeira é utilizada principalmente para produção de carvão, lenha e peças roliças. No entanto, a carência de informações sobre a base genética do material introduzido no Brasil constitui-se em um fator restritivo à utilização mais ampla desse germoplasma em programas de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi investigar a estrutura genética de um povoamento de 0,5 ha implantado na Embrapa Florestas em Colombo-PR em 1988 por meio de sementes fornecidas pelo CSIRO-Austrália. Esta população consiste na primeira introdução conhecida de germoplasma de *E. benthamii* no Brasil, tendo sido manejada como área de coleta de sementes para a formação de plantios comerciais e também de novas áreas de produção de sementes. Todos os indivíduos remanescentes do povoamento foram genotipados (115 indivíduos) mediante 13 locos de microssatélites. A estrutura genética do povoamento foi então analisada com auxílio do *software* Structure versão 2.3.4. Foram utilizados dez valores de K (número de populações assumido *a priori*), no intervalo de 1 a 10, com dez repetições para cada valor de K. O valor de 100.000 foi utilizado para ambos os parâmetros “burning period” e “Markov Chain Monte Carlo” (MCMC). Para o modelo de ancestralidade, foi utilizado o “Admixture Model”. O método de Evanno foi aplicado para definir o número de populações, resultando em K = 2. Portanto, com base nos indivíduos analisados, concluiu-se que duas populações originais da Austrália participaram da composição do povoamento de *E. benthamii* existente na Embrapa. Essa informação será útil para implementar estratégias de cruzamento e de amostragem mais apropriadas no futuro.

Palavras-chave: marcadores moleculares; SSR; estrutura populacional.

Agradecimentos: à Embrapa Florestas pela oportunidade de estágio, ao Técnico da Embrapa Jacir Faber pelo levantamento de dados de campo e à pesquisadora Ananda Virginia de Aguiar pelo apoio e orientação na realização deste trabalho.

IDENTIFICATION AND QTL MAPPING FOR soybean PHYSIOLOGICAL SEEDS QUALITY

Karina Barroso Silva^{1*}; Adriano Teodoro Bruzi²; Leah K. McHale³; Everton Vinicius Zambiazzi⁴; Igor Oliveri Soares⁵; Mariane Cristina Bianchi⁶.

^{1,2,4,5,6}Universidade Federal de Lavras, *karina.rbarroso@gmail.com. ³The Ohio State University-USA.

Improved seeds are a key input to achieving higher grain yield and, the physiological seed quality is a factor that will influence decisively the success in crop. The germination and vigor seed are quantitative traits established by plant genetics constitution, the environment effect and the interaction between genotypes and environments. Therefore, it is evident the importance of studying the genetic architecture of these traits. The purpose of this study was to identify quantitative trait locus (QTL) associated with traits related to physiological soybean seeds quality, such as vigor and germination. The experiments were carried out at The Ohio State University, Columbus, Ohio, USA using a population of recombinant inbred lines (RILs) F_{9:10} and F_{9:11} generations. A total of 315 lines (RILs) of F_{9:10} generation were harvested in 2012 and F_{9:11} were harvested in 2014. The seeds were used for the Emergency and Germination tests. The emergency test, twenty-five seeds of four replicates were sowing, per seed lot (crop year) of each RIL population. The number of emerged seedlings with fully expanded cotyledons, were recorded daily until the 20th day after sowing. The emergence percentage was calculated with daily counting data up to the 20th day of sowing. For the Germination test, three replicates of 50 seeds per RIL population, per seed lot were sown in a germination paper. The seeds were stored in the germination chamber with controlled temperature of 25 °C. Evaluation for germination were performed at five and eight days, recording the percentage of normal seedlings and dead seeds. The experimental design was in a randomized complete block design. All statistical analyzes were performed by R software. The phenotypic means were grouped using the Scott Knott (1974). The average of phenotypic test data was used in the map construction. The QTL analysis was Performed by Inclusive Composite Interval Mapping is additive and dominance effects (ICIM) using IciMapping V4 software. The Emergence test showed that the F_{9:10} RIL population seeds from 2012 crop had a significantly lower emergency percentage than the F_{9:11} RIL population seeds from 2014 crop, averaging 84% and 98%, respectively. The Germination test revealed that F_{9:10} generation seeds presented a germination percentage lower than the F_{9:11} generation from 2014 crop season. Nine QTLs were identified for soybean seeds physiological quality in the region of the chromosomes (Ch) 2, 7, 13, 14 and 19. QTL identified from 2012 and 2014 harvested seed were individual for each year and possibly reflective of the interaction RIL populations for the year trait. QTL for the three traits (emergence, percent dead and percent normal seeds) were occasionally overlapping. For seeds harvested in 2012, QTL for seedlings emergence was found on the same chromosome region for dead seeds, it was on chromosome 19, flanked by Glyma19g41210 and Glyma19g41390 markers, showing that this is a possible area where you can identify QTL for soybean seed quality.

Keywords: Recombinant inbred lines; seed quality

Acknowledgments: Universidade Federal de Lavras, Fapemig, CNPq, CAPES.

IDENTIFICATION OF S₇ POPCORN LINES FOR THE EFFECTIVE USE OF NITROGEN

Shahid Khan¹, Adriano dos Santos¹, Roberto Fritsche Neto², Janeo Eustáquio de Almeida Filho¹, Ismael Fernando Schegoscheski Gerhardt¹, Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro", Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

²Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/ESALQ/USP, Departamento de Genética, Piracicaba, SP, Brasil. *Corresponding author e-mail: shahidkhan@aup.edu.pk

Nitrogen is essential for sustaining life on the planet, and it is the most important nutrient for achieving high agricultural production. However, nitrogen use leads to the release of nitrous oxide, which has the potential impact in global warming at a magnitude of 296 times greater than carbon dioxide, thus making the reduction of nitrogen usage a major challenge in agricultural production. The objective of this study was to identify popcorn lines efficient in the use of nitrogen, employing the multivariate GGE biplot method as the initial step towards the establishment of a breeding program contributing to agricultural sustainability. Twenty-nine lines from the germplasm collection of Darcy Ribeiro North Fluminense State University (UENF) were evaluated at two contrasting levels of nitrogen availability (low and optimum) at two representative locations in the north and northwest of the state of Rio de Janeiro, Brazil, arranged in a randomized block design with three replications. The selective accuracy was close to 1, which indicated that the genotypes were sufficiently contrasting to allow successful selection. The first two principal components (PC) retained 93.82% of the total variation, and PC1 furnished an information ratio (IR) that was unaffected by noise. L77 was the most unstable line, while P7, P2, P6, P3, P5, P4, P9, P10, P8, P9, L70, L74, and L55 were efficient and responsive. The GGE biplot method is recommended for the reliable identification of popcorn lines that are efficient and responsive to the use of nitrogen.

Keywords: *Zea mays*, Abiotic stress, G x E interaction.

Acknowledgments: FAPERJ, UENF.

MAPEAMENTO ASSOCIATIVO PARA CARACTERÍSTICAS DE QUALIDADE EM MILHO PIPOCA (*Zea mays*)

Marcelle Ferreira Silva^{1*}; Geísa Pinheiro Paes¹; Renato Lorenzon Villaschi¹; Vitor Batista Pinto¹; Leonardo Alves Risso¹; José Marcelo Soriano Viana¹

¹Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Biologia Geral. *E-mail do autor para correspondência: marcelle.silva@ufv.br

O mapeamento associativo e o estudo de associação genômica ampla (GWAS) foram bem sucedidos em determinar genes candidatos para vários caracteres. Em milho esse tipo de procedimento foi capaz de identificar genes candidatos para características complexas como desenvolvimento de raiz, composição de grãos e tolerância à seca. O objetivo deste trabalho foi executar o mapeamento associativo em regiões cromossômicas contendo QTLs (Quantitative Trait Loci) para características de qualidade em milho pipoca (*Zea mays*). Foram estudadas duas populações de clima temperado, derivadas de dois híbridos norte americanos (UFV MP-1 e UFV MP-2) e mais sete populações tropicais (Beija-flor C1 e Beija-flor C4, obtidas após 3 ciclos de seleção de progênies de meio irmãos de Beija-flor C1; Viçosa, Viçosa C1 e C4, obtidas após 1 e 4 ciclos de seleção de famílias de meio irmãos; Viçosa C2 fsf, obtida após 2 ciclos de seleção de famílias de irmãos completos; e Viçosa S4 obtida após 4 ciclos de seleção de progênies endógamas). Para genotipagem foram utilizados 96 marcadores SNP selecionados para regiões de QTLs previamente identificadas para qualidade e para as análises fenotípicas usou-se características de qualidade – capacidade de expansão, peso de 100 grãos, diâmetro da semente e densidade do grão. Além disso, foram utilizadas para a análise mais duas populações simuladas no software REALbreeding (Pop1 e Pop2). Os dados estatísticos para o mapeamento associativo foram baseados no método dos mínimos quadrados e na abordagem bayesiana utilizando o pacote MCMC do software R. Quando assumida uma FDR de 10% houve associação para capacidade de expansão em três cromossomos da Viçosa S4, para peso de 100 grãos houveram duas associações em Beija-Flor C4 e Viçosa C4 por fim, para densidade do grão houveram sete associações em Viçosa C4 e UFV MP-1. Para as populações de dados simulados houveram resultados significativos com FDR 5%, com 300 indivíduos, a Pop1 apresentou 13 associações relevantes e a Pop2, cinco. Em análise com populações simuladas com 100 indivíduos apenas a Pop2 apresentou seis associações relevantes. Em geral, foram identificados genes candidatos envolvidos na biossíntese de amido, metabolismo de lipídios, composição de parede celular e biossíntese e armazenamento de proteínas, confirmando o mapeamentos associativos para QTLs encontrados anteriormente e evidenciando possíveis genes candidatos para características de qualidade em milho pipoca.

Palavras Chave: Genes candidatos; QTL

Agradecimentos: CNPq; CAPES e FAPEMIG

MAPEAMENTO DE QTL EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS-COMPLETOS

Andréa Carla Bastos Andrade^{1*}; Hécio Duarte Pereira¹; Vinícius Costa Almeida¹; Leonardo Alves Risso¹; Fabyano Fonseca e Silva²; José Marcelo Soriano Viana¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral, 36570-900, Viçosa, MG, Brasil. ²Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Zootecnia, 36570-900, Viçosa, MG, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: bastos.andrea@yahoo.com

Estudos com mapeamento de QTL (*Quantitative Trait Locus*) são indispensáveis para o entendimento das características quantitativas. Em populações naturais (famílias de irmãos-completos e meios-irmãos) onde os parentais apresentam genótipos heterogêneos, não se caracterizando como linhas puras e se dispõe de múltiplos alelos, faz-se necessário maior entendimento a respeito da utilização de sua estrutura populacional na inferência de QTL. Este estudo avaliou a eficiência do mapeamento de QTL em populações de irmãos-completos. Duas populações distintas de cruzamentos não controlados foram acasaladas para gerar amostras de famílias de irmãos-completos com 400 indivíduos utilizando o software, em construção, REALbreeding. O mapa genético foi composto de dez cromossomos com os QTLs distribuídos aleatoriamente. Os cromossomos 4, 6, 7 e 8 não tiveram QTLs, os cromossomos 1, 2 e 3 apresentaram um QTL, os cromossomos 9 e 10 apresentaram dois QTLs, e o cromossomo 5 apresentou três QTLs. Os QTLs foram classificados em três classes para herdabilidade: baixa (1 a 4%), média (5 a 8%) e alta (9 a 12%). O mapeamento foi realizado para o tamanho amostral de 400 indivíduos com origem de uma única família e origem de quatro famílias (com 100 indivíduos de cada família). Cada cromossomo teve 100 marcadores SSR espaçados com densidade média de 7,5cM. A característica simulada foi produção de grãos (g planta⁻¹) com herdabilidade de 70%. A detecção de QTL foi realizada utilizando a inferência bayesiana com o software FlexQTL™, considerando modelos com efeitos de QTL e poligênicos. A eficiência do mapeamento de QTL para famílias de irmãos completos foi constatada por meio da avaliação dos seguintes parâmetros: poder de detecção de QTL, FDR (*False Discovery Rate*) e precisão do mapeamento. Resultados demonstraram que o aumento do número de famílias para formação de população de mapeamento permite um maior poder de detecção de QTLs de média herdabilidade (66,67%). QTLs de baixa herdabilidade não foram detectados pela técnica e QTLs de alta herdabilidade foram encontrados em sua totalidade para os dois cenários avaliados. Em relação à FDR, não houve falso-positivos pela análise com múltiplas famílias, sendo que com uma única família essa taxa foi de 6,67%. A precisão do mapeamento foi de 3,12cM e 3,88cM (cenários com uma e quatro famílias, respectivamente). No mapeamento de QTL é esperada a não detecção de QTLs de baixa herdabilidade e, deseja-se menor FDR e maior precisão do mapeamento. Os resultados aqui apresentados sugerem que o aumento do número de famílias em estudos com populações naturais vem a contribuir com maior eficiência no mapeamento.

Palavras-chave: Múltiplos alelos; simulação; eficiência do mapeamento.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG, CAPES.

MAPEAMENTO POR ASSOCIAÇÃO E CONTROLE GENÉTICO PARA A RESISTÊNCIA À HELMINTOSPORIOSE DO MILHO

Kaian Albino Corazza Kaefer¹, Adilson Ricken Schuelter¹, Ivan Schuster²,
Jonatas Marcolin¹, Eliane Cristina Gruska Vendruscolo³.

¹Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon – PR, Brasil. ²Dow Agrociências, Cravinhos – SP, Brasil. ³Universidade Federal do Paraná, Palotina – PR, Brasil. E-mail do autor para correspondência: adilson_schuelter@yahoo.com.br

O objetivo do trabalho foi identificar regiões genômicas associadas com a resistência à helmintosporiose (HT) em linhagens de milho comum e estudar o controle genético envolvido na resistência. Para o estudo de mapeamento por associação, 72 linhagens foram genotipadas e fenotipadas, sendo a genotipagem realizada com marcadores SNP na plataforma 650K (Affymetrix®), enquanto que a fenotipagem baseou-se da predição dos valores genotípicos derivadas das notas de resistência para à MB considerando o modelo 21 do software SELEGEN-REML/BLUP. Para evitar associações espúrias entre marcadores SNPs e o caráter estudado, realizou-se inicialmente a análise de estrutura da população. A análise de associação entre os marcadores SNPs e a HT foi realizada utilizando-se modelo linear misto (MLM). Para o estudo do controle genético, o experimento foi conduzido no ano de 2016 e foi composto por blocos casualizados com três repetições, sendo os tratamentos constituídos pelos genitores (1 e 2) e suas gerações F₁, F₂, RC₁ e RC₂. Por meio das notas atribuídas às linhagens e as suas respectivas gerações, foram extraídos os dados genotípicos relacionado à herança da doença estudada. As estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais, foram baseadas na análise das variâncias das gerações segregantes e não segregantes. Analisando os resultados, foram encontrados QTLs nos cromossomos 1, 2, 3, 4, 6, 8, 9 e 10 para à HT do milho, podendo aumentar, reduzir ou até mesmo anular o efeito desse atributo. Dentre os QTLs encontrados, cinco regiões genômicas foram detectadas para o aumento da resistência à helmintosporiose com o uso de marcadores SNP, encontradas nos cromossomos 3, 6, 8, 9 e 10. O controle genético da resistência à HT é quantitativo, sendo os efeitos aditivos mais importantes na determinação do caráter. Além disso, apresenta alta herdabilidade restrita (88%), o que permite boa eficiência na seleção e nos ganhos de seleção.

Palavras-chave: *Exserohilum turcicum*; resistência genética; desequilíbrio de ligação.

MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES PARA CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM ACESSOS DE *Coffea arabica*

Júlia Rosa Moreira^{1*}; Tiago Sousa Vieira¹; Antonio Alves Pereira²; Antonio Carlos Baião de Oliveira^{2,3}; Ney Sussumu Sakiyama¹; Eveline Teixeira Caixeta^{1,3}

¹Universidade Federal de Viçosa-MG. ²Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, EPAMIG. ³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA Café. * E-mail do autor para correspondência: juliarosa_93@hotmail.com

Entre as espécies de café de importância comercial, *Coffea arabica* se destaca por apresentar qualidade superior de bebida. Dentro dessa espécie, a variedade Bourbon é reconhecida mundialmente por apresentar elevado sabor, aroma e características sensoriais diferenciadas, sendo altamente valorizada nos mercados de cafés especiais. Devido à grande importância desse cafeeiro, acessos de Bourbon são mantidos em banco de germoplasma da Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG). No entanto, essa coleção de Bourbon ainda não é bem caracterizada molecularmente. Marcadores moleculares microssatélites (SSR) têm sido utilizados para discriminar, geneticamente, indivíduos e para estudos de diversidade genética de populações. Diante disso, o objetivo foi caracterizar 58 genótipos de quatro acessos pertencentes a esse banco de germoplasma. Além disso, foram analisados 107 genótipos controles, sendo 12 da cultivar Típica, 48 Bourbon, 12 Sumatra, 23 Mundo Novo (Bourbon x Sumatra), 16 Catuaí (Caturra x Mundo Novo) e 10 Amarelo de Botucatu (Mutação de Típica). Esses genótipos são pertencentes a cultivares antigas e comerciais de café arábica. As distâncias genéticas entre os pares de indivíduos foram estimadas por meio de marcadores moleculares SSR. O dendrograma foi construído por meio do método da ligação média entre grupos (UPGMA), no qual a maioria dos genótipos se alocaram em dois grupos principais. 16 genótipos não foram alocados em nenhum dos grupos principais. O primeiro grupo foi composto por 51 genótipos dos quatro acessos e 52 genótipos com os diferentes genótipos controles. Nesse grupo foi evidenciado a maior diversidade genética entre os indivíduos. O segundo grupo engloba apenas três genótipos dos quatro acessos e 40 genótipos controles, composto basicamente de Bourbon. De maneira geral, esses resultados demonstraram a distinção genética entre os acessos avaliados evidenciando a importância dessas análises na discriminação precisa dos acessos pertencentes a bancos de germoplasma evitando, dessa forma, genótipos redundantes. Além disso, os genótipos de Bourbon, utilizados como genótipos controles, foram alocados em grupo distinto dos demais evidenciando variabilidade genética nesse germoplasma

Palavras-chave: Banco de germoplasma; método de agrupamento; divergência genética.

Agradecimentos: Consórcio Pesquisa do Café (CBP&D/Café), INCT-Café, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

MARCADORES MOLECULARES PARA SELEÇÃO DE RESISTÊNCIA GENÉTICA À *Pseudocercospora griseola* E *Colletotrichum lindemuthianum* EM FEIJOEIRO COMUM

Caléo Almeida¹; Gabriel Bonfante¹; Lucas Rossi Lazaretti Novo¹; Alisson Fernando Chiorato²; Luciana Lasry Benchimol-Reis^{1*}

¹Instituto Agronômico, Centro de Recursos Genéticos,²Instituto Agronômico, Centro de Grãos e Fibras, Campinas, SP. *llasry@iac.sp.gov.br.

A mancha-angular, causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* (Sacc.) Crous & U. Braun, e antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* Sacc & Magnus, são doenças do feijoeiro que resultam na redução na produção e na qualidade dos grãos produzidos. Estas doenças mostram padrão quantitativo de resistência genética e vários QTLs devem ser introgrididos para produzir uma resistência duradoura. Os marcadores moleculares podem ser utilizados como uma ferramenta para a seleção precoce de genótipos resistentes. O objetivo deste trabalho foi realizar a avaliação molecular da resistência à mancha angular (RC1 AND277 x IAC-Milênio, Andino x Mesoamericano) e antracnose (IAC-Formoso x Pérola). Microssatélites e SCARs já associados com alelos de resistência à estas doenças foram genotipados. Para mancha angular, marcador SSR GATS11b, localizado no *core* do QTL ALS10.1^{UC}, apresentou alelos andinos em heterozigose. O PvM22 também co-localizado no Pv10, apresentou o mesmo perfil dos marcadores GATS11b e IAC137, já que se encontra na mesma região do *core* do QTLALS10.1^{UC}. Esta é uma região muito conservada, com comportamento em "bloco" e distorção de segregação mendeliana, comum em cruzamentos entre *pools* gênicos diferentes de feijão comum. Os marcadores SSR-IAC 134, que flanqueavam o QTL ALS2.1^{UC}, apresentaram perfil atípico em relação aos outros SSRs amplificados, uma vez que não apresentaram heterozigotos e a maioria dos genótipos apresentou alelos IAC-Milênio fixados para este loco. Três SCARs também foram amplificados: o SH13 (associado ao gene *Phg-1*) e o SAA19 mostraram superioridade de alelos andinos, e o SAB16 teve superioridade de alelos mesoamericanos, sendo que os dois últimos estão associados ao gene *Phg-3*. Para antracnose, em relação aos marcadores genotipados na população RC1 FP, os microssatélites SSR-IAC18a, SSR-IAC234, FJ-44, SSR-IAC 65, PvM97, SSR-IAC 36, Pvattt01 e SSR-IAC 276 foram monomórficos. Alguns locos, como o SSR BMd185 apresentou 50% de alelos Pérola, e nenhum alelo Formoso em homozigose. O mesmo perfil ocorreu para o SSR-IAC 55, onde houve uma prevalência de 82,14% de alelos Pérola, e ausência de homozigose para os alelos Formoso. Os locos de maior heterozigose foram o SSR-IAC245 (53,57%), SSR-143 (57,14%) e Drough (53,57%). Uma nova seleção molecular será realizada em F3RC2 nas duas populações para evidenciar a perda ou fixação dos mesmos alelos. Marcadores moleculares são uma ferramenta poderosa para selecionar cultivares em fase precoce de retrocruzamentos visando um ganho de resistência à mancha angular. Em F3RC2, as linhagens serão avaliadas fenotipicamente para comprovação da resistência aferida pelo padrão molecular.

Palavras-chave: Mancha-angular, antracnose, *Phaseolus vulgaris* L.

Agradecimentos: FAPESP e PIBIC/CNPq

MARCADORES SNPs DERIVADOS DE CAPTUREseq ASSOCIADOS A TOLERÂNCIA À SECA EM ARROZ

Ariadna Faria Vieira¹, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser², Tereza Cristina de Oliveira Borba², Anna Cristina Lanna², Rosana Pereira Vianello², Leandro Gomide Neves³, Claudio Brondani^{2*}

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. ³Rapid Genomics. *E-mail do autor para correspondência: claudio.brondani@embrapa.br.

O arroz é um dos cereais de maior importância socioeconômica a nível mundial, sendo o Brasil o nono maior produtor. O arroz de terras altas possui variabilidade genética para a tolerância à seca, mas esse caráter não está presente em todas as cultivares comercializadas. A incorporação desse caráter, portanto, é um desafio para os programas de melhoramento. O método de sequenciamento de DNA por captura (ou *Capture-seq*) permite a identificação de polimorfismos em regiões candidatas ou regiões genômicas de interesse, utilizando plataformas de sequenciamento de nova geração (NGS). Como parte do esforço de incorporar a tolerância à seca em genótipos elite do programa de melhoramento da Embrapa, esse trabalho objetivou identificar genes e alelos relacionados a esse caráter. O estudo foi realizado em 300 acessos de arroz de terras altas, avaliados quanto a tolerância à seca em experimentos de campo por 3 anos (2010 a 2012), e genotipados por sequenciamento de DNA por captura de 2.500 unigenes previamente identificados como relacionados à tolerância a deficiência hídrica, permitindo realizar um estudo de mapeamento associativo. O sequenciamento por captura, realizado na empresa Rapid Genomics (EUA), utilizou a plataforma Illumina *Hi-seq* 2500, e como resultado, foram identificados 16.055 SNPs e InDels distribuídos ao longo dos 12 cromossomos do arroz. Para o mapeamento associativo (GWAS), houve inicialmente a filtragem dos dados utilizando a frequência mínima alélica ($MAF \geq 0.05$), e por meio do *software* Tassel, foram identificados quatro SNPs significativos (genes localizados nos cromossomos 5, 7, 8 e 10) pelo critério de *False Discovery Rate* ($FDR \leq 0.05$). Estes genes foram anotados (BLAST2GO), e são putativamente traduzidos nas proteínas: Domínio proteico BURP (LOC_Os05g12640), Cis-zeatina O-glucosiltransferase (LOC_Os07g46610), hidrolase e família proteica alfa/beta (LOC_Os10g37720) e proteína de ligação ao DNA (LOC_Os08g44910). Como perspectiva, esses SNPs identificados serão convertidos em ensaio TaqMan para validar sua aplicação na rotina de seleção assistida para tolerância à seca no melhoramento genético do arroz da Embrapa.

Palavras-chave: Sequenciamento por captura; GWAS; SNPs

Agradecimentos: À Embrapa Arroz e Feijão, Capes, CNPq e a Universidade Federal de Goiás.

MICROPROPAGAÇÃO CLONAL DE MANDIOCA ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES IRAP E REMAP

Sama Beatriz Kuhn¹; Betty Cristiane Kuhn¹; Jaqueline Maria Silva-Fugita¹
Claudete Aparecida Mangolin¹; Maria de Fátima Pires da Silva Machado¹

¹ Universidade Estadual de Maringá, UEM. ² Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Dois Vizinhos, UTFPR. *samabk@hotmail.com

A cultura da mandioca é normalmente propagada por estaquias, porém esse processo leva a propagação de vírus, fungos e bactérias. Para resolver esse problema, o objetivo do presente trabalho foi estabelecer um protocolo para micropropagação das variedades Fécula Branca, IPR-União e Olho Junto, obtidas no banco de germoplasma do Instituto Agronômico do Paraná e, através de marcadores moleculares buscou-se identificar a taxa de similaridade entre as variedades cultivadas. Meristemas apicais usados como fonte de explantes foram inoculados em meio de cultura MS suplementado com 0,04 mg · L⁻¹ citocinina 6BA, 0,05 mg · L⁻¹ de giberelina e 0,02 mg · L⁻¹ de auxina, sendo testadas duas auxinas: ácido naftalenacético (ANA) e ácido indolbutírico (IBA). Após 60 dias as plântulas foram transferidas para meio MS suplementado com 0,02 mg · L⁻¹ citocinina, 0,05 mg · L⁻¹ de auxina e 0,05 mg · L⁻¹ de giberelina para crescimento e desenvolvimento. A análise molecular foi realizada com os marcadores baseados em retrotransposons IRAP e REMAP, utilizando seis combinações de primers (AYF8, AYF9, AYF2xAYF3, AYF3x AYF8, AYF5xAYF9, AYF4xSSR5). Os meristemas apicais da variedade Fécula Branca apresentaram melhor desenvolvimento em meio de cultura suplementado com o regulador de crescimento IBA, já a variedade Olho Junto se desenvolveu igualmente em meio de cultura suplementado com IBA (0,05 mg · L⁻¹) e com ANA (0,05mg · L⁻¹) e a variedade IPR-União se desenvolveu de maneira satisfatória em meio de cultura suplementado com o regulador de crescimento ANA (0,05 mg · L⁻¹). Os *primers* utilizados geraram 72 fragmentos, sendo deles 43 polimórficos. O dendrograma obtido pelo coeficiente de Jaccard dividiu as três variedades em dois grupos: a variedade Olho Junto formou um grupo isolado, enquanto as variedades Fécula Branca e IPR-União foram agrupadas no mesmo grupo. O uso dos marcadores moleculares demonstrou que plantas geneticamente similares podem desenvolver-se no mesmo meio de cultura, enquanto variedades com baixa similaridade genética desenvolvem-se em meio de cultura com diferentes auxinas. Conclui-se que o protocolo estabelecido foi eficiente para o cultivo das variedades de mandioca e o uso de marcadores moleculares baseados em sequências previamente conhecidas de retrotransposons IRAP e REMAP foram suficientes para determinar a variabilidade genética neste caso, e podem ser aplicados para indicar estratégias preliminares para programas de cultivo de genótipos de mandioca *in vitro*.

Palavras-chave: Genética; Meristema; Auxinas.

MOLECULAR CHARACTERIZATION AND MAPPING OF THE ANTHRACNOSE RESISTANCE GENE IN THE ANDEAN COMMON BEAN CULTIVAR PERLA

Jean Fausto de Carvalho Paulino¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal^{2*}; Giselly Figueiredo Lacanallo²; Sandra Aparecida de Lima Castro², João Ricardo Silva Marcon³; Vanusa da Silva Ramos Martins

¹Instituto Agronômico de Campinas. ²Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Universidade Estadual de Maringá. ³ GDM Genética do Brasil, Rio Verde, GO. *Corresponding Author: mcgvidigal@uem.br.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) stands out as a culture of great importance in Brazil and in the world, being an important source of food protein. However, the incidence of diseases can cause losses in common bean productivity, especially anthracnose, which is caused by the fungus *Colletotrichum lindemuthianum*. The present study aimed to characterize and map the resistance gene of the Andean Perla common bean to *Colletotrichum lindemuthianum*. The resistance inheritance test performed on the F₂ population derived from Perla (R) × Cornell 49-242 (S) and inoculated with race 73, demonstrated a 3R:1S segregation ratio, indicating the action of a dominant resistance gene in Perla. The segregation in the F₂ populations, derived from the crosses between Perla and the cultivars Cornell 49-242, TO, G2333, Jalo Vermelho, Jalo Listras Pretas, Corinthiano and Crioulo, were adjusted to a ratio of 15R:1S. These results showed that the resistant gene of Perla cultivar is independent from those previously characterized genes: *Co-3*⁵, *Co-4*, *Co-4*², *Co-12*, *Co-13*, *Co-15* and *Co-16*. Likewise, bulk segregant analysis (BSA) was used to identify molecular markers linked to the *Co-Pe* gene present in Perla. Molecular analysis mapped *Co-Pe* gene near to the previously reported g683₅₀₀ and CV542014₃₉₀ STS markers, in coupling phase at the distance of 7.6 cM and 10.8 cM on Pv01, respectively. The identification of these molecular markers provided relevant data for common bean breeding programs, by allowing marker-assisted introgression of the gene into commercial cultivars, in order to enhance resistance and consequently, to reduce time and cost.

Keywords: *Colletotrichum lindemuthianum*; *Phaseolus vulgaris* L.; Andean gene.

Acknowledgments: M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Paulino, J.F.C., Marcon, J.R.S., Castro, S.A.L., Martins, V.S.R. and Lacanallo, G.F. are recipients of fellowship from Capes and Fundação Araucária. Financial support from Capes and CNPq.

MONITORAMENTO DOS GENES PI1, PI2 E PI33 DE RESISTÊNCIA À BRUSONE EM LINHAGENS DE ARROZ

Alessandra G. Ribeiro¹; Luana A. Rodrigues²; Tereza C. de O. Borba²; Sylvana de P. P. Costa²; Aluana G. de Abreu²; Sandy da S. Soares³; Raquel N. de Mello²

¹Universidade Federal de Goiás ²Embrapa Arroz e Feijão ³Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera. * E-mail: alessandra-ribeiro@live.com

A produção de arroz apresenta um risco elevado em função da severidade da brusone, doença causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*. No Brasil, a brusone afeta o lucro do produtor, tanto por reduzir a produtividade quanto por aumentar custos com o controle. Além disso, o uso intenso de fungicidas ocasiona ameaças ambientais. A resistência genética é, assim, a estratégia mais econômica e ambientalmente amigável para o controle da doença. A seleção assistida por marcadores moleculares tem sido utilizada no programa de melhoramento da Embrapa para introgressão de genes de resistência a *M. oryzae*, tanto em linhagens avançadas quanto em populações de seleção recorrente. O objetivo deste trabalho foi avaliar a presença de alelos favoráveis dos genes Pi1, Pi2 e Pi33 de resistência a *M. oryzae* em genitores potenciais do programa de melhoramento de arroz da Embrapa para que sejam utilizados como doadores desses genes. Foram avaliadas as linhagens BR IRGA 409, BRS Biguá, BRS Catiana, BRS Esmeralda, BRS Formoso, BRS Pampa, BRS Pampeira, BRS Primavera, C79-272-4-1-2-3-10, Cirad 464, Cirad 464 Pi e Irat 124. Como controles, foram avaliados acessos descritos na literatura como possuidores desses genes. São eles: LAC 23 (Pi1); C101A51 (Pi2); e Taichung Native 1, Bala e IR 64 (Pi33). Além destes, foram avaliados os controles suscetíveis C5173, CO39 e IR 36. Foram avaliadas duas plantas de cada acesso utilizando os marcadores RM5926 e RMS-Pi1-03 (Pi1); RM564 e RMs8 (Pi2); e RM3507 e RM544 (Pi33). Para o gene Pi1, nenhum genitor apresentou os alelos 117 (RM5926) e 200 (RMS-Pi1-03) do controle LAC23. Para Pi2, BRS Catiana, BRS Pampa, BRS Pampeira, Cirad 464 e Cirad 464Pi apresentaram os alelos 230 (RM564) e 203 (RMs8) do controle C101A51. Para Pi33, BRS Biguá, BRS Formoso, C79-272-4-1-2-3-10, Cirad 464 Pi e Irat 124 apresentaram os alelos 87 (RM3507) e 250 (RM544) dos controles Taichung Native 1 e Bala. IR64, cultivar descrita como apresentando o gene Pi33, apresentou alelos distintos dos outros dois controles. Neste trabalho, não foi identificada cultivar que apresentasse os alelos favoráveis do gene Pi1. Entretanto, os resultados indicam a presença dos alelos favoráveis dos genes Pi2 e Pi33 em cultivares adaptadas que podem ser utilizadas como doadoras para o programa de melhoramento. A presença de alelos favoráveis em cultivares adaptadas facilita a introdução desses genes no programa de melhoramento, por seleção assistida por marcadores, uma vez que essas cultivares combinam resistência com boas características agronômicas.

Palavras-chave: *Magnaporthe oryzae*; Seleção assistida por marcadores.

MUTAÇÃO CAUSAL INATIVA A ATIVIDADE ω -3-DESSATURASE DA VARIEDADE CS303TNKCA

Danyelle Barbosa Mayrink^{1*}; Luiz Cláudio Costa Silva¹; Júlia Coelho Condé¹;
Rafael Delmond Bueno¹; Newton Deniz Piovesan¹; Raíssa Gomes de
Andrade¹; Maximiller Dal-Bianco Lamas Costa¹

¹Laboratório de Bioquímica e Genética Molecular de Plantas/DBB-UFV. *E-mail do autor para correspondência: danyelle.mayrink@ufv.br.

A soja (*Glycine max*) é a cultura agrícola cujo cultivo teve maior crescimento pelo mundo nas últimas décadas, sendo importante matéria prima para as indústrias alimentícia e de biodiesel. A fração óleo do grão de soja corresponde, em média, a 20% do grão, sendo composta principalmente por: ácido palmítico (16:0) – 13%, ácido esteárico (18:0) – 4%, ácido oleico (18:1 Δ^9) – 18%, ácido linoleico (18:2 $\Delta^{9,12}$) – 55% e ácido linolênico (18:3 $\Delta^{9,12,15}$) – 10%. Teores elevados de ácidos graxos poli-insaturados levam a baixa estabilidade oxidativa do óleo, reduzindo a qualidade e durabilidade dos grãos e produtos derivados. A reação de conversão de ácido linoleico em ácido linolênico é catalisada pelas enzimas ω -3-dessaturases, codificadas pelos genes *GmFAD3*. A cultivar CS303TNKCA foi desenvolvida pelo PMQS-BIOAGRO/UFV e possui baixo teor de ácido linolênico, que foi associado com uma mutação causal no gene *GmFAD3A*. O objetivo do presente trabalho foi analisar a atividade da ω -3-dessaturase codificada pelos alelos selvagens e mutantes do gene *GmFAD3A* para confirmar o efeito da mutação. Para isto, amplificamos o gene a partir de cDNA de sementes de soja no estágio R6 de desenvolvimento. Os fragmentos gerados e o plasmídeo pYES2 foram digeridos com as enzimas de restrição BamHI e XhoI, para realização da clonagem, utilizando a enzima T4 ligase. As construções geradas foram inseridas em *E. coli*, cepa DH5 α , por choque térmico para a multiplicação e validação do vetor. Leveduras da cepa W303 de *S. cerevisiae* foram posteriormente transformadas com os plasmídeos obtidos, plaqueadas em meio SD-ura e incubadas em estufa por cerca de 3 dias a 28°C/180 giros. Para análise da atividade enzimática, colônias transformadas foram crescidas em meio SD contendo galactose ao invés de glicose para estimular a expressão do gene clonado, a 28°C por 12-16 horas e a 26°C por cerca de 48 horas. Por fim, foram realizadas extrações de lipídios de colônias transformadas com os alelos mutante e selvagem, e com vetor não-clonado, e quantificados por cromatografia gasosa em aparelho Shimadzu GC-2010 Plus. Colônias transformadas com alelo selvagem do *GmFAD3A* produziram 9,86% de ácido linoleico e 4,21% de ácido linolênico. Em contrapartida, colônias transformadas com gene mutante e vetor não-clonado, foram capazes de produzir respectivamente 2,3% e 2,42% de ácido linoleico e não produziram ácido linolênico em níveis detectáveis. Constata-se que a deleção presente no gene *GmFAD3A* da cultivar CS303TNKCA leva à tradução de uma enzima inativa, alterando a síntese de ácido linolênico a partir do ácido linoleico.

Palavra-chave: Soja; *E. coli*; *S. cerevisiae*

OBTENÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE CENOURA (*Daucus carota* L.) ATRAVÉS DE DIFERENTES EXPLANTES E DISTINTAS CONCENTRAÇÕES DE 2,4-DICLOFENOXIACÉTICO

Wellingson Assunção Araújo^{1*}; Denys M. S. C. Souza¹; Raissa R. Santos¹; Joice C. Heidemann¹; Vanessa de Queiroz¹

¹Universidade Federal de Viçosa. E-mail do autor para correspondência: wellingson.araujo@ufv.br.

A cenoura (*Daucus carota* L.) é uma hortaliça cuja raiz destaca-se pelo alto valor nutritivo. A cultura de tecidos pode ser adotada como técnica auxiliar no melhoramento genético desta cultura, através da embriogênese somática. Baseado no fenômeno da totipotência das células, a regeneração *in vitro* possibilita obter plantas idênticas à planta mãe e, conseqüentemente, a propagação em larga escala de muitas espécies. Buscando avaliar o melhor explante e concentração de 2,4-diclofenoxiacético (2,4-D) foi conduzido experimento no laboratório de Cultura de Tecidos do Departamento de Fitotecnia no Setor de Fruticultura – UFV. Como explantes foram utilizadas folhas cotiledonares (“FC”) e raízes (“R”) de cenoura cv. ‘Alvorada Calibrada Média’ previamente desinfestadas e germinadas *in vitro*, em 30 ml de meio de cultivo MS acrescido de 10 gL⁻¹ de sacarose, 100 mgL⁻¹ de mio-inositol e 8 L⁻¹ de ágar, pH ajustado para 5,7 ± 0,1 e autoclavado por 20 min a 121°C e 1,5 atm. Os frascos foram mantidos em sala de crescimento à temperatura de (25 ± 2) °C, sob fotoperíodo de 16h por 15 dias. Após esse período para a obtenção de calos e embriões somáticos, os explantes foram inoculados também em meio MS acrescido com 20 gL⁻¹ de sacarose, 100 mgL⁻¹ de mio-inositol, solidificado com 2,5 gL⁻¹ de phytigel, contendo oito concentrações de 2,4-D (0,125; 0,25; 0,375; 0,5; 0,675; 0,75; 0,875 e 1,0 µM), como controle foi usado meio MS sem a presença do regulador. O experimento seguiu delineamento inteiramente casualizado (DIC), com 3 repetições por tratamento, sendo cada uma composta por uma placa de petri com cinco explantes. As placas foram mantidas em sala de crescimento com temperatura de (27±1)°C no escuro por 30 dias, após esse período foi feita avaliação da porcentagem de calos por placa. Os dados foram analisados através do software R. Os tratamentos que continham as concentrações 0,125; 0,25; 0,375; 0,675; 0,75, do regulador, não diferiram estatisticamente obtendo as maiores médias, porém diferiram das concentrações 0,5; 0,875; 1,0 e do controle que obtiveram médias inferiores nos dois tipos de explantes. As “FC” obtiveram médias similares, mas observou maior número de embriões somáticos. As doses mais altas do regulador podem ter causado toxicidade aos explantes obtendo médias inferiores. Diante dos resultados pode-se concluir que 2,4-D é eficiente na indução de calos e que concentrações entre 0,125 e 0,750 são as mais indicadas para a indução de calos e posterior obtenção de embriões em “FC”.

Palavras-chaves: embriogênese; cultura de tecidos; clonagem.

Agradecimento: FAPEMIG, CAPES.

PREDIÇÃO DE VALORES GENÉTICOS EM CULTIVARES DE FEIJÃO SOB AS ABORDAGENS DE SELEÇÃO GENÔMICA AMPLA, REDE BASE RADIAL E REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

Renato Domiciano Silva Rosado¹; Isabela de Castro Sant'Anna²; Gabi Nunes³; Leiri Daiane Barili⁴, José Eustáquio de Souza Carneiro⁵, Cosme Damião Cruz^{6*}

Universidade Federal de Viçosa – Programas de Pós Graduação: ^{1,3} Estatística Aplicada e Biometria, ^{2, 5, e 6} Genética e Melhoramento e Faculdade Centro Mato Grossense- FACESM⁴

O objetivo foi comparar a eficácia das metodologias de seleção genômica ampla, rede base radial e redes neurais artificiais para predição de genótipos superiores em um conjunto de cultivares de feijão recomendadas no Brasil e detectar a associação de marcadores com locos controladores da produtividade de grãos, stay green, porte da planta e aspecto de grãos. Os experimentos foram conduzidos nas estações experimentais da Universidade Federal de Viçosa, nos municípios de Viçosa e Coimbra, ambos em MG, nas safras da seca e inverno de 2013. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com três repetições e parcelas de quatro linhas de três metros, espaçadas de 0,5 metros. Foram utilizadas 80 cultivares de feijão registradas junto ao MAPA, sendo 40 de grãos tipo Carioca e 40 de grãos pretos. As características avaliadas foram produtividade de grãos, stay green, porte de planta e aspecto de grãos. As extrações de DNA foram realizadas no laboratório de “Análises genéticas - Bioagro” da UFV. Os SNPs utilizados na genotipagem foram validados através do Prelim file, previamente identificados para *Phaseolus vulgaris* e derivados do polimorfismo entre as linhagens BAT477, de origem Mesoamericana, e Jalo EEP558, de origem Andina, foram selecionados para compor o Oligo Pool Assay (OPA) de marcadores SNPs. Foram realizadas análise de variância para dados fenotípicos. As análises biométricas para predição foram: RNA, onde a arquitetura de rede implementada foi a single hidden layer back-propagation com duas camadas ocultas, utilizando de dois a seis neurônios e funções de ativação logsig e tansig., RBF, utilizando o raio ótimo e GWS, por meio do modelo BGLR, todas as metodologias adotadas foram utilizando 80 % dos dados para treinamento e 20 % para validação. Através da anova observou-se variabilidade genética entre as cultivares. Os coeficientes de variação foram de baixa magnitude. Verificou-se que o número de marcas utilizadas no trabalho pode ser pequeno, entretanto existe tendência, em média, que os genótipos mais produtivos também são os que apresentam maiores valores genômicos preditos. A maior acurácia do processo seletivo dos valores fenotípicos com base em valores de saída da RNA se traduziram em maior eficiência do processo seletivo dos valores genotípicos.

Palavras-chave: Melhoramento de feijão, acurácia e SNPs

Agradecimentos: A Fapemig, CNPq e CAPES pelo apoio financeiro para a pesquisa.

PREDICTIVE ABILITY OF G-BLUP MODEL IN A TETRAPLOID SEXUAL POPULATION OF *Panicum maximum*

Letícia Aparecida de Castro Lara¹; Jhonathan Pedroso Rigal dos Santos¹;
Mateus Figueiredo Santos^{2*}; Lucimara Chiari²; Mariane de Mendonça Vilela²;
Liana Jank²; Antonio Augusto Franco Garcia¹

¹“Luiz de Queiroz” College of Agriculture (ESALQ/USP); ²Embrapa Beef Cattle;
*Corresponding author: mateus.santos@embrapa.br.

The production of *Panicum maximum* hybrid cultivars depends on the availability of improved sexual parents over time and, because that, Embrapa Beef Cattle has been conducting a recurrent selection program in a tetraploid sexual population of this species. Genomic selection (GS) is a promising strategy to accelerate breeding cycles and increase the accuracy of selection in the recurrent selection program. With the advent of Genotyping-by-Sequencing (GBS), a high number of SNPs can be obtained, which allows more efficient use of GS. In addition, several predictive models have been suggested for the prediction of genotypic values based on large-scale phenotypic and genomic data. The aim of this work was to apply the G-BLUP model in a sexual *P. maximum* population to evaluate the feasibility of GS in a recurrent selection program. The population consists of 530 plants obtained from a polycross among 19 parents. Leaf dry matter (LDM) and percentage of leaf blade (PLB) were measured in eight cuts, in an augmented block design. The sequencing was performed in a NextSeq 500 platform considering 96-plex and PstI restriction enzyme for constructing the libraries. Raw data was analyzed using Tassel-GBS pipeline modified for polyploids. Tetraploid allelic dosage of 41,424 SNPs were performed in SuperMASSA software. G-BLUP model was analyzed in R package sommer, and its predictive ability was estimated by 5-folds cross-validation, repeated 1,000 times and calculated as Pearson correlation between observed and predicted phenotypes. Predictive ability of G-BLUP model together with its upper and lower limit were 0.2101 (0.1707 and 0.2504) for LDM and 0.3015 (0.2635 and 0.3408) for PLB. Although these values are of low to medium accuracy, this is the first work of GS in *P. maximum* which uses a high throughput genotyping and considers tetraploid allelic dosage in the predictive model. We conclude that GS may lead to additional gains in recurrent selection program of *P. maximum*. However, further studies are needed to investigate other predictive models with inclusion of tetraploid allelic dosage.

Keywords: Forage Breeding; Prediction; Genomic Selection.

Acknowledgments: FAPESP, grants 2016/01279-7 and 2015/20659-2, EMBRAPA and UNIPASTO.

PRODUÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS POLIPLÓIDES DE *Passiflora* OBTIDOS *IN VITRO* VISANDO À OBTENÇÃO DE VARIEDADES ORNAMENTAIS

Jôsie Cloviane de Oliveira Freitas^{1*}; Weliton Ferreira dos Santos¹; Margarete Magalhães de Souza²; Pedro Paulo Amorim Pereira²; Susam Lenni da Silva Perreira²; Lívia Santana dos Santos²; Marcio Gilberto Cardoso Costa²

¹Universidade Estadual de Goiás - UEG, *campus* Posse. ²Universidade Estadual de Santa Cruz - UESC. *E-mail do autor para correspondência: Cloviane.agro@gmail.com

A poliploidia induzida pode ser uma poderosa ferramenta para o melhoramento genético. Em espécies ornamentais, a poliploidia ocasionou aumento de tamanho das estruturas vegetativas e flores de maior valor comercial. O presente trabalho teve como objetivo obter, híbridos interespecíficos poliploides de passifloras visando à obtenção de plantas com potencial ornamental. O experimento foi conduzido utilizando-se progênies dos cruzamentos *P. vitifolia* x *P. hatschbachii* e *P. coccinea* x *P. hatschbachii*. As sementes tiveram os tegumentos retirados e foram desinfetadas utilizando-se álcool etílico a 70% durante 1 minuto, e imersas em solução de hipoclorito de sódio a 2,5% com Tween 20 a 1%, durante 10 minutos. Sendo colocadas para germinar em meio de cultura MS, com metade das concentrações dos sais básicos, com vitamina B5. Dez sementes de cada tratamento foram colocadas para germinar em placa de petri, totalizando três placas por tratamento. As placas foram mantidas em BOD no escuro, com temperatura de 27°C. Aos 13 dias após a germinação, cada semente germinada de cada tratamento, obtendo-se plântulas com hipocótilos bastante desenvolvidos, teve o hipocótilo cortado em 10 segmentos. Os segmentos dos hipocótilos foram inoculados no meio MS completo e contendo 25µ mol de colchicina, sendo dez explantes por placa. As placas foram colocadas em câmara de crescimento com fotoperíodo de 16 h e temperatura de 27°C. Dois dias após a inoculação dos fragmentos de hipocótilo em meio MS com 25µ mol de colchicina e acomodados em câmara de crescimento a 27°C e fotoperíodo de 16 h, observou-se que alguns fragmentos encontravam-se com coloração esverdeada. E 7 dias após a inoculação dos fragmentos, alguns já apresentavam a formação de calos nas extremidades. Alguns fragmentos permaneceram em meio MS contendo 25µ mol de colchicina, durante um período de 15 dias, enquanto outra parte permaneceu em meio MS contendo 25µ mol de colchicina durante 30 dias, sendo subsequentemente transferidos para meio MS sem colchicina, apenas com BAP 1mg L⁻¹. Aos 47 dias após as plântulas serem transferidas para meio MS acrescido de 1mg L⁻¹ de ácido giberélico, não foi observada a formação de raízes, entretanto, as plântulas encontravam-se com a parte aérea bastante desenvolvida, possuindo de 3 a 6 folhas verdadeiras, e algumas apresentavam gavinhas. Desta forma, um novo protocolo deverá ser testado.

Palavras-chave: cultura de tecido; maracujazeiro; melhoramento

Agradecimentos: CNPq; FAPESB; UESC; Grupo *Passiflora* UESC.

REGENERAÇÃO DE MERISTEMAS DA BASE FOLIAR DE CANA-DE-AÇÚCAR COM O USO DE AUXINAS, CITOCININAS E FENIL-UREIAS.

Wellingson Assunção Araújo¹; Rachel Soares Ramos¹; Márcio Henrique Pereira Barbosa¹

¹ Universidade Federal de Viçosa. Wellingson.araujo@ufv.br

A cana-de-açúcar é um produto totalmente aproveitável. A partir dela pode-se obter açúcar, etanol e cogeração de energia elétrica através da queima do bagaço. A micropropagação é uma aplicação prática da cultura de tecidos, pois pode levar a aceleração dos métodos convencionais de propagação vegetativa. Para a cana-de-açúcar a propagação *in vitro* é bastante vantajosa, considerando problemas enfrentados na multiplicação rápida de material selecionado em programas de melhoramento. Com base nisso o objetivo do trabalho é desenvolver um protocolo eficiente para a regeneração de meristemas da base foliar de cana-de-açúcar com o uso de auxinas, citocininas e fenil-ureias para que esse pudesse ser usado na propagação e na regeneração de plantas transformadas. O trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Cultura de Tecidos no setor de Fruticultura do Departamento de Fitotecnia - UFV. Como material vegetal foi usado bases foliares da cultivar RB867515 previamente estabelecidos *in vitro*, estes foram excisados e transferidos para meios de regeneração em placas de Petri. O meio usado foi o MS (Murashige & Skoog, 1962) sólido, suplementados com 30 gL⁻¹ de Sacarose, 2,5 g de Phytigel e combinações de benzilaminopurina (BAP), α -naftalenoacetico (ANA) e Tiadizuron (TDZ), formando os seguintes tratamentos: T1 - 0 μ M BAP, 0 μ M ANA, 0 μ M TDZ; T2 - 0 μ M BAP, 5 μ M ANA, 0 μ M TDZ; T3 - 9 μ M BAP, 0 μ M ANA, 0 μ M TDZ; T4 - 9 μ M BAP, 5 μ M ANA, 0 μ M TDZ; T5- 0 μ M BAP, 0 μ M ANA, 2 μ M TDZ; T6- 0 μ M BAP, 5 μ M ANA, 2 μ M TDZ; T7- 9 μ M BAP, 0 μ M ANA, 2 μ M TDZ; T8- 9 μ M BAP, 5 μ M ANA, 2 μ M TDZ; T9- 0 μ M BAP, 0 μ M ANA, 9 μ M TDZ; T10- 0 μ M BAP, 5 μ M ANA, 9 μ M TDZ; T11- 9 μ M BAP, 0 μ M ANA, 9 μ M TDZ; T12- 9 μ M BAP, 5 μ M ANA, 9 μ M TDZ; T13- 0 BAP, 0 μ M ANA, 27 μ M TDZ; T14- 0 μ M BAP, 5 μ M ANA, 27 μ M TDZ; T15- 9 μ M BAP, 0 μ M ANA, 27 μ M TDZ; T16 - 9 μ M BAP, 5 μ M ANA, 27 μ M TDZ. A partir dos tratamentos foi avaliada a regeneração de brotos, o crescimento e o desenvolvimento destes através da altura e do número de brotos por explante. O experimento foi montado em delineamento inteiramente casualizado com três repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias foram comparadas pelo teste aglomerativo de Scott-Knott a 5% de probabilidade, usando o software R. como resultados os tratamentos 6 e 16 foram superiores pois apresentaram melhor regeneração e melhor desenvolvimento dos brotos. Observou-se também que altas concentrações de TDZ causam envidramento e que a manutenção dos explantes nestas levam a diminuição do número de brotos viáveis, por isso indica-se o tratamento 6 para a organogênese direta através de meristemas de base foliar, pois esse tratamento possui menor concentração de TDZ.

Palavras chave: Micropropagação; Cultura de tecidos; Organogênese.

REGRESSÃO QUANTÍLICA REGULARIZADA APLICADA À SELEÇÃO GENÔMICA

Ana Carolina Campana Nascimento^{12*}, Moysés Nascimento¹²; Fabyano Fonseca e Silva¹³; Camila Ferreira Azevedo¹²; Laís Mayara Azevedo Barroso¹²; Ithalo Coelho de Sousa¹²; Cosme Damião Cruz⁴

¹Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico (LICAE), Universidade Federal de Viçosa (UFV), MG.²Departamento de Estatística, UFV.³Departamento de Zootecnia, UFV.⁴Laboratório de Bioinformática, UFV.*E-mail do autor para correspondência: campanaac@gmail.com

Seleção Genômica (SG) é uma variante da seleção assistida por marcadores, na qual marcadores cobrindo todo o genoma são utilizados para predizer o mérito genético do cultivar. SG tem sido utilizada com sucesso, principalmente aumentando a acurácia de predição dos valores genéticos. Embora vários métodos tenham sido propostos para estimar o valor genético em SG, poucas metodologias são delineadas para alguns desafios estatísticos como a falta de normalidade (por exemplo, distribuições de valores fenotípicos que apresentam assimetria). Além disso, os métodos tradicionais de SG são baseados em uma relação funcional dada pela média da característica condicionada aos marcadores, $E(Y|X)$, o que pode não ser a melhor estratégia em todas as situações. Uma solução interessante para essa questão, é o uso da regressão quantílica (RQ). Diferentemente das outras metodologias, a RQ se baseia em quantis condicionais, $Q_{\tau}(Y|X)$, ou seja, é possível ajustar modelos para todas as partes da distribuição de probabilidade da característica permitindo um estudo mais informativo da relação funcional entre as variáveis. Essa característica da RQ permite escolher a melhor função para representar a relação funcional entre a variável dependente (fenótipo) e independente (marcadores). Diante do apresentado esse trabalho teve por objetivo apresentar e avaliar uma abordagem para predição de valores genéticos baseado em Regressão Quantílica Regularizada (RQR). O termo “regularizada” se deve a necessidade da utilização de metodologias que tratem o problema da alta dimensionalidade encontrados em SG. Foram simulados dados de 1.000 indivíduos e, o genoma simulado possui 1.500 marcadores, dos quais apenas três apresentam grandes efeitos. Foram simulados 3 cenários com diferentes níveis de assimetria dos valores fenotípicos. Análises foram realizadas considerando o LASSO Bayesiano (BLASSO) e três modelos de RQR (quantis 0,25; 0,5 e 0,75). De maneira geral, os modelos de RQR ajustados apresentaram melhores resultados comparados com aqueles obtidos pelo BLASSO, visto uma redução dos valores de Erro Quadrático Médio (EQM) quando os modelos considerando os quantis 0,75 e 0,25 foram ajustados para distribuições de valores fenotípicos com distribuições assimétrica negativa e positiva, respectivamente.

Palavras-chave: efeito de marcadores; quantis condicionais; regularização.

Agradecimentos: Os autores agradecem a FUNARBE, FAPEMIG, CNPq e Capes.

SACAROSE E CARVÃO ATIVADO NO CRESCIMENTO *IN VITRO* DE MANJERICÃO ROXO – RED RUBIN

Andressa Bezerra Nascimento^{1*}; Flávio Julian da Silva Ferrari¹; Jéssica Rezende Trettel¹; Meire Pereira de Souza¹; Héliida Mara Magalhães¹

¹Universidade Paranaense - UNIPAR. *E-mail do autor para correspondência: andressa.bnascimento@hotmail.com.

O manjericão roxo 'red rubin' é uma cultivar de *Ocimum basilicum* que apresenta flores rosas, folhas e caule roxo. No entanto carece de várias informações básicas que vão do cultivo até o emprego de técnicas mais sofisticadas como as biotecnológicas necessárias a programas de melhoramento. Objetivou-se com esse trabalho avaliar o crescimento em diferentes concentrações de carvão e sacarose de plântulas do manjericão 'red rubin' cultivadas *in vitro*. Após a assepsia, as sementes foram inoculadas em duas concentrações de sacarose 30g/L e 60g/L combinadas com três concentrações de carvão ativado (CA) 0, 3,0 e 4,5 g/L. O meio utilizado foi MS (Murashige e Skoog), acrescido de dois reguladores de crescimento 0,5 µM benzilaminopurina (BAP), 1,0 µM de ácido naftalenoacético (ANA), 6,6 g/L de ágar e pH de 5,8. As plântulas foram mantidas até 91 dias em sala de crescimento com luz e temperatura de 25 °C. A ausência de carvão ativado foi negativa para o número de folhas, oxidação das plântulas, comprimento da parte aérea e massa seca e fresca da parte aérea. Para a oxidação de plantas a maior porcentagem ocorreu na dose de 3,0 g/L de CA (45%), sendo observada uma redução de mais de 30% de plântulas oxidadas na concentração de 4,5 g/L. O número de folhas, comprimento e massa fresca e seca da parte aérea foram beneficiados nas concentrações de 4,5 g/L de carvão ativado. A presença de calos foi observada em 100% nas plântulas cultivadas com ausência do carvão. O efeito da interação entre o carvão ativado e a sacarose influenciou no acúmulo de Cu e Zn da parte aérea. Para o Cu na concentração de 4,5 g/L de carvão independentemente da concentração de sacarose houve queda na assimilação desse nutriente. Observou-se que a concentração da sacarose influencia no acúmulo de cobre na planta. A deficiência de Zn promove redução na atividade enzimática de importantes processos metabólicos. Já a deficiência de Cu compromete a atividade de algumas enzimas necessárias na oxidação e hidroxilação de componentes fenólicos. Dessa forma, a dose usual de sacarose 30 g/L é a melhor indicada combinada com a adição de 4,5 g/L de carvão ativado. Isso permite um melhor desenvolvimento das plântulas e inibiu formação de calo. O carvão ativado limitou a absorção de Cu e Zn pelas plântulas de *O. basilicum*, no entanto isso não foi o suficiente para comprometer o desenvolvimento das mesmas.

Palavras-chave: *Ocimum basilicum*, Lamiaceae, cultura de tecidos, meio de cultura

SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES DE CAFEIROS RESISTENTES A FERRUGEM E ANTRACNOSE DOS FRUTOS

Francielle de Matos Feitosa¹; Dênia Pires de Almeida¹; Laércio Zambolim¹; Antonio Alves Pereira²; Antonio Carlos Baião de Oliveira^{2,3}; Eveline Teixeira Caixeta^{1,3}

¹ Universidade Federal de Viçosa-MG

² Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, EPAMIG-MG

³ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA Café-DF

No melhoramento genético de plantas, marcadores moleculares têm sido utilizados como estratégia para auxiliar a incorporação de genes de resistência a doenças em variedades em desenvolvimento. Com o uso da seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) é possível identificar variações na sequência do DNA que estejam próximas ou no gene e utilizá-las para rastrear esses genes nas populações de melhoramento. Nesse trabalho, objetivou-se usar a SAM para selecionar genótipos portadores de genes de resistência a diferentes raças de *Hemileia vastatrix*, fungo causador da ferrugem, e de gene de resistência a antracnose dos frutos (*Coffea Berry Disease* - CBD). Para ferrugem foram usados quatro marcadores associados ao gene S_H3 que confere resistência a todas as raças do fungo encontradas no Brasil e três marcadores ligados a dois QTL que correspondem a genes maiores de resistência as raças I, II e patótipo001. Dois marcadores flanqueando o gene *Ck-1* de resistência ao CBD também foram analisados. Foram extraídos DNAs de 40 indivíduos de uma população originada de cruzamentos de variedades comerciais e seleções indianas portadoras do gene S_H3 . Após a genotipagem, os cafeeiros foram analisados quanto a presença de um ou mais genes de resistência, considerando presença do gene quando todos os marcadores associados a ele estivessem presentes. Como os marcadores analisados estão flanqueando os genes, essa estratégia evita que o indivíduo tenha a marca e por recombinação tenha perdido o gene, aumentando a eficiência de seleção. Com base nos marcadores, observou-se que dos 40 cafeeiros da população, 27 possuem o gene S_H3 , sendo 11 deles homozigotos dominantes. Um cafeeiro é portador dos dois QTL para resistência as raças I, II e patótipo001 de *H. vastatrix* e do gene para resistência ao CBD. Além desse, outros dois cafeeiros são homozigotos dominantes para o gene de resistência ao CBD, mas não apresentam genes para a resistência a ferrugem. Esses genótipos foram selecionados para avanço de geração e hibridação para piramidação de genes visando resistência múltipla. A SAM realizada permitiu selecionar indivíduos promissores para o programa de melhoramento do cafeeiro.

Palavras-chave: *Coffea arabica*; *Hemileia vastatrix*; *coffea berry disease*

Agradecimentos: Consórcio de Pesquisa do Café (CBP&D/Café), Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia do Café (INCT-Café), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

SELEÇÃO DE *PRIMERS* ISSR POLIMÓRFICOS PARA ANÁLISE GENÉTICA POPULACIONAL EM *Cucumis anguria* L.

Suzana Silva^{1*}; Ioná Holanda¹; Glauber Nunes¹; Ricardo Silva¹; Shamyra Silva¹; Rosecleide Silva¹; Anna Brito¹.

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido,* suzanamarjorie@gmail.com

O maxixe (*Cucumis anguria* L.) pertencente à família Curcubitácea, é cultivado em diversas regiões de climas tropical e subtropical, uma vez que apresenta considerável adaptabilidade a condições adversas. No Brasil é bastante consumido nas regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste, devido seu fruto apresentar-se de grande potencial para alimentação humana, pois é uma fonte valiosa de vitaminas e sais minerais. Os programas de melhoramento genético têm utilizado marcadores moleculares, tal como o ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) como uma importante ferramenta auxiliar, por propiciar a identificação da diversidade genética entre os indivíduos trabalhados. O objetivo do presente trabalho foi realizar a seleção de *primers* ISSR polimórficos em maxixe e conseqüentemente aperfeiçoar as condições de amplificação dos mesmos. A partir das amostras de DNA 07 e 20 de cultivares fenotipicamente contrastante foi extraído o DNA de suas folhas pelo método CTAB com modificações. Posteriormente foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 1% (p/v) corado com brometo de etídeo (10mg/mL) para quantificação e análise da integridade das amostras de DNA. As amostras foram diluídas a concentração de 10 ng/μL para realização testes de PCR (Reação em cadeia da polimerase) com 25 *primers* ISSR, utilizando a programação: 4 minutos a 94°C para desnaturação inicial, seguindo-se de 35 ciclos de desnaturação a 94°C por 40 segundos, anelamento de 40°C ou 45°C, dependendo do *primer*, 1 minuto a 72°C (extensão) e extensão final a 72°C por 2 minutos. Os produtos da PCR foram submetidos a eletroforese em gel de agarose a 2,5 % (p/v) corado com brometo de etídeo (10 mg/mL) e a corrida realizada a 120 Volts por aproximadamente 2 horas e 30 minutos. Em seguida os géis foram visualizados no transluminador e fotodocumentados, as imagens foram analisadas quanto a condição da presença e ausência dos fragmentos amplificados. A partir das análises dos 25 *primers* utilizados, nove apresentaram um bom padrão de amplificação, com fragmentos nítidos. Os *primers* ISSR 03, ISSR 05, ISSR 09, ISSR 10, ISSR 12 e ISSR 14 amplificaram regiões polimórficas numa temperatura de anelamento a 40 °C. Já os *primers* ISSR 16, ISSR 24 e ISSR 25 identificaram regiões polimórficas à uma temperatura a 45°C. O *primer* ISSR 24 apresentou maior número bandas polimórficas em comparação com os outros *primers* selecionados. Estes dados poderão ser utilizados em futuras análises de caracterização molecular de genótipos de maxixe, bem como na seleção assistida visando o melhoramento genético dessa espécie.

Palavras-chave: Maxixe; DNA; Marcadores.

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CUPUAÇUZEIRO, EM SISTEMA AGROFLORESTAL COM MOGNO AFRICANO, NO MUNICÍPIO DE TOMÉ-AÇU

Rafael Moysés Alves^{1*}; Abel Jamir Ribeiro Bastos²; Thalita Gomes dos Santos²;
Jack Loureiro Pedroza Neto²

¹Embrapa Amazônia Oriental. ²Universidade Federal Rural da Amazônia.
*rafael.moyses-alves@embrapa.br.

O cupuaçuzeiro é uma das fruteiras mais atrativas da região amazônica, sendo que nas últimas três décadas, com o aumento da demanda pelos frutos, a exploração do cupuaçuzeiro passou de extrativista para o cultivo em plantios comerciais. Objetivou-se neste trabalho avaliar o desenvolvimento vegetativo, a produção de frutos e ocorrência de vassoura de bruxa em 11 progênies de cupuaçuzeiro instaladas em experimento de campo, com vistas a identificar e selecionar os genótipos mais promissores. O experimento foi instalado em 2005 em uma propriedade de produtor rural no município de Tomé Açu - PA. O cupuaçuzeiro foi plantado no espaçamento de 6 x 4 m, consorciado com pimenta-do-reino (2 x 2 m), bananeira (6 x 4 m) e mogno africano (18 x 10 m). O experimento obedeceu ao delineamento experimental em blocos casualizados, com 11 tratamentos (progênies de cupuaçuzeiro), cinco repetições e três plantas por parcela. Foi avaliado o desenvolvimento vegetativo inicial (altura e diâmetro) nos dois primeiros anos de campo (2006 e 2007), a média da produção de frutos/planta em seis safras (10/11, 11/12, 12/13, 13/14, 14/15 e 15/16) e o percentual de plantas atacadas por vassoura de bruxa na última safra. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de médias com o auxílio do programa Genes. Para a produção de frutos foram destaques sete progênies de cupuaçuzeiro: 2, 3, 31, 35, 39, 46 e 55, e que não apresentaram diferenças significativas entre si. A média geral do experimento ficou em 12,1 frutos, com valor médio máximo observado para a progênie 35 com 14,5 frutos/planta/safra. A análise do desenvolvimento vegetativo permitiu observar valores de altura entre 1,37 e 2,22 m, após dois anos de campo. Dessas progênies, cinco apresentaram os maiores valores: 2, 10, 31, 35 e 55. Destaque, novamente, para a progênie 35 com maior valor médio observado. Para o diâmetro do caule, quatro progênies: 10, 31, 35 e 55 destacaram-se das demais. A ocorrência de vassoura de bruxa registrada foi baixa de modo geral no plantio. Apenas os materiais 39 e 55 apresentaram alguma planta infectada pelo patógeno, resultando em pouco mais de 8% de plantas atacadas. A avaliação das progênies de cupuaçuzeiro permitiu selecionar as progênies 31 e 35 que mostraram ser as mais promissoras tanto em seu desenvolvimento vegetativo quanto na produção de frutos, além de maior resistência à vassoura de bruxa, podendo indicar a boa potencialidade desses genótipos para a formação de híbridos e dar continuidade ao programa de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: *Theobroma grandiflorum*, produção, vassoura de bruxa.

SELEÇÃO GENÔMICA USANDO GENOTIPAGEM DE BAIXA SATURAÇÃO EM POPULAÇÕES SIMULADAS DE CAFEIRO

Juan Vicente Romero^{1*}; Leonardo Lopes Bhering¹; Cosme Damião Cruz²;
Eveline Teixeira Caixeta³

¹Departamento de Biologia Geral, Laboratório de Biometria, Universidade Federal de Viçosa (UFV). ²Departamento de Biologia Geral, Laboratório de Bioinformática, Bioagro-UFV. ³Embrapa Café, Laboratório BioCafé, Bioagro-UFV. * juanvicente.romero@gmail.com.

A seleção genômica (SG) tem comprovado alta eficiência preditiva, o que conduz ao aumento na eficácia de seleção. O ponto crítico para sua aplicação rotineira é o custo da genotipagem. Além disso, em *Coffea arabica* é trabalhoso alcançar alta densidade de marcadores moleculares, pela baixa taxa de polimorfismo. Limitar o número de marcadores, mantendo a acurácia adequada facilitaria a genotipagem e reduziria custos, tornando aproveitáveis os métodos da SG. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência da SG no melhoramento de características oligogênicas em *C. arabica*, utilizando baixa cobertura de marcadores e tamanho populacional reduzido. O estudo foi realizado com a análise de populações simuladas em vários cenários, monitorando os processos até a sexta geração de seleção e autofecundação. Foram avaliadas duas características controladas por quatro genes, com 40% e 80% de herdabilidade, em cenários com sete densidades de marcadores e cinco tamanhos populacionais. Os valores genéticos genômicos dos indivíduos foram preditos com os métodos BLASSO e RR-BLUP. Foram analisadas duas intensidades de seleção e o uso de marcadores dominantes versus codominantes. Em cada cenário foram estimados: coeficiente de endogamia, média e variância genotípica, capacidade preditiva e capacidade seletiva. Foram considerados viáveis os cenários em que os alelos favoráveis foram fixados até a sexta geração, utilizando o mínimo de marcadores e o menor tamanho populacional. Quatro resultados aumentaram a eficácia seletiva: o uso de marcadores codominantes, o método RR-BLUP, alta da intensidade de seleção e a seleção de marcadores. Nas duas características os alelos foram fixados na sexta geração, quando foram usadas distâncias entre marcadores de até 6 cM e populações de pelo menos 200 indivíduos. Com 400 indivíduos a fixação foi possível na geração F₅, com as mesmas distâncias entre marcadores. Nas condições mencionadas, os métodos da SG podem ser utilizados para a seleção de características oligogênicas em *C. arabica*. Os benefícios estão no ganho genético, pelo aumento na acurácia e na intensidade de seleção, e no aumento da eficiência do uso de recursos na genotipagem e fenotipagem. Porém, em *C. arabica* a dificuldade de conseguir marcadores codominantes e/ou o uso de densidades em que regiões codificadoras não sejam marcadas, são os principais inconvenientes para a utilização da SG nos cenários avaliados.

Palavras-chave: *Coffea arabica*; Características Oligogênicas; RR-BLUP.

Agradecimentos: Ao programa PEC-PG, CAPES, CNPq e FAPEMIG.

SIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MACIEIRA COM BASE EM MARCADORES MOLECULARES

Maraisa Crestani Hawerth^{1*}; Thyana Lays Brancher²; Marcus Vinícius Kvitschal¹

¹Epagri. Abílio Franco, 1500, Bom Sucesso, 89500-000, Caçador-SC. ²UFLA. Doutor Sylvio Menicucci, 1001 - Kennedy, 37200-000, Lavras - MG. *E-mail do autor para correspondência: maraisahawerth@epagri.sc.gov.br.

A avaliação da distância genética entre genótipos de macieira constituintes de coleções de germoplasma via marcadores moleculares é uma ferramenta importante para auxiliar na definição de cruzamentos dirigidos, objetivando a ampliação da variabilidade genética a ser explorada via melhoramento genético. Objetivou-se avaliar a similaridade genética entre genótipos de macieira de importância para o Programa de Melhoramento Genético de Macieira da Epagri (SC) a partir de marcas polimórficas geradas com o uso de iniciadores SSR (*Simple Sequence Repeat*). Foram avaliados 48 genótipos de macieira do BAG-maçã da Epagri de Caçador-SC. As amostras de DNA foram obtidas com uso do Kit FastDNA® SPIN (MPBio) ajustado para *Malus sp.*. Nas reações de PCR utilizou-se 12 conjuntos de iniciadores: CH04g10, CH05d11, CH05e03, CH02d08, CH02c11, CH01f02, GD12, CH04c07, CH01h01, GD147, Hi02c07 e CH04e03. Após eletroforese em agarose 3%, os fragmentos amplificados foram avaliados, originando uma matriz binária. A partir da matriz de similaridade genética gerada com base no Coeficiente de Jaccard foi construído o dendrograma de agrupamentos pelo método UPGMA. As reações de PCR revelaram 52 bandas polimórficas. No geral, os 48 genótipos de macieira apresentaram similaridade variando no intervalo de 0,18 e 0,79 (similaridade média igual a 0,39). Com base na similaridade média foram formados cinco agrupamentos. Prima, Red Free e D2R40T253 foram alocados em um único grupo, assim como os genótipos D2R30T30, Coop-8, *Malus floribunda* e 21-373-58. Um terceiro agrupamento foi constituído por D1R98T486, Jona Free, Liberty, Fuji Precoce, Primícia, Duquesa, NJ 44 e NJ 45. Outro grupo foi formado pelos genótipos Bonita, Eva, Granny Smith, NJ 46, NJ 47, NJ 50, NJ 51, NJR 75, Sansa, Akane e Lisgala. O maior agrupamento foi formado por D1R102T116, D1R63T94, D1R103T245, NJ 49, NJR 74, NJR 76, NY-58533-1, Vered, 21-503-1, 21-300-13, 21-555-13, 21-300-21, 21-379-64, 21-361-75, Coop-14, Coop 16, Coop 24, Florina, Priam, Mac Free, Nova Easygro e Priscila. Foi identificado diferentes níveis de similaridade genética entre os genótipos, revelada pelos perfis moleculares a partir da adoção dos iniciadores SSR. Cruzamentos entre genótipos pertencentes a diferentes grupos apresentam o potencial de ampliação da variabilidade genética, enquanto que cruzamentos entre indivíduos geneticamente mais semelhantes, presentes num mesmo grupo, são capazes de gerar progênies de indivíduos geneticamente mais similares. Logo, o uso de marcadores SSR pode auxiliar na identificação de combinações capazes de proporcionar maior heterozigose e efeito heterótico na progênie e, por isso, com maior probabilidade de recuperação de genótipos transgressivos.

Palavras-chave: BAG-maçã; Melhoramento genético

Agradecimentos: À FAPESC, EPAGRI, Embrapa e UDESC.

TESTE DE AMPLIFICAÇÃO DE PRIMERS SSRs DESENHADOS PARA REGIÕES ALVO PARA A RESISTÊNCIA A *Meloidogyne* sp.

Aryanny Irene Domingos de Oliveira¹; Solange Aline de Carvalho¹; Rafaela Ribeiro Brito¹; Letícia de Maria Mendes Oliveira¹, Juliana Oliveira da Silva¹, Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes^{1*}

¹Instituto Federal Goiano Campus Urutaí. *ivan.menezes@ifgoiano.edu.br

O feijão comum, *Phaseolus vulgaris*, é líder de produtividade e consumo no Brasil, ocupando assim uma posição de destaque no cenário agrícola nacional. Porém, doenças que acometem essa cultura, como por exemplo, nematoides de galha, acentuam o decréscimo quanto à demanda de abastecimento do mercado interno, fazendo-se necessário o uso, e a exploração, de variedades resistentes a *Meloidogyne* sp. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi testar a amplificação e otimizar a temperatura de anelamento de marcadores microssatélites desenhados para regiões alvos e associadas a genes de resistências, para seleção assistida. Nove pares de primers SSRs foram selecionados para otimização de sua amplificação. Estes pares de primers foram desenhados a partir de regiões genômicas alvos de feijão comum homologas à seis genes identificados (EREBP, Ext1, Ext2, Rhg1, Rhg4, Rmi1) associados à resistência ao nematoide de galha em soja. Para os testes de otimização foi usando o DNA genômico de um único genótipo de feijão comum extraído usando SDS 20%. A PCR foram conduzidas em gradiente para 12 temperaturas de anelamento com variação para mais e para menos de 1°C a partir da temperatura de melting. Cada reação foi preparada para um volume final de 13 µL, contendo 10 ng, 1x de tampão (50 mM de KCl, 10 mM Tris-HCl pH 8,3 e 1,5 mM de MgCl₂), 0,3 mM de cada primer, 0,25 mM de dNTP e 1 U de Taq DNA polimerase. Os produtos da PCR separados por eletroforese em gel de poliacrilamida 6% e corado por nitrato de prata. Todos os pares de primers amplificaram, gerando produtos nítido e específicos de PCR entre 200 a 350 pb. As temperaturas de anelamento otimizadas variaram de 50.5°C à 59°C, para nove pares de primers, sendo respectivamente: 50.5°C, primer 02, 59°C, primer 03 e 26, 52.5°C, primer 06, 56 °C, primer 09, 58°C, primer 15, 51 °C, primer 20, e 52 °C, primer 25. Com estes resultados parciais, pode-se confirmar a funcionalidade de nove marcadores SSRs candidatos à resistência a *Meloidogyne* sp. em feijão, que no futuro próximo estarão disponíveis para seleção assistida em programas de melhoramento.

Palavras-chave: *P. vulgaris*; transferibilidade genômica; SSR-EST

THE FIRST GENOTYPING BY SEQUENCING IN AN INTERESPECIFIC POPULATION OF *Urochloa decumbens*

Rebecca Caroline Ulbricht Ferreira^{1*}; Letícia Aparecida de Castro Lara²;
Lucimara Chiari³, Sanzio Carvalho Lima Barrios³; Cacilda Borges do Valle³,
Antonio Augusto Franco Garcia²; Anete Pereira de Souza^{1,4}

¹Center for Molecular Biology and Genetic Engineering (CBMEG), University of Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brazil. ²Department of Genetics, ESALQ, University of São Paulo (USP), Piracicaba, SP, Brazil. ³Embrapa Beef Cattle, Brazilian Agricultural Research Corporation, Campo Grande, MS, Brazil. ^{1,4}Plant Biology Department, Biology Institute, UNICAMP, Campinas, SP, Brazil. *rebecca.ulbricht@gmail.com

Forage grasses of the African genus *Urochloa* (syn. *Brachiaria*) are the basis of Brazilian beef production, therefore genomic studies are essential to advancing breeding programs via a better understanding of the genetic structure of the species. Genomics approaches, such as genetic mapping and genome-wide selection, require many molecular markers distributed throughout the plant genome. Genotyping by sequencing (GBS) is a multiplexed, high-throughput, and low-cost approach that allows to discover and genotype thousands to millions of SNPs simultaneously. The discovery and application of a large number of SNPs in *U. decumbens*, an agronomically important polyploid forage grass, will improve the efficiency and accuracy of selection in *Urochloa* breeding. The objective of the present work was to construct and sequence GBS libraries for an interspecific F₁ population of *U. decumbens*. To accomplish this, DNA sample of 240 F₁ progenies and two parents tetraploids was isolated with a DNeasy 96 Plant Kit (Quiagen) and quantified with a Qubit fluorometer (Thermo Fisher). Complexity-reduced genomic libraries were prepared using the restriction endonuclease NsiI (ATGCAT). Libraries were sequenced as 150-bp single-end reads on the Illumina NextSeq 500 platform. We obtained a total of 1,183,089,925 sequence reads covering 390 Gb of sequence data, with an average about 4M reads per sample, of which 94% presented reads with high-quality bases (phred score 20). With the obtained results, it is evident the high quality of the sequences generated reinforcing the efficiency of the GBS library protocol and sequencing platform used. Validated SNPs will be used to construct the first genetic linkage map for an interspecific F₁ population of *U. decumbens*, as well as the quantitative trait loci (QTL) mapping. Information collected from this study will be integrated into traditional breeding strategies to accelerate and improve the development of superior *Urochloa* cultivars.

Keywords: GBS; polyploid; signal grass.

Acknowledgements: The Fundação de Amparo à Pesquisa de SP (FAPESP) and the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES-Computational Biology Program) for grants; the Embrapa Beef Cattle for providing the *Urochloa* genotypes used.

TRANSCRIPTOME ANALYSIS AND CHARACTERIZATION OF GENES INVOLVED IN DITERPENE BIOSYNTHESIS *in coffea arabica*

Suzana T. Ivamoto^{1,4*}; José M. Celedón²; Cintia S. G. Kitzberger³; Maria B. S. Scholz³; Jörg Bohlmann²; Douglas S. Domingues⁴; Luiz Filipe P. Pereira⁵

¹Universidade Estadual de Londrina, Brazil. ²University of British Columbia, Vancouver, Canada. ³IAPAR, Londrina, Brazil. ⁴UNESP, Rio Claro, SP, Brazil. ⁵Embrapa-Café, Londrina, Brazil. *Corresponding author: suzanatiemi@yahoo.com.br.

Coffee cup quality is influenced by several biochemical components in beans. Among these chemical compounds, the diterpenes cafestol (CAF) and kahweol (KAH) are related to nutraceutical, health and sensorial characteristics of beverage, as well as plant defense mechanisms against herbivory. Despite their importance, studies that depict the genetic and biochemical mechanisms involved in CAF and KAH biosynthesis are still incipient. In this way, we used an integrated analysis of CAF/KAH metabolite accumulation and large-scale transcriptome analyses during coffee fruit development to identify candidate genes related to diterpene biosynthesis in *Coffea arabica*. We measured CAF and KAH concentrations in three organs (leaves, flower buds, flowers) and two fruit tissues (perisperm and endosperm from 30 to 240 days after flowering - DAF) using HPLC. Higher CAF levels were detected in flower buds and flowers when compared to fruits. In contrast, KAH concentration increased along fruit development, peaking at 120 DAF. We did not detect CAF or KAH in leaves, and for the first time we detected KAH in roots. Based on this biochemical results, we chose a group of contrasting samples (leaves, flowers and fruit perisperm (30 to 150 DAF)) from *C. arabica* cv. IAPAR59, for mRNA sequencing. The transcriptome was obtained using Illumina sequencing, and assembly resulted in 127,600 contigs. From these, 65,364 were considered as unique splicing variants (unigenes) with an average size of 1264 bp. A total of 24,548 unigenes were annotated as protein coding genes, including 12,560 full-length sequences. Furthermore, we identified ~24,000 putative target sites for microRNAs and 134 putative transcriptionally active transposable elements sequences in our dataset. The comparative analysis identified candidate genes possibly related to the initial (MVA and MEP pathways) and final steps of diterpenes (CAF and KAH) biosynthesis. In order to validate their function, two diterpene synthases (*CaCPS* and *CaKS*) were selected for protein heterologous expression (*E. coli*) analysis. These enzymes are responsible for *ent*-kaurene production, a precursor substrate involved in the final steps of CAF and KAH biosynthesis. Our results provide important clues and valuable information for future analysis and production of plants with desirable contents of diterpenes and superior quality of a healthy beverage.

Keywords: RNA-seq; HPLC; GC-MS

Acknowledgments: CNPq, Fapesp, Funarbe and Finep.

TRANSCRIPTOME PROFILING OF *Paspalum notatum* REVEALS CANDIDATE GENES ASSOCIATED TO POLYPLOIDY AND/OR APOMIXIS

Fernanda Ancelmo de Oliveira^{1*}; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Alessandra Pereira Fávero²; Frederico de Pina Matta²; Anete Pereira de Souza^{1,3}

¹Center for Molecular Biology and Genetic Engineering, University of Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brazil. ²Brazilian Agricultural Research Corporation (Embrapa) Southeast Livestock, São Carlos, SP, Brazil. ³Plant Biology Department, Biology Institute, UNICAMP, Campinas, SP, Brazil. *Corresponding Author E-mail: f.ancelmo.o@gmail.com

Apomixis is an asexual reproduction mode described in more than 400 angiosperm species, which plants are able to produce offsprings that are exact genetic replices of the female parent. It is frequently associated with polyploidy and might have arisen through the de-regulation of the sexual developmental pathway by a mechanism that could comprise both genetic and epigenetic components. As a reproductive strategy for cloning plants via seeds, it is a highly desirable trait in modern agriculture. *Paspalum notatum*, also known as “bahiagrass”, is a good model for studies of species that reproduce by apomixis, since the species is organized as an agamic complex, with sexual diploids and apomictic tetraploids. The objective of this study was to describe a transcriptome of *P. notatum* and identify genes that show altered expression profiles in response to changes in reproductive mode (sexual to apomictic) and/or ploidy. To accomplish this, we sequenced young leaves and flowers transcriptomes on an Illumina GAIIx platform from 2x sexual (2xSex), 4x sexual (4xSex) and 4x apomictic (4xApo) plants, with three biological replicates of each genotype. The filtered (phred score 30) short reads were submitted to *de novo* assembly through Trinity software. An annotation of the unigenes was carried out through the blastx against the main databases. The gene expression level was calculated by mapping in RSEM and the genes differentially expressed (DE) were identified by EBSeq, a R Package. We used FDR < 0.05 as the threshold to determine significant differences in gene expression. The *de novo* assembly resulted in 203,808 transcripts, with a N50 contig size of 1,599 bp, of which 114,306 unigenes. We obtained more than 70% of unigenes annotated. The analysis of differentially expressed resulted in 474 genes DE and common only between 2xSex vs 4xApo; when we compared the 2xSex vs 4xSex, we detected 10 genes common only in this comparison and DE, which can be related to ploidy; while the comparison of shared genes only between 4xApo vs 4xSex revealed 95 genes DE potential candidates for study of sexuality. Additionally, we identified exclusive genes for each biological group, with a total of 19,304 unique genes for apomictic tetraploids genotypes. These findings shed light on the genes related with reproductive mode and ploidy in *P. notatum*.

Keywords: RNASeq; bahiagrass; apomixis

Acknowledgments: FAPESP, CNPq and Embrapa.

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES PARA DETECÇÃO DO GENE DE PEROXIDASE EM CULTIVARES DE SOJA

Bruna Caroline Sercero^{*1,2}; João Vitor Maldonado dos Santos^{*1}; Taylon Henrique Casagrande¹; Cleiton Renato Casagrande^{1,3}; Andressa Caroline Patera¹; Fernanda Sarri Augusto¹; Gislaine Vasquez de Souza¹.

¹Tropical Melhoramento & Genética, Cambé-PR. ²UNIFIL – Centro Universitário Filadélfia. ³UFMS – Universidade Federal de Santa Maria. *E-mail: karol_1994_@hotmail.com, joamaldonado@tmg.agr.br.

Inúmeros descritores têm sido utilizados para distinção e identificação de novas cultivares de soja no Registro Nacional de Cultivares (RNC). Dentre eles, a reação da enzima peroxidase é um dos principais descritores a serem incluídos no registro de uma nova cultivar. O procedimento baseia-se na alta ou baixa atividade desta enzima localizada no tegumento das sementes, sendo controlada por um locus de efeito dominante, denominado *Ep*. Apesar de ser extensivamente utilizado, tal metodologia apresenta desvantagens como a elevada influência ambiental, o que altera a veracidade de seus resultados. Diante deste cenário, a utilização de marcadores moleculares apresenta diversas vantagens, tais como resultados livres da influência do ambiente, pode ser realizada em qualquer estágio do desenvolvimento da cultura, além de ser um método rápido e fácil. Assim, o objetivo desse trabalho foi validar dois marcadores moleculares para a detecção do gene de peroxidase em 271 materiais através de uma tecnologia moderna, de baixo custo e rápida, denominada KASP. Estes materiais foram submetidos a análise fenotípica da reação da enzima presente no tegumento, juntamente com H₂O₂ e guaiacol e, posteriormente, foi realizada a genotipagem das amostras através da análise de reação em cadeia de polimerase (Polymerase Chain Reaction - *PCR*) com fluorescência. Após os resultados das análises genotípicas, observou-se que o marcador TMG_160901 apresentou uma eficiência de seleção de 96,1%, enquanto que o marcador TMG_160902 apresentou acurácia de 88,5%. Além disto, o marcador TMG_160901 apresentou menores taxas de erro tipo I e II, comparado ao marcador TMG_160902. Desta forma, conclui-se que o marcador TMG_160901 pode ser utilizado em rotinas laboratoriais para detecção de variações alélicas no gene da peroxidase em genótipos de soja.

Palavras-chave: sementes; PCR; acurácia.

Agradecimentos: Os autores gostariam de agradecer à Tropical Melhoramento & Genética (TMG) pelo suporte financeiro e a equipe do laboratório de biotecnologia pelo auxílio técnico e intelectual.

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE *Colletotrichum sublineolum* EM GENÓTIPOS DE SORGO, POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Carla Lima Corrêa¹; Thallita Santos Guimarães^{1*}; Alex Júnior Sandol Floriano¹; Jackson Lauro Borges Ribeiro¹; Nilo Leal Sander¹; Dagma Dionísia da Silva²; Marco Antonio Aparecido Barelli⁵

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres. ²Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. *E-mail: thallita_guimaraes@hotmail.com

O *Colletotrichum sublineolum*, agente causal da antracnose, é um dos principais patógenos que afeta a cultura do sorgo no Brasil e no mundo, causando perdas em todas as fases de desenvolvimento da cultura. Devido à alta variabilidade apresentada pelo patógeno, nem sempre a resistência genética é durável, dificultando assim o controle da doença. Nos últimos anos, tem-se dado grande ênfase na busca de alternativas que permitam ampliar a durabilidade da resistência à antracnose. Deste modo, pesquisas para identificar a variabilidade genética de *C. sublineolum*, se fazem necessários. O presente estudo foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a variabilidade genética de isolados de *C. sublineolum*, por meio de marcadores moleculares do tipo ISSR. A pesquisa foi conduzida no Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia, do Departamento de Agronomia, da UNEMAT/Cáceres-MT. Para a realização deste trabalho foram utilizados vinte e cinco isolados de *C. sublineolum*, provenientes de diferentes genótipos de sorgo. Após a extração de DNA dos isolados com Wizard® Genomic DNA Purification Kit (conforme a recomendação do fabricante), os mesmos foram comparados geneticamente entre si com auxílio de doze *primers* ISSR, e, as bandas geradas foram comparadas por meio do registro da presença e da ausência de bandas no perfil eletroforético de cada isolado. Através da matriz gerada pelo do coeficiente de Jaccard, foi produzido um dendrograma (UPGMA), por meio do programa GENES. De acordo com os resultados, é possível afirmar que há variabilidade genética entre os isolados em estudo. Foi possível observar a formação de quatro grupos, onde o grupo I foi formado por três isolados, sendo eles: 03, 13 e 04, o grupo II foi formado pela maioria dos isolados em estudo, sendo estes os mais similares geneticamente em relação aos demais (01, 02, 05, 06, 07, 08, 09, 10, 12, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22 e 25), o grupo III foi formado pelos isolados 11 e 23 e o grupo IV formado pelo isolado 24, sendo este o isolado mais divergente geneticamente dos demais em estudo.

Palavras-chave: dissimilaridade genética; marcadores moleculares; antracnose.

Agradecimentos: Embrapa Milho e Sorgo, CNPq, FAPEMAT.

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DE *Colletotrichum sublineolum* PROVENIENTES DE HÍBRIDOS DE SORGO FORRAGEIRO, POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Thallita Santos Guimarães^{1*}; Alex Júnior Sandol Floriano²; Carla Lima Corrêa³; João Paulo Egues Lira¹; Valvenarg Pereira da Silva⁴; Petterson Baptista da Luz⁵; Marco Antonio Aparecido Barelli⁵

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres. ²Graduação em Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres. ³PNPD/CAPEs. ⁴Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia – Rede Bionorte pela Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres. ⁵Prof. Dr. Adjunto do Departamento de Agronomia da Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres. *E-mail: thallita_guimaraes@hotmail.com

O sorgo é um dos cereais mais cultivados no mundo e vêm se destacando nos últimos anos principalmente pelo seu potencial produtivo e adaptação em diferentes condições edafoclimáticas. Com o crescimento da área produzida de sorgo, ocorreu também o crescimento significativo de doenças que afetam a produtividade da cultura. Dentre as doenças, a antracnose do sorgo causada pelo fungo *Colletotrichum sublineolum* é uma das principais doenças da cultura no Brasil e no mundo, causando perdas significativas na produtividade. A principal forma de controle desta doença é o uso de cultivares resistentes, porém, um fator limitante à utilização de resistência genética é a variabilidade existente no patógeno em condições brasileiras. Dessa forma, este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a variabilidade genética de isolados de *C. sublineolum* provenientes de sorgo forrageiro, com o uso de marcadores moleculares do tipo ISSR. A pesquisa foi conduzida no Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia, do Departamento de Agronomia, da UNEMAT/Cáceres-MT. Foram coletados isolados de *C. sublineolum* a partir de folhas de diferentes híbridos de sorgo forrageiro com sintomas de antracnose. Após a obtenção dos isolados monospóricos e o isolamento do DNA genômico, foi realizada a variabilidade molecular onde foram utilizados doze *primers* ISSR. Os dados da variabilidade molecular foram analisados empregando-se o programa Genes. De acordo com os resultados, a correlação cofenética apresentou valor de 80%, mostrando que o método de agrupamento representou a divergência dos isolados em estudo. Por meio da diversidade molecular foi possível observar variabilidade entre os isolados em estudo. O agrupamento por meio do método UPGMA apresentou seis grupos, sendo o grupo I formado pelo isolados 01, 04, 08, 09, 10 e 13, o grupo II e III formado apenas pelos isolados 01 e 12 respectivamente, sendo estes os mais divergentes entre os isolados em estudo, o grupo IV formado pelos isolados 03 e 05, o grupo V pelos isolados 06 e 11 e o grupo VI formado pelos isolados 02 e 07. No método de otimização de Tocher obteve-se o mesmo padrão de agrupamento, sendo os isolados 01 e 12 os mais divergentes em relação aos demais. Dessa forma, verifica-se que os dois métodos de agrupamentos foram complementares ao auxiliar na indicação dos isolados mais divergentes.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; antracnose; marcadores moleculares.

VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Ramulispora sorghi* EM SORGO BIOMASSA VIA MARCADORES MOLECULARES

Carla Lima Corrêa¹; Aline Vidor Melão Duarte¹; Bruno Wagner Zago¹;
Guilherme dos Santos Domingos¹; Alex Júnior Sandol Floriano¹; Vanderson
José Ribeiro Paixão¹; Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus* de Cáceres, *E-mail do autor para correspondência: correa.carla@yahoo.com.br.

A mancha de ramulispora causada por *Ramulispora sorghi* ocorre nas folhas de sorgo ocasionando lesões foliares necróticas, com halo amarelo e alta ocorrência de microescloródio, assemelhando-se a fuligem com coloração escura. O conhecimento populacional de *R. sorghi* é necessário para desenvolver estratégias satisfatórias no controle da doença e os marcadores moleculares podem auxiliar nesses estudos, considerando que permite uma análise direta, sem que o genoma sofra influência do ambiente. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a variabilidade genética de isolados de *Ramulispora sorghi*, por meio de marcadores moleculares ISSR, utilizando as informações geradas pelo conteúdo de informação polimórfica. Foram coletados 29 isolados de *R. sorghi* em folhas de sorgo biomassa com sintomas da mancha de ramulispora, provenientes de diferentes genótipos da cultura. A coleta foi realizada na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, vinculado ao Departamento de Agronomia/UNEMAT, Cáceres/MT, os materiais foram conduzidos ao laboratório para a obtenção da cultura monospórica do patógeno e posterior isolamento do DNA genômico com o Wizard® Genomic DNA Purification Kit, seguindo a recomendação do fabricante. Para a amplificação da PCR foram utilizados 11 primers ISSR e os produtos da PCR foram visualizados por meio da eletroforese em gel de agarose (1,5%), com marcador padrão de 100 pb DNA Ladder e visualização em fotodocumentador. Os primers selecionados apresentaram 79 bandas no total, sendo 76 polimórficas e 3 monomórficas. Referente ao conteúdo de informação polimórfica (PIC), dos 11 primers selecionados, 8 ((TG)₈GT, UBC881, CAC, AP3, UBC880, AP4, UBC810 e UBC817) apresentaram alto nível de PIC (de 0,755 a 0,978), ou seja apresentaram maior polimorfismo. Apenas um primer (UBC 850) apresentou médio PIC (0,349) e dois primers (AP1 e (GTG)₆) apresentaram baixo PIC (0,139 e 0,019). O valor médio do PIC foi de 0,962, considerado altamente informativo. Com base nessa classificação, conclui-se que os primers selecionados podem ser recomendados para a avaliação da diversidade genética de *Ramulispora sorghi*, tendo em vista o alto nível de detecção de polimorfismo.

Palavras-chave: mancha-de-ramulispora, *Sorghum bicolor*, ISSR

Agradecimentos: Embrapa Milho e Sorgo, CNPq, FAPEMAT.

Resumos dos Trabalhos de
Melhoramento Genético de Espécies Anuais

REML/BLUP APLICADO A SELEÇÃO PRECOCE PARA QUALIDADE INDUSTRIAL EM TRIGO

Liamara Bahr Thurow¹, Guilherme Paim Ceolin¹, Ivan Ricardo Carvalho¹, Vianeí Rother¹, Cezar Augusto Verdi¹, Luciano Carlos da Maia¹ e Antonio Costa de Oliveira¹

¹Universidade Federal de Pelotas. *E-mail do autor para correspondência: t.liamara@yahoo.com.br.

O trigo desempenha um importante papel econômico e nutricional na dieta humana, sendo a farinha utilizada para diversos fins. A qualidade industrial é um dos caracteres mais visados em um programa de melhoramento genético. No entanto, sua avaliação é dificultada pela grande quantidade de grãos necessários, não sendo viável sua mensuração em gerações iniciais. Como alternativa surge o teste de sedimentação em dodecil sulfato de sódio (SDS), que proporciona uma estimativa da força de glúten através do volume de sedimento mensurado. O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever o valor genético das famílias F₃ de trigo, possibilitando selecionar famílias promissoras para a qualidade industrial. Foram alvo de estudo 72 famílias F₃, oriundas de 6 populações F₂ contrastantes para qualidade industrial (18 famílias do P1 (M x M); 12 famílias do P2 (B x B); 8 famílias do P3 (P x P); 6 famílias do P4 (M x P); 12 famílias do P5 (P x M) e 16 famílias do P6 (M x B)). O experimento foi realizado no campo experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com três repetições. A unidade experimental continha 10 plantas espaçadas em 0,2m entre plantas e entre linhas. Foi selecionada a planta mais produtiva de cada família e procedeu-se o teste SDS. Os dados foram submetidos ao software Selegen (modelo 61) para estimar os componentes de variância (REML) e prever os valores genotípicos (BLUP). A Deviance apresentou-se significativa indicando que os componentes de variância aditiva e parâmetros de herdabilidade foram significativamente diferentes de zero, demonstrando a existência de variabilidade genética para o caráter, possibilitando assim a seleção. A variância genética aditiva foi responsável por 23,6% da variação fenotípica observada. A herdabilidade no sentido amplo foi baixa (H^2 : 0,23), sugerindo que este caráter expressa herança quantitativa e, portanto, determinada por muitos genes. As populações 1 e 4 apresentaram-se superiores de acordo com seus ganhos genéticos, evidenciando a possibilidade de encontrar, dentro destas populações, famílias que concentram alelos favoráveis. Destacando as famílias 10,11 e 14 (população 1) e as famílias 40 e 42 (população 4) como superiores. Portanto, pode-se concluir que, há variabilidade genética entre as famílias analisadas, sendo as famílias 10,11,14, 40 e 42 mais promissoras para compor a próxima geração de melhoramento visando o incremento na força de glúten e melhoria da qualidade industrial do trigo.

Palavras-chave: teste de sedimentação; famílias; herdabilidade

Agradecimentos: UFPEL, CGF, CNPq e CAPES.

A RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE NAS CULTIVARES DE FEIJÃO CARIOCA BRS HORIZONTE E BRS COMETA É CONFERIDA POR GENES INDEPENDENTES

Samara Rayane P. de Moraes^{1,2}; Ronair J. Pereira²; Adriane Wendland²;
Leonardo C. Melo²; Helton S. Pereira²; Thiago Lívio P.O. Souza^{2*}

¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO; ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. *E-mail: thiago.souza@embrapa.br

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), entretanto, a produtividade média da cultura no país ainda deixa a desejar. Essa situação, em grande parte, é explicada pelo alto número de doenças e pragas que acometem a cultura. Entre as doenças, destaca-se a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*. Para o manejo dessa doença, a utilização de cultivares resistentes é uma ferramenta eficiente. No entanto, a alta variabilidade genética de *C. lindemuthianum* é um desafio para os programas de melhoramento genético. Deste modo, a piramidação de distintos alelos de resistência é uma estratégia recomendada. O objetivo deste trabalho foi testar a relação alélica entre genes de resistência à antracnose presentes nas cultivares de feijão carioca BRS Horizonte e BRS Cometa, ambas resistentes em campo. Os genitores e a população F₂ derivada do cruzamento BRS Horizonte × BRS Cometa foram avaliadas quanto à reação à antracnose em ambiente controlado. As plantas foram inoculadas com o patótipo CI 672 (raça 89) de *C. lindemuthianum*, em solução de água destilada autoclavada com concentração ajustada para 1,2 x 10⁶ conídios/mL. Os sintomas da doença foram avaliados aos sete dias após a inoculação, com base em uma escala de notas contendo nove graus de reação (1 = plantas sem sintomas e 9 = plantas mortas ou com lesões generalizadas). A análise estatística foi realizada com o auxílio do Programa Genes, utilizando o teste de qui-quadrado (χ^2) para aferir a hipótese de segregação independente (15R_1rr). Os resultados indicaram que a razão de segregação para resistência à antracnose na população F₂ BRS Horizonte × BRS Cometa ajustou à proporção esperada 15 plantas resistentes para 1 planta suscetível, com valor de χ^2 de 1,25 e probabilidade de 26,41%. Este resultado evidencia que a resistência ao patótipo CI 672 de *C. lindemuthianum* nas cultivares BRS Horizonte e BRS Cometa é monogênica, com relação entre alelos de dominância completa do alelo de resistência, e conferida por genes independentes (diferentes locos). Isso indica que faz sentido combinar os alelos de resistência à antracnose presentes nestas diferentes fontes para o desenvolvimento de novas cultivares com resistência ampla à antracnose.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; *Colletotrichum lindemuthianum*; resistência a doenças.

ABERTURA PREMATURA DE VAGENS E RENDIMENTO DE GRÃOS DE SOJA EM DIFERENTES ÉPOCAS DE SEMEADURA

Esmael Lopes dos Santos^{1*}; Maiara Rocha Almeida¹; Felipe Jordain dos Santos¹; Leonan Felipe Ferreira Maronezzi¹; Angélica Calandrelli¹

¹UNIFIL – Curso de Agronomia, Campus Palhano – Londrina-Pr. *E-mail do autor para correspondência: esmael.santos@unifil.br

O rendimento da cultura da soja é afetado por vários fatores, e, em termos econômicos, a época de semeadura e as características genéticas, que se refere à abertura das vagens, podem apresentar perdas significativas. A deiscência das vagens pode ocorrer antes da maturidade fisiológica das sementes, e neste caso chamada de abertura prematura das vagens. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi avaliar abertura prematura de vagens em cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura. O trabalho foi desenvolvido na área experimental do Curso de Agronomia da UNIFIL – Campus Palhano, Londrina, PR, na safra 2015/16 com delineamento em blocos casualizados, com 5 cultivares, 4 repetições e cinco épocas de semeadura (21/10, 06/11, 21/11, 04/12, 17/12). As avaliações realizadas foram: massa de mil grãos, vagens abertas (R₆), rendimento de grãos (kg ha⁻¹). Foi calculado o índice de redução (IR), das variáveis avaliadas. Os dados foram submetidos à análise de variância (Teste F, p<0,05). A época de semeadura resulta em respostas diferentes entre as cultivares, com respostas negativas na massa de mil grãos e rendimento nas semeaduras tardias. A melhor época de semeadura para a cultura na região de Londrina buscando altos rendimentos, foi entre 20 de outubro e 21 de novembro. Quanto ao IR do rendimento, as cultivares DM 6563 e BMX Potencia, apresentaram sensíveis a época de semeadura com altos rendimentos. A cultivar MSOY 6410 apresentou tolerância às épocas de semeadura com baixo rendimento, enquanto as cultivares NA 5959 e a DM 6468, apresentaram-se tolerantes as épocas de semeadura com altos rendimentos. A maior porcentagem de abertura prematura das vagens foi na primeira época de semeadura (21/10/15), seguido pela segunda época (06/11/15). As duas últimas épocas de semeadura (04 e 17/12/15) foram as que apresentaram as menores médias. No IR da porcentagem de abertura de vagens as cultivares DM 6563 e BMX Potencia apresentaram sensibilidade a época de semeadura com alto IR, porém, apresentaram baixas porcentagens de abertura prematura das vagens. As cultivares NA 5959 e MSOY 6410 apresentaram-se sensíveis às épocas de semeadura e com alta porcentagem de abertura de vagens. Somente a cultivar DM 6468, apresentou-se com baixo IR e com altas porcentagens de abertura de vagens. Houve correlação entre abertura prematura de vagens com época de semeadura, influenciada pela distribuição da precipitação, que foi menor na formação das vagens e maior no enchimento, favorecendo a abertura das vagens no estágio R₆.

Palavras-chave: deiscência, *Glycine max*, estresse hídrico.

ACCESSING SOYBEAN RUST TOLERANCE AND THE IMPACTS ON SEED TRAITS

Elesandro Bornhofen^{1*}; Natal A.Vello¹; Fernando G. Espolador¹; Rafael M. Yassue¹; Marcos C. Nekatschalow¹

¹University of São Paulo, College of Agriculture “Luiz de Queiroz”, Department of Genetics. *bornhofenelesandro@usp.br

Asian soybean rust (ASR) is a fungal disease caused by *Phakopsora pachyrhizi* and it represents a multi-billion dollar biological problem. ASR can be managed through several strategies and the combination of them, but high control rates are rarely achieved in regional scales. In an economic point of view, the use of disease-resistant or tolerant cultivars is the more attractive way for the disease management. Tolerance is the sum of multiple process that implies a large change in the plant cell machinery when the plant-pathogen interaction is settling up. This suggests non-significant differences between treated and untreated plots, even when the disease is well-established. We aimed to access the genotype performance related to the level of tolerance and the Asian rust impact on soybean seed traits. We evaluated 19 genotypes in two contrasting locations, by carrying out two experiments in randomized complete block design with three replications in each location. The two experiments involved different rust management (treated/untreated) with appropriate fungicides, totaling 228 (19x2x2) plots. Besides the grain yield (GY), we sampled 100 seeds of each plot and measured the following seed traits: hundred seed weight, volume, density, area size, perimeter length, length (L), width (W), L/W ratio and circularity. To access the seed shape parameters, the SmartGrain software for high-throughput measurement was employed. The lme4 R package was applied to fit the linear mixed model (LMM) assuming genotype as a random factor. To perform GGE biplot analysis, we used a two stage approach, first fitting a LMM and computing the BLUEs for genotypes and then, modeling the genotype plus genotype by environment interaction. We identified five non-tolerant genotypes at location 2 whereas in location 1, all genotypes were considered tolerant in terms of GY. Hence, high GY locations appeared to be less discriminative for potential tolerant genotypes, indicating the necessity of multi-location trials for effective measurement of this trait. After ranking the genotypes for both tolerance and GY, the top three lines were: USP 231-2222-12, USP 231-2224-12 and USP 04-17.011. The line USP 04-17.027 had the highest GY, however was the less tolerant one. Except in seed density and circularity, rust changed the expression of the traits in a significant way. In addition, rust occurrence implies changes in magnitude and direction of the traits associations. As expected, the results supported that breeding soybean lines for rust tolerance could lead to an efficient strategy to deal with the disease.

Keywords: *Glycine max*; high-throughput phenotyping; BLUP.

Acknowledgements: CNPq and CAPES.

ADAPTABILIDADE DE CULTIVARES DE MILHO DE BAIXO CUSTO DE SEMENTES A AMBIENTES COM ESTRESSE – SAFRA 2015/16

Lauro J. M. Guimarães^{1*}; Roberto S. Trindade¹; Paulo E. O. Guimarães²; Walter F. Meirelles¹; Adelmo R. Silva¹; *Flávio D. Tardin*¹; Jane R. A. Machado¹

¹Embrapa Milho e Sorgo – Sete Lagoas - MG. *lauro.guimaraes@embrapa.br

O milho é cultivado em todo o território brasileiro, entretanto, em ambientes desfavoráveis, é recomendável a utilização de menor investimento em manejo, insumos e sementes. O objetivo foi avaliar a produtividade e a adaptação de cultivares de baixo custo de sementes a ambientes com estresses abióticos. Foram avaliadas 28 cultivares na safra 2015/16, sendo 15 variedades e 8 híbridos topcrosses (HTCs) experimentais e, como testemunhas, 1 híbrido simples (HS), 1 triplo, 1 duplo e 4 variedades comerciais. Os HTCs avaliados aqui são considerados de baixo custo, pois são obtidos por cruzamentos entre variedades e um HS. Foram obtidos dados de 24 ambientes, com média geral de 5,5 t ha⁻¹, mas, para este trabalho foram analisados somente os ambientes desfavoráveis (produtividade abaixo da média geral), abrangendo 10 ensaios: Sete Lagoas-MG (baixa adubação e baixo P); Janaúba-MG (safra e seca); Ipanguaçu-RN; Campos dos Goytacazes-RJ; Sobral-CE; Jataí-GO (safrinha) e Teresina-PI (seca e irrigado). Os ensaios foram montados em DBC, com parcelas de 1 ou 2 linhas de 4m x 0,8m, com 4 ou 2 repetições (dependendo do planejamento prévio para situações de estresse ou não). Avaliou-se a produtividade de grãos (PG), em t ha⁻¹, a 13% de umidade. Utilizou-se o software SELEGEN-REML/BLUP para obtenção, via modelos mistos, do índice de adaptabilidade, estabilidade e produtividade MHPRVG. A média geral de PG foi de 3,15 t ha⁻¹, demonstrando que estresses por restrições nutricionais, hídrica ou calor limitaram a produtividade. Apesar disso, houve alta acurácia (0,93) e CV adequado (18,3%) na análise conjunta. A maior produtividade foi observada para o híbrido experimental HTC707, de baixo custo de sementes, agrupando-se, pelo intervalo de confiança, com o HS comercial BRS1055, com os valores para MHPRVG de 1,28 e 1,24, e produtividades preditas (MHPRVG*média) de 5,6 e 5,4 t ha⁻¹, respectivamente. Outros cinco HTCs (717, 771, SP1, 697 e 699) também se sobressaíram, com MHPRVG entre 1,14 e 1,09 e produtividades preditas entre 5,0 e 4,8 t ha⁻¹, superando as demais testemunhas. Dentre as variedades, destacaram-se AL Paraguaçu, AL Avaré (comerciais) e os sintéticos experimentais Sint10795 e Sint10697, com médias MHPRVG entre 4,6 e 4,3 t ha⁻¹, superando as testemunhas comerciais BR106 e Eldorado, bem como a média nacional deste ano agrícola (4,18 t ha⁻¹). Os resultados permitiram a identificação de cultivares de baixo custo de sementes que podem ser alternativas para minimização de riscos em ambientes sujeitos a estresses abióticos.

Palavras-chave: *Zea mays*; híbridos topcrosses; estresses abióticos.

Agradecimentos: À Embrapa Milho e Sorgo; à Fapemig e ao CNPq.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO EM SANTA CATARINA

Sydney Antonio Frehner Kavalco^{1*}; Waldir Nicknich¹; Gilcimar Adriano Vogt²;
Círio Parizoto³; Jack Eliseu Crispim⁴; João Vieira Neto⁵

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri) – Centro de Pesquisas para Agricultura Familiar (CEPAF). ²Estação Experimental de Canoinhas (EECAN). ³Estação Experimental de Campos Novos (EECN). ⁴Estação Experimental de Urussanga (EEUR). ⁵Estação Experimental de Ituporanga (EITU).
*E-mail do autor para correspondência: sydneykavalco@epagri.sc.gov.br

O cultivo de feijão é realizado em quase todos os estados brasileiros, sendo que o país é o 3º maior produtor e 2º maior consumidor de feijão do mundo. Em Santa Catarina são cultivados aproximadamente setenta mil hectares com produção de cento e quarenta e quatro mil toneladas. O objetivo deste trabalho, foi avaliar a adaptabilidade e a estabilidade de cultivares de feijão recomendadas para cultivo no Estado. Os ensaios foram conduzidos nos períodos de “safra” e “safrinha” de 2015/2016, totalizando 7 diferentes ambientes de Santa Catarina. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros de comprimento. As análises estatísticas dos caracteres avaliados foram realizadas com uso da ANOVA e do método de Annicchiarico para adaptabilidade e estabilidade. Os ambientes favoráveis ao desenvolvimento de doenças foram: Chapecó para bacteriose tanto na safra quanto na safrinha, Ponte Serrada na safra para bacteriose, antracnose nas folhas e vagens e Urussanga e Canoinhas durante a safrinha para mancha angular nas folhas e vagens. As cultivares com ocorrência de doença superior a 100% da média do experimento, em ordem decrescente foram: para bacteriose IAC Imperador, IAC Formoso, BRS Estilo, BRS Campeiro e Pérola; para antracnose nas folhas IPR Quero-Quero, Pérola e SCS202 Guará; para antracnose nas vagens SCS202 Guará, BRS Esteio, IPR Uirapuru e BRS Campeiro; para mancha angular nas folhas IAC Imperador, IPR Quero-Quero, SCS205 Riqueza, BRS Ametista, Pérola e BRS Esplendor e para mancha angular nas vagens BRS Ametista, BRS Esteio, IAC Imperador, IPR Siriri e BRS Campeiro. Como estratégia para o cultivo de feijão, tais cultivares deveriam ser evitadas nos ambientes favoráveis a ocorrência de cada doença. As cultivares que apresentaram maior estabilidade para o rendimento de grãos superior a 100% da média do experimento, em ordem decrescente foram: SCS204 Predileto, IPR Campos Gerais, SCS205 Riqueza, IPR Quero-Quero, BRS Esteio, IAC Imperador e BRS Notável. Conclui-se que as cultivares SCS204 Predileto, IPR Campos Gerais e SCS205 Riqueza apresentam estabilidade de produção e desempenho superior para o rendimento de grãos, associado a menor ocorrência de doenças em Santa Catarina.

Palavras-chave: Desempenho de cultivares; Ensaio Estadual; *Phaseolus vulgaris*

Agradecimentos: FAPESC.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO RECOMENDADAS NO BRASIL

Adriel Carlos da Silva¹; Micheli Thaise Della Flora Possobom²; Leiri Daiane Barili³; Ramon Gonçalves de Paula⁴; Vinícius Lopes de Melo⁴; Isabela Rodrigues Miranda⁵ José Eustáquio de Souza Carneiro⁶

¹Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG - *Email: adrielcsilva@hotmail.com
C:\dados\particulares\projetos\racunho\sbmp\anais\anais\documentos\michelipossobom@gmail.com; ²Doutoranda em Fitotecnia - UFV; ³Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UFV; ⁴Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas - UFV; ⁵Mestranda em Fitotecnia - UFV; ⁶Professor - UFV.

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) é cultivado no Brasil em diferentes regiões e em até três safras por ano (safra das águas, da seca e do outono/inverno). A produtividade da cultura é crescente e parte desse incremento se deve ao melhoramento genético. Nos últimos 50 anos, mais de 100 cultivares foram recomendadas para as diferentes regiões produtoras do Brasil. Assim, o objetivo com esse trabalho foi inferir sobre o comportamento de cultivares de feijão preto e carioca recomendadas no Brasil. Para isso, foram avaliadas 80 cultivares de feijão, 40 do grupo comercial preto e 40 do grupo carioca, em Viçosa e Coimbra, Minas Gerais, no período de 2013 a 2016, totalizando nove ambientes. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com 3 repetições e parcelas de 4 linhas de 4m. Os dados de produtividade de grãos (kg ha⁻¹) foram submetidos à análise de variância individual e conjunta; posteriormente, as médias foram agrupadas segundo Scott e Knott (1974). Também foi realizado estudo de adaptabilidade e estabilidade das cultivares (Eberhart e Russell, 1966). Observou-se significância para a interação cultivares x ambientes. Pelo teste de Scott-Knott ocorreu a formação de cinco grupos, sendo o grupo "A", com média de 3600 kg/há, formado por 12 cultivares recomendadas a partir de 2005. Na análise de adaptabilidade, as estimativas do parâmetro β_1 indicaram que 63,75% das cultivares recomendadas apresentaram ampla adaptabilidade. Quatorze cultivares recomendadas após o ano 2000 apresentaram adaptabilidade à ambientes favoráveis. Conclui-se que as cultivares recomendadas mais recentemente, de modo geral, apresentam alta produtividade de grãos e ampla adaptabilidade ou adaptabilidade a ambientes favoráveis.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, cultivares de feijão, melhoramento do feijoeiro.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPEMIG.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO EM AMBIENTES DE ALTA E BAIXA PRODUTIVIDADE

Matheus H. S. Mendes¹; Josiel P. Nascimento²; João C. de Souza¹

¹Universidade Federal de Lavras. ²Monsanto. *E-mail do autor para correspondência: mendesmhs@gmail.com.

O milho é cultivado em uma grande extensão territorial e, frequentemente, a manifestação do fenótipo é altamente influenciada pelo ambiente. Para que os híbridos desenvolvidos possam ser recomendados aos agricultores se faz necessária avaliação dos mesmos em múltiplos ambientes. Esta avaliação tem por objetivo identificar genótipos mais estáveis e adaptados às regiões onde serão cultivados. Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a adaptabilidade e estabilidade da produção de grãos em híbridos de milho transgênicos em ambientes de baixa e alta produtividade nos estados do Mato Grosso do Sul, Paraná e São Paulo. Foram conduzidos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) utilizando 24 híbridos pré-comerciais com o evento transgênico Herculex (HX) e 11 híbridos comerciais como testemunha, no ano agrícola 2013. Os híbridos foram avaliados sob o delineamento de blocos completos casualizados, com duas repetições. Foram realizadas as análises individuais por ambiente, onde constatou-se boa precisão experimental para avaliação dos híbridos. Após verificada a adequação de todos os pressupostos para realização de análise conjunta, esta foi realizada no intuito de verificar a existência de interação genótipos x ambientes tanto em ambientes com alta quanto em ambientes com baixa produtividade. As herdabilidades para seleção entre médias de híbridos foram de 89,89% para ambientes de baixa produtividade e de 82,65% em ambientes de alta. Dessa forma pode-se observar que as estimativas das herdabilidade foram altas, considerando que o caráter produtividade de grãos costuma ser muito influenciado pelo ambiente. As estimativas da estabilidade e adaptabilidade foram obtidas pelos seguintes métodos: Annichiarico, Wricke e Weber, Eberhart e Russel e AMMI. Considerando o ranqueamento dos 10 híbridos mais adaptados e estáveis nas diferentes metodologias, as coincidências entre os ambientes de baixa e alta produtividade variaram de 30% a 60%. Porém, é interessante salientar que alguns híbridos foram bem adaptados e estáveis tanto em ambientes de baixa quanto de alta produção. Portanto, pode-se concluir que embora ocorra baixa coincidência entre o desempenho dos híbridos nos ambientes de alta e baixa produção, ainda assim é possível selecionar híbridos que sejam estáveis e adaptados nas duas condições ambientais.

Palavras-chave: Melhoramento de milho; Estabilidade fenotípica; Interação GxA.

Agradecimentos: os autores agradecem às instituições que colaboraram com a execução deste trabalho: Universidade Federal de Lavras e COODETEC.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO

Luiz Octávio Santos Sousa^{1*}; Pedro César de Oliveira Ribeiro²; Isadora Cristina Martins Oliveira²; Ruane Alice da Silva¹; Gabriel Patrocínio Vasconcelos¹; Rafael Augusto da Costa Parrella³; Nádia Nardely Lacerda Durães Parrella¹

¹Universidade Federal de São João Del-Rei-CSL/Sete Lagoas-MG/Brasil;

²Universidade Federal de Viçosa/ Viçosa-MG; ³Embrapa Milho e Sorgo - Sete Lagoas-MG/Brasil. *luizoctaviosantossousa@hotmail.com

Nos últimos anos têm-se aumentado a demanda por energia renovável e o sorgo sacarino mostra-se como alternativa promissora, por apresentar colmos suculentos com açúcares fermentescíveis viáveis para produção de etanol. Os programas de melhoramento visam a obtenção de híbridos superiores em diversos ambientes, tendo em vista a identificação de genótipos com comportamento previsível e adaptáveis às variações ambientais. Desta forma, o presente trabalho teve como objetivo, avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de sorgo sacarino em diferentes ambientes. O experimento foi conduzido no ano agrícola 16/17 em Sete Lagoas-MG, Janaúba-MG, e Goiânia-GO com delineamento experimental em blocos casualizados, com três repetições. As características avaliadas foram produção de massa verde (PMV) e teor de sólidos solúveis (Brix). As análises foram realizadas com o auxílio do programa estatístico-computacional GENES (Cruz,2017). Os resultados mostraram significância ($P \leq 0,01$) para as fontes de variação genótipos, ambientes e interação G/A para os três caracteres. Para o estudo de adaptabilidade e estabilidade utilizou-se o método Annicchiarico. Quanto aos ambientes, Janaúba foi classificada como favorável e Sete Lagoas foi classificada como desfavorável para PMV e Brix. Goiânia foi classificada como favorável para PMV e desfavorável Brix. De acordo com o método de Annicchiarico os genótipos 14, 15, 17 e 24, se destacaram, pois apresentaram índice de confiança (W_i) superior a 100 nos ambientes favoráveis e desfavoráveis para PMV associados a maiores valores médios. Já para o Brix, os genótipos 1, 10, e 19 se destacaram, pois apresentaram W_i superior a 100 nos ambientes favoráveis e desfavoráveis associados a maiores valores médios. Vale destacar, que um cultivar ideal de sorgo sacarino deve apresentar média alta e W_i superior a 100 para o PMV e Brix ao mesmo tempo, mas neste trabalho não foi identificado nenhum genótipo com esta performance. Contudo, os híbridos 10 e 19 merecem destaque, pois apresentaram W_i próximo de 100 e média alta (superior a média do ensaio) para o PMV, mas apresentaram os maiores W_i e maiores médias para o Brix, que é um dos caracteres mais importantes na produção de etanol. Os resultados foram satisfatórios, para identificação de genótipos superiores, porém recomenda-se a avaliação de mais genótipos em mais safras e ambientes com potencial para cultivo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L.) Moench, melhoramento, bioenergia

Agradecimento: Fapemig; Embrapa

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS PRÉ-COMERCIAIS DE MILHO NA REGIÃO CENTRO-SUL DO BRASIL

Livia Maria Chamma Davide^{1*}; Emanuel Sanches Martins²; Euriann Lopes Marques Yamamoto¹; Priscila Silva Souza¹

¹Universidade Federal da Grande Dourados. ²Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.*Autor para correspondência: liviadavide@ufgd.edu.br

A expressão fenotípica de características de interesse agrônomo, como a produtividade de grãos, pode variar significativamente sob diferenças edafoclimáticas. Uma vez que o milho é cultivado em quase todo o território brasileiro as variações nos ambientes devem ser um motivo de preocupação na identificação e seleção de genótipos superiores. Frente a essas observações a identificação de cultivares adaptadas e com estabilidade na produção de grãos se mostra uma alternativa para minimizar a interação genótipos x ambientes e auxiliar na recomendação de cultivares. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estimar a adaptabilidade e estabilidade de híbridos pré-comerciais de milho em quatro locais, visando identificar os híbridos mais estáveis e promissores para produção de grãos na região Centro-Sul do Brasil. Para isso foram avaliados 31 híbridos pré-comerciais de milho, sendo 24 híbridos simples e sete híbridos triplos, além de três testemunhas. Os experimentos foram conduzidos em Dourados - MS, Maracaju - MS, Campo Mourão - PR e Paranagi - PR. O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. Para a análise de adaptabilidade e estabilidade foi utilizada a produtividade média de grãos (kg ha^{-1}) com emprego das metodologias de Annicchiarico, Lin e Binns e AMMI. Houve diferença significativa ($P < 0,01$) para os efeitos de híbridos, ambientes e interação híbridos x ambientes. Existem híbridos pré-comerciais com desempenho igual ou superior aos híbridos comerciais testados nos quatro locais. O híbrido HS 0262 foi recomendado para os quatro locais testados pelas três metodologias. Nas análises de Annicchiarico e Lin e Binns os híbridos HS 0997 e HS 0832 foram os mais estáveis e de maior adaptabilidade geral e específica a ambientes desfavoráveis. De acordo com o AMMI, os híbridos mais estáveis, adaptados e produtivos foram HS 0805, HS 0774 e HS 0727. Esses híbridos, portanto, podem ser recomendados para cultivo nos locais estudados.

Palavras-chaves: interação genótipos x ambientes; melhoramento vegetal; *Zea mays* L.

Agradecimentos: Agriseeds, CNPq e Capes.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS DE SOJA EM DIFERENTES MICRORREGIÕES SOJÍCOLAS

Jean Newton Marques¹; Luan Henrique Guarido da Silva²; Lucas Willwock²; Sâmia Teodoro²; Taíla Renata Neitzke²

¹Graduado em Agronomia- CEI- Centro Educacional Integrado de Campo Mourão-PR.e-mail: jean.maques@gmail.com.

²Graduando em Agronomia- CEI- Centro Educacional Integrado de Campo Mourão-PR.e-mail:tailaneitzke@gmail.com.

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] apresenta característica de alta plasticidade, por meio de modificações na morfologia e nos componentes de rendimento. Por causa da variação ambiental e da interação que as cultivares apresentam nos vários ambientes, a produtividade é um caráter quantitativo que normalmente apresenta baixa herdabilidade, dificultando a seleção e a avaliação do potencial produtivo dos genótipos. Com isso, o melhoramento genético de plantas busca a criação de novas cultivares, pela modificação dirigida e controlada dos caracteres hereditários de interesse, sendo necessário realizar extensiva avaliação (ensaios conduzidos em vários locais e anos) para a identificação de genótipos superiores em produtividade e estabilidade em certa amplitude de ambientes que representem os efeitos limitantes do clima, do solo e das pragas e doenças. Objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade utilizando-se dados de produtividade de grãos (kg ha^{-1}) dos ensaios finais de VCU de 20 linhagens experimentais e quatro cultivares comerciais, sendo todas as linhagens e cultivares resistentes a glifosato. Os ensaios foram conduzidos em condições de campo em 24 localidades (Arapongas, Araruna, Campo Mourão, Cascavel, Dourados, Floresta, Goioerê, Guarapuava, Iporã, Kalore, Luiziana- Klabin, Luiziana-Record I, Luiziana-Record II, Luiziana-Record III, Luiziana-Rio sem passo I, Luiziana- Rio sem passo II, Maracaju, Navirai, Palotina I, Palotina II, Ponta Grossa, Ponta Pora, Terra Boa I, Terra Boa II), localizados nos estados do Paraná e Mato Grosso do Sul no ano agrícola 2013/14. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições. As análises de adaptabilidade e estabilidade das linhagens foram obtidas pelos métodos de Eberhart e Russel (1966). As linhagens experimentais HG2540, Q824, Y254, S3061, INT5900 e INT6201 demonstraram uma ampla adaptabilidade e boa produtividade nos ambientes testados, ou seja, apresentaram coeficiente de regressão estatístico igual a 1,0, sendo classificadas como genótipos de ampla adaptabilidade. As linhagens que se destacaram por apresentarem ampla adaptabilidade e estabilidade foram HG2540 e INT5900, além de apresentarem uma produtividade média considerável em relação as demais linhagens. Entretanto, em ambientes desfavoráveis as linhagens AB1157 e AB1155 destacaram-se por suas médias elevadas de produtividade média.

Palavras-chave: *Glycine max*, Variação Fenotípica

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE CULTIVARES E LINHAGENS DE FEIJÃO BRANCO EM DIFERENTES AMBIENTES NO ESTADO PARANÁ

Ana Rafaela Gouvêa^{1*}; Nelson da Silva Fonseca Junior¹; Vânia Moda Cirino¹.

¹Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR. *anarafaclag@icloud.com

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância na alimentação mundial pelo alto teor de proteína, ferro e carboidratos nos grãos. O Brasil é o maior produtor e consumidor, com cerca de 2.8 milhões de hectares cultivados. A produção do grupo branco tem maior dedicação de pequenos produtores que desfrutam do alto valor comercial agregado a feijões especiais. O objetivo do estudo foi selecionar linhagens de feijão do grupo comercial branco que apresentem alto potencial de rendimento, ampla adaptabilidade e estabilidade de produção conferida pela resistência aos fatores bióticos e abióticos adversos. As avaliações foram efetuadas no ensaio de determinação do Valor de Cultivo e Uso estabelecido nas estações do Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR em duas safras do ano de 2016, na safra da seca em Guarapuava, Irati, Santa Tereza do Oeste e Ponta Grossa, e na safra das águas em Guarapuava, Irati, Santa Tereza do Oeste e Londrina, totalizando oito ambientes. O ensaio foi constituído por oito linhagens desenvolvidas pelo IAPAR e pelas testemunhas IPR Garça, IPR Curió e BRS Radiante. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas compostas por quatro linhas de 4m espaçadas 0,45m. Nos estádios de desenvolvimento adequados foram efetuadas avaliações para ciclo, reação às doenças, porte da planta, padrão comercial dos grãos (número de sementes em 100g), massa de mil sementes e rendimento por parcela transformados para kg ha⁻¹ e corrigidos para 13% de umidade. Foi efetuada a análise de variância conjunta para o caráter rendimento de grãos, que revelou efeito significativo para interação genótipo por ambiente ($p \leq 0,01$), indicando que os genótipos comportaram-se diferencialmente entre os ambientes. O estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica, conforme metodologia proposta por Eberhart e Russel de 1966, revelou que em torno de 63% das linhagens, apresentaram alta previsibilidade de comportamento ($S_2d=0$) e todas as linhagens juntamente com as testemunhas, mostraram ampla adaptabilidade ($\beta_1=1$). A maioria dos coeficientes de determinação (R) apresentaram valores acima de 80%, indicando boa adequação ao modelo linear, explicando o comportamento descrito. As linhagens L5 e L6 destacaram-se por apresentarem médias elevadas, superando a média das testemunhas, ampla adaptabilidade e estabilidade de produção e grãos que se enquadram na categoria Great Northern, além de serem classificadas como resistentes a antracnose e a ferrugem. Em decorrência do bom desempenho agrônomo essas linhagens estão sendo registradas para cultivo.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; rendimento de grãos.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO EM ARROZ DE TERRAS ALTAS

Natália Botega Alves¹; Douglas Goulart Castro¹; Gabrielle Carvalho Pereira¹;
Yasmin Berchembrock¹; Isabela Pereira de Lima¹; Flávia Barbosa Silva
Botelho¹

¹Universidade Federal de Lavras. nataliabotegaagro@gmail.com

A interação genótipos por ambientes (GxA) é um complicador para os programas de melhoramento, pois não permite a correlação perfeita entre o genótipo e o fenótipo. Isso dificulta a recomendação de cultivares, pela não predição do comportamento dos genótipos e ambientes durante os sucessivos anos de produção. Quando há interação significativa, é interessante utilizar algum método de análise de adaptabilidade e estabilidade para obter a resposta de cada cultivar em diferentes ambientes, fazer a recomendação adequada aos agricultores bem como para a obtenção de maiores ganhos nos programas de melhoramento. Técnicas de análise multivariada têm sido propostas, como a GGE biplot (Genotype and Genotype-environment Interaction) para uma análise gráfica de dados em múltiplos ambientes. Nesta metodologia, o efeito principal do genótipo e o efeito da interação são os mais relevantes na avaliação de cultivares. O modelo não separa os efeitos dos genótipos do efeito da interação GxA, mantendo-os juntos num termo multiplicativo. Desta forma, objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade na produtividade em genótipos de arroz de terras altas dos experimentos de VCU do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e Epamig, por meio da ferramenta GGE biplot. Os ensaios foram conduzidos em delineamento blocos casualizados, com três repetições nas safras de 2013/2014, 2014/2015 e 2015/2016 nas cidades de Lambari/MG, Lavras/MG e Patos de Minas/MG. As parcelas foram constituídas de cinco linhas de quatro metros, com espaçamento de 0,35 metros e densidade de semeadura de 80 sementes por metro linear. A característica avaliada foi a produtividade de grãos obtida em kg. ha⁻¹ após a colheita das plantas da área útil da parcela, correspondente às 3 linhas centrais. Foram realizadas análises de variância individuais e conjunta. Verificada a interação GxA significativa, procedeu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade considerando o caráter produtividade, por meio do software R utilizando o pacote GGEBiplotGUI. Para a interação GxA foi verificada significância, indicando que os genótipos tiveram comportamento não coincidente nos diferentes ambientes. Observou-se que houve alteração no ranking dos genótipos à medida em que o ambiente mudou, caracterizando interação GxA do tipo complexa. A análise GGE Biplot apresentou boa eficiência, explicando 72,28% da soma de quadrados de G + GxA. As linhagens do programa foram em quase sua totalidade mais adaptadas e estáveis que as cultivares comerciais. Os melhores genótipos foram CMG 2085 e CMG 1511, visto que foram superiores à média geral para produtividade e apresentaram alta estabilidade.

Palavras-chave: GGE Biplot; produtividade; interação.

Agradecimentos: CNPq.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM HÍBRIDOS DE SORGO BIOMASSA

Gabriel Patrocínio Vasconcelos^{1*}; Pedro César de Oliveira Ribeiro²; Isadora Cristina Martins Oliveira²; Ruane Alice da Silva¹, Luiz Octávio Santos de Souza¹ Rafael Augusto da Costa Parrella³ Nádya Nardely Lacerda Durães Parrella¹

¹Universidade Federal de São João Del-Rei-CSL/Sete Lagoas-MG/Brasil. ²Universidade Federal de Viçosa/ Viçosa-MG/Brasil. ³Embrapa Milho e Sorgo-Sete Lagoas-MG/Brasil *gabrielpvas@hotmail.com

Devido à grande demanda por energia, tornou-se necessário buscar novas fontes de energia renovável, com o objetivo de assegurar um mercado energético sustentável. Com isso, o sorgo biomassa [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] vem se mostrando uma excelente opção para a produção de biocombustíveis, através da cogeração de energia ou pela síntese do etanol segunda geração. No estágio final de um programa de melhoramento, torna-se fundamental a avaliação do comportamento das cultivares obtidas em vários locais e anos, para testar a adaptabilidade e estabilidade do cultivar, o que possibilita maior segurança para as recomendações nas regiões de plantio. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de sorgo biomassa em diferentes ambientes. O experimento foi conduzido no ano agrícola 16/17 em Sete Lagoas, Goiana e Janaúba. Avaliou-se 23 híbridos de sorgo biomassa, e duas testemunhas, sendo elas, híbridos forrageiros comerciais, Volumax e BRS655. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, com 3 repetições, e parcelas constituídas por 2 linhas de 5 metros espaçadas em 0,7 metros. A característica avaliada foi peso de massa verde (PMV) em t/ha⁻¹. As análises foram realizadas com auxílio do programa GENES. Para o estudo da adaptabilidade e estabilidade foram utilizadas duas metodologias univariadas, Annicchiarico e Lin & Binns. Os resultados mostraram significância ($P \leq 0,01$) para genótipos, ambientes e interação G/A para o PMV. Quanto aos ambientes, Janaúba foi classificada como favorável e Sete Lagoas e Goiânia foram classificadas como desfavoráveis para o caráter avaliado. Pelo método de Annicchiarico os genótipos B05, B09, B10, B15 e B22 destacaram-se, pois apresentaram índice de confiança (W_i) superior a 100 nos ambientes favoráveis e desfavoráveis, além de apresentarem média superior a 100 t/ha⁻¹. Através da metodologia proposta por Lin & Binns os genótipos que apresentaram melhores resultados foram os B05, B09, B10, B11 e B19, pois apresentaram menor índice de estabilidade (P_i) para ambos ambientes, ressalva que os materiais em destaque apresentaram produtividade 20% superior à média geral dos ambientes. Diante do exposto, os híbridos B05, B09 e B010 foram caracterizados como genótipos de alta adaptabilidade e estabilidade pelos dois métodos estudados, e apresentaram as maiores médias de produção de biomassa.

Palavras chave: *Sorghum Bicolor* (L.) Moench; melhoramento; bioenergia.

Agradecimentos: FAPEMIG; EMBRAPA Milho e Sorgo.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CULTIVARES DE SOJA NO PARANÁ

Giovani Andreazza de Oliveira¹; Vanessa Aline Egewarth²; Claudio Yuji Tsutsumi³; Juliana Yuriko Habitzereuter Fujimoto^{4*}; Fabio Polido⁵; Marcio André Francziskowski⁶

¹Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Oeste do Paraná (UNIOESTE). E-mail: giovaniandreazza@gmail.com. ²Doutoranda em Produção Vegetal – UNIOESTE. ³Professor, UNIOESTE – Melhoramento Vegetal. ⁴Graduada em Agronomia – UNIOESTE. ⁵Engenheiro Agrônomo – GDM. ⁶Mestrando em Produção Vegetal – UNIOESTE.

Atualmente o cultivo da soja está distribuído em praticamente todas as regiões do país, ocupando aproximadamente 33 milhões de hectares. Entretanto esta difusão ampla só foi possível através dos programas de melhoramento. No entanto, mesmo que as cultivares apresentem excelentes características agrônomicas após o melhoramento, seu desempenho é constantemente afetado pelas oscilações ambientais oriundas da interação entre o genótipo x ambiente. Afim de prever tais efeitos e direcionar os materiais de melhor performance em cada ambiente, tem-se utilizado parâmetros matemáticos para identificar os genótipos superiores em produtividade e estabilidade de produção. Assim, objetivou-se com este trabalho, avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de cultivares de soja seguindo a metodologia proposta por Eberhart e Russel (1996). O delineamento experimental utilizado consistiu no DBC, composto por três repetições, 29 cultivares e três ambientes (Palotina – PR, Itaipulândia – PR e Campo Mourão – PR), na safra 2016/17. Cada parcela experimental foi formada por 4 linhas, espaçadas entre si em 0,5 m e com 5 m de comprimento. Avaliou-se a produtividade grãos (Kg ha⁻¹), obtida pela colheita das duas linhas centrais da parcela, eliminando 0,5 m da extremidade de cada fileira, sendo os valores corrigidos para 13% de umidade. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional Genes. Os valores de rendimento foram submetidos a análises de variância individuais, onde verificou-se efeito significativo para a fonte de variação genótipo em todos os ambientes. Em seguida, procedeu-se com a análise conjunta, uma vez que, a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo foi de 1,23, indicando homogeneidade das variâncias residuais. Com base na metodologia proposta por Eberhart e Russel (1966), verificou-se que 13 cultivares apresentaram adaptabilidade a ambientes favoráveis ($\beta_1 > 1$) e 16 a ambientes desfavoráveis ($\beta_1 < 1$), sendo que somente as cultivares GDM 03 e NS 5445 apresentaram R² inferior a 80%. Todos os materiais avaliados apresentaram desvio da regressão significativo, ou seja, baixa estabilidade fenotípica ($S^2d > 0$). As cultivares BMX GARRA e GDM 02 apresentaram as maiores médias (5277 e 5113 kg ha⁻¹ respectivamente), com adaptação a ambientes desfavoráveis e baixa estabilidade.

Palavras-chave: Eberhart e Russel; interação G x A; *Glycine max*.

Agradecimentos: CAPES; GDM.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÕES ESPECIAIS

Vania Kajiwara^{1*}; Vania Moda-Cirino²; Maria Brígida dos Santos Scholz³

¹Instituto Agronômico do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Agricultura Conservacionista; ²Instituto Agronômico do Paraná, Área de Melhoramento e Genética; ³Instituto Agronômico do Paraná, Área de Ecofisiologia Vegetal. *E-mail: vaniakajiwara@hotmail.com

Os feijões especiais são originários das regiões Andinas da América Latina e apresentam diversidade de cores e tamanhos, pertencem a esse grupo os feijões do tipo jalo, rajado, pintado, vermelho, branco, entre outros. No Brasil, o cultivo desses feijões está restrito a regiões de clima ameno, pois procedem de locais de clima temperado. O objetivo desse trabalho foi identificar genótipos de feijões especiais com melhor adaptabilidade e estabilidade às condições edafoclimáticas brasileiras, representando uma alternativa de cultivo para os agricultores. Foram avaliados 15 genótipos de feijões do grupo andino (BRS Ártico, IPR Garça, G3, G4, G5, G6, BRS Realce, BRS Radiante, IPR Corujinha, G10, G11, BRS Embaixador, G6416, KID 44 e G15). O experimento foi conduzido na safra das águas/2016 em Londrina, Guarapuava e Santa Tereza do Oeste, no estado do Paraná e das secas/2017 em Guarapuava-PR. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com quatro repetições e parcelas com quatro linhas de 4 m, espaçadas com 0,5 m. Os dados de produtividade foram coletados nas duas linhas centrais. A análise de variância conjunta para os quatro ambientes revelou efeito significativo para os genótipos e para GxA ($p \leq 0,01$). Entre os seis genótipos de grãos brancos avaliados, o genótipo G5 desenvolvido pelo IAPAR, destacou-se por apresentar alta estabilidade ($\delta=0$), ampla adaptabilidade de produção ($\beta_1=1$) e a maior média de produtividade, superando em 71% a média do cultivar BRS Ártico. Os genótipos do grupo cranberry BRS Realce e BRS Radiante apresentaram ampla adaptabilidade ($\beta_1=1$) e BRS Realce apresenta baixa previsibilidade ($\delta \neq 0$). Todos os genótipos do grupo pintado foram adaptados aos diferentes ambientes e foram estáveis, com destaque para a cultivar IPR Corujinha por apresentar média superior em 46% aos tratamentos G10 e G11. Dos quatro genótipos do grupo vermelho, três cultivares foram de ampla adaptabilidade ($\beta_1=1$), o genótipo G15 foi adaptado a ambientes favoráveis ($\beta > 1$) e todos apresentaram baixa previsibilidade ($\delta \neq 0$). A análise de adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russell demonstrou que entre os genótipos avaliados, a maioria apresentou ampla adaptabilidade ($\beta_1=1$) exceto o genótipo G15, e aproximadamente 47% apresentaram alta estabilidade ($\delta=0$) para produtividade. Esses resultados indicam que há variabilidade genética para rendimento de grãos entre os genótipos avaliados e que os mesmos comportaram-se de maneira diferencial entre os ambientes estudados.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; melhoramento genético; interação genótipo x ambiente.

CICLO E PRODUTIVIDADE DE LINHAGENS DE SOJA CULTIVADAS NO OESTE DO PARANÁ

Vanessa Aline Egewarth^{1*}; Giovani Andreazza de Oliveira¹; Jonas Francisco Egewarth¹; Fabio Polido²; Paulo Rabello de Oliveira¹; Claudio Yuji Tsutsumi¹.

¹Universidade Estadual do Oeste do Paraná (UNIOESTE). ²GDM Genética do Brasil Ltda (GDM Seeds). *vanessaaline_egewarth@hotmail.com.

Atualmente a soja é cultivada especialmente nas regiões Centro Oeste e Sul do Brasil, firmando-se como um dos produtos de maior destaque da agricultura nacional e na balança comercial. Nas últimas três décadas, a soja foi a cultura agrícola que mais cresceu no país, correspondendo a 49% da área plantada em grãos. Este aumento deve-se aos avanços tecnológicos, ao manejo e eficiência dos produtores. A busca por cultivares mais produtivas é constante, e para isso, torna-se necessário a avaliação de seus desempenhos. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a produtividade e ciclo de 30 linhagens experimentais de soja, cultivadas no oeste do Paraná. O experimento foi realizado no município de Itaipulândia, localizado à 24°28'22,9" S e 54°03'29" W, a 227 m de altitude. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, composto de 30 linhagens de soja. As parcelas foram constituídas de 4 linhas de 5 m, espaçadas em 0,50 m. Os tratos culturais foram realizados conforme recomendação da cultura. Ao final do ciclo, fez-se a avaliação do número de dias para a maturação. A produtividade de grãos foi obtida através da colheita das duas linhas centrais da parcela, eliminando 0,5 m da extremidade de cada fileira, sendo os valores corrigidos para 13% de umidade. Os dados foram submetidos a análise de variância e quando necessário à análise de agrupamento de *Scott-Knott* ($p < 0,05$). Para tanto se fez uso do aplicativo computacional GENES. De acordo com os resultados, houve efeito estatístico significativo para ambas as variáveis. Quanto ao ciclo, as linhagens foram classificadas em 6 grupos distintos, sendo as linhagens TMG7062 IPRO, BMX GARRA RSF IPRO, LIN_12, NS6906 IPRO, LG60163 IPRO e LIN_08 pertencentes ao grupo mais precoce (126,00; 126,00; 126,67; 126,67; 127,30; e 128,00 dias, respectivamente), e as linhagens AS3730 IPRO, BMX ICONE RSF IPRO, TMG7063 IPRO e NS6700 IPRO ao grupo de maior ciclo (com 142,67; 142,00; 141,67 e 140,67 dias, respectivamente). As linhagens BMX GARRA RSF IPRO; LIN_05; LIN_12; LIN_08 e NS6906 IPRO, consideradas as mais produtivas (com 2630,67; 2458,00; 2335,67; 2258,33 e 2209,33 Kg ha⁻¹, respectivamente), foram agrupadas individualmente. Este estudo mostrou que as linhagens BMX GARRA RSF IPRO, LIN_05 e LIN_12 são as mais promissoras para o cultivo na região oeste do Paraná.

Palavras-chave: Brasmax; *Glycine max*; seleção.

Agradecimentos: CAPES, UNIOESTE.

AERIAL IMAGERY TO SELECT MAIZE HYBRIDS TO PLANT HEIGHT

Roberto Fritsche-Neto¹; Giovanni Galli¹; Ricardo Antônio de Oliveira Machado²

¹University of São Paulo, "Luiz de Queiroz" College of Agriculture, Piracicaba, SP, Brazil

e-mail: roberto.neto@usp.br; ²birdview DroneScan, São Paulo, SP, Brazil

The large-scale phenotyping may increase the efficiency of the breeding process with a substantial reduction of costs and time. In maize, plant height (PH) is a reliable parameter of plant vigor, resilience, and yield, mainly under stress conditions. Therefore, the objective was to investigate the relationship in maize of PH estimated through aerial imagery (PHI) with the real plant height (PHR), obtained via the traditional method. Thus, 739 maize hybrids and two checks were evaluated under two N conditions: ideal N (IN) and low N (LN), in an augment block design (22°50'51"S, 48°01'06"W, 466 m), during the second growing season in 2016. The trait evaluated was PH (cm) in five plants per plot. The aerial imagery was taken at V0 (bare soil) and the flowering time (VT), using an RGB camera with 12Mpx connected to an unmanned aerial vehicle (UAV). From these images and their positions (GPS), the mosaics and the cloud points were built by Agisoft Photo Scan software. Then, for both stages, using the HTP Geoprocessor plugin on QGIS, the median altitude of each plot was estimated. Thus, the PHI was estimated based on the difference between the two stages altitude. Genotypic values of each hybrid and variance components were estimated through mixed model equations by the ASReml-R[®] package. Besides the genotype x nitrogen level interaction, it was found significant differences between hybrids and all other factors for PHR and PHI. The heritability of the former was 0.83 and of the latter 0.79, indicating the high correlation between the phenotypes and the genotypes. However, the correlation between the PHI and PHR was moderate (0.30). Therefore, it is not possible, with high accuracy, to use aerial imagery to indirectly select hybrids to PH yet. On the other hand, considering the time consuming, it is a promising tool, given the relative efficiency of AI phenotyping over the traditional method, which was 1953%. We believe that reshaping the plots, adjusting the cloud point to ground points control, and improving the imagery quality we might obtain better results.

Key-words: indirect selection; abiotic stress; RGB.

Acknowledgments: CNPq and FAPESP (Process 2015/26251-5).

AGRONOMIC AND PHYSIOLOGICAL PERFORMANCE OF LINES OF COMMON BEANS UNDER WATER DEFICIT

Julio Cesar Ferreira Elias¹; André Siqueira Gratão¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹; Giseli Valentini¹; Rodrigo Chimenez Franzon¹; Vânia Moda-Cirino²

¹Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Estadual de Maringá,

²Instituto Agronômico do Paraná, *Corresponding Author: juliocesar_net@hotmail.com.

Brazil is one of the largest world common bean producers, but the cultivation of this legume can be greatly affected by hydric deficit, limiting especially the grain yield. Therefore, this study had as objective to evaluate the behavior of common bean lines from cross IAPAR 81 (high drought tolerance) × LP 97-28 (low drought tolerance), when submitted to hydric deficit under field conditions. The experiments were conducted at Centro de Técnico de Irrigação of Universidade Estadual de Maringá, in 2014 agricultural year in Brazil. A total of 32 lines of common bean from F_{2:6} population of cross IAPAR 81 × LP 97-28 and controls IAPAR 81, LP97-28, Flor Diniz, Juriti, Tangará and BAT93. Two experiments were conducted under field conditions: drought stress and no drought stress. Each experiment was performed in randomized complete block design with three repetitions. For the drought stress experiments, lines were submitted to hydric suppression for a period of 14 days during the reproductive phase R5 to R7, while for no drought stress experiments the water supplementation was normally carried out. Features of agronomic interest were evaluated during the normal common bean cycle, while the physiological ones were observed ten days after plants were submitted to hydric deficit. The results showed that hydric suppression during common bean reproductive cycle provided a reduction of agronomic features of interest, especially grain yield. For no drought stress experiment, the mean grain yield was 1.936 kg ha⁻¹, while grain yield in drought stress experiment was reduced to 1.089 kg ha⁻¹. The lines 22, 27, 29 and 102 are the most promising in relation to the performance of the characteristics number of seeds per pod, number of pods per plant, mean 100 seed weight (SW), yield, stomatal conductance, internal CO₂ concentration, foliar transpiration rate and rate of photosynthesis.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; Drought tolerance

Acknowledgment: M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Elias, J.C.F., Gratão, A.S., Valentini, G. and Franzon, R.C. are recipients of fellowship from Capes. Financial support from Capes and CNPq.

AJUSTE DE CONSTITUIÇÕES GENOTÍPICAS: EFEITO DO GENÓTIPO vs AMBIENTE

Matheus Gabriel Ferreira de Sousa¹; Altamir Frederico Guidolin¹; Paulo Henrique Cerutti¹; Rita Carolina de Melo¹; João Pedro Fossa Bernardy¹; Nicole Trevisani¹; Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹

¹Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) *E-mail do autor para correspondência: matheusgf532@gmail.com

O comportamento fenotípico de um genótipo frente a variedade de ambientes antagônicos, é refletido na sua capacidade de estabilidade e adaptação, sendo anteriormente denominada de interação genótipo x ambiente (G*E). Atualmente sabemos que essa interação pode ser desmembrada para uma melhor compreensão, através de metodologias mais acuradas. O objetivo do trabalho foi mensurar o grau da interação G*E e avaliar o seu impacto sobre o desempenho do genótipo. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso com quatro repetições. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de quatro metros, com distância de 0,5 m e densidade de 15 sementes por metro linear. Foram utilizados 16 genótipos de feijão, pertencentes aos ensaios de VCU (valor de cultivo e uso). O experimento foi conduzido durante a safra agrícola de 2012/2013, e nas safrinhas de 2013 e 2014, em 4 locais do estado de Santa Catarina, sendo, Chapecó, Águas de Chapecó, Ituporanga e Urussanga, formando no total nove ambientes de cultivo. O caráter avaliado foi rendimento de grãos. Os dados foram submetidos a análise da adaptabilidade e estabilidade, em método proposto por Eberhart e Russel (1966) e posteriormente aplicados no Método da Verossimilhança Restrita e Melhor Preditor não Viesado (REML/BLUP). Os genótipos não apresentam desempenho constante, demonstrando desempenho diferenciado em 50 % dos ambientes. O Genótipo Tb 02-23 é o genótipo mais sensível às condições de ambiente, sendo variável em 55% dos mesmos. Isso vai de encontro ao objetivo dos modelos mistos, ao demonstrar a percepção de performances distinguidas de constituições genéticas frente variadas condições de anos e locais. A exemplo, o genótipo CHC 98-48, apresentou comportamento desigual em 44% dos ambientes (AB2, AB6, AB8 e AB9). Com isso podemos constatar que a interação G*E está presente em locais de execução de VCUs no estado de Santa Catarina. Portanto, genótipos podem ser mais vulneráveis a efeitos de determinados ambientes. A solução cabível seria a estratificação de ambientes e posterior recomendação de cultivares específicas para cada região.

Palavras-chave: Modelos Mistos; REML/BLUP; Interação

Agradecimentos: À Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

ANÁLISE DA REPETIBILIDADE EM DOIS CARACTERES MORFOLÓGICOS DA SOJA EM DIFERENTES NÍVEIS DE FÓSFORO NO SOLO

Higor Silva Nogueira¹; Guilherme de Sousa Paula¹; Felipe Lopes da Silva¹; Isabela Cristina Cavallin¹; Heloisa Rocha do Nascimento¹; Bruno de Almeida Soares¹; Anunciene Barbosa Duarte¹

¹Universidade Federal de Viçosa – Departamento de fitotecnia. *E-mail do autor para correspondência: higor.sn00@gmail.com

O estudo de cultivares de soja adaptados à baixa fertilidade de fósforo (P) é de importância econômica e ambiental. A obtenção desses cultivares eficientes será possível com o melhor conhecimento das bases fisiológicas e genéticas de eficiência do uso de fósforo (EUP). Diversas características variam quanto ao número ideal de medidas que devem ser efetuadas para se ter confiabilidade nos resultados. Isso pode ser avaliado por meio do coeficiente de repetibilidade da característica. Objetivou-se estimar o coeficiente de repetibilidade do Peso Total de Sementes/planta (PTS) e Eficiência do Uso do Fósforo (Euso) e determinar o número mínimo de avaliações necessário para prever o valor real dos genótipos. O trabalho foi desenvolvido na Universidade Federal de Viçosa em dois experimentos (ambiente com 30mg/dm³ (BP) e um ambiente com 300mg/dm³ (AP) de P no solo), analisando-se 4 genótipos em quatro repetições no primeiro, utilizou um, todos conduzidos no delineamento de blocos inteiramente casualizado. As variáveis PTS e Euso foram mensurados no estágio R8. A partir das estimativas dos coeficientes de repetibilidade e de determinação obtidos pelos métodos da análise de variância (ANOVA); componentes principais com base nas matrizes de correlação [CP(correl)] e de variâncias e covariâncias fenotípicas [CP(cov)]; e análise estrutural, com base nas matrizes de correlação intraclasse [AE(correl)] e de variâncias e covariâncias [AE(cov)], foram calculados os números de avaliações necessárias. Em relação aos coeficientes de repetibilidade, para o PTS o menor valor foi obtido pelo método da AE(correl) (0,774) no BP e o maior pelo CP(cov) (0,968) no AP. Enquanto, para o Euso, o menor valor (0,769) foi obtido no BP pelo método da AE(cov) e o maior (0,938) no AP pelo método CP(cov). Tais valores indicam boa correlação entre os valores genotípicos e fenotípicos das características nos genótipos avaliados. A magnitude dos coeficientes de determinação, tanto para PTS quanto para Euso, foram superiores ou iguais a 93,025% por todos os métodos nos dois experimentos avaliados. Verificou-se ainda que o PTS requer menor quantidade de medições em comparação com o Euso, para o mesmo nível de confiabilidade. Para os dois experimentos o número de medições feitas forma suficientes para obter uma confiabilidade de 95% em todos os métodos.

Palavras chave: produtividade; eficiência nutricional; peso total de sementes

ANÁLISE DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE UTILIZANDO CONTROLADOR FUZZY EM GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO

Weverton Gomes da Costa^{1*}; Plínio C. Soares²; Raphael de P. Gonçalves³;
Gabriel N. Oliveira³; Arthur M. A. Bernardeli¹; Antônio C. da S. Júnior¹.

¹Mestrandos em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Viçosa. ²Pesquisador EPAMIG Sudeste, ³Bolsistas PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG, UFV. *E-mail do autor para correspondência: wevertonufv@gmail.com.

O estudo de adaptabilidade e estabilidade é de suma importância para obter informações detalhadas do comportamento dos genótipos. A utilização de análises baseadas em inteligência computacional pode constituir uma boa alternativa para avaliar adaptabilidade e estabilidade de genótipos, já que facilita a tomada de decisão para solucionar problemas simples e complexos. Nesse trabalho objetivou-se aplicar a Lógica Fuzzy para avaliar o comportamento de genótipos de arroz de várzeas irrigado em diferentes ambientes. Foram avaliadas 16 linhagens elites do ensaio comparativo avançado (ECA) e 5 testemunhas (Rio Grande, Ourominas, Seleta, Predileta e Rubelita) de arroz do programa de melhoramento de arroz da EPAMIG, para três características, são elas: produtividade de grãos (Kg/ha), altura (cm) e floração (dias), em três localidades, nos anos agrícolas 2012/13, 2013/14 e 2014/15. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com três repetições. Foram realizadas análises de variância conjunta dos dados, teste de média (Tukey) e de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Eberhart e Russell (1966) e de Lin e Binns (1988) com o auxílio do software GENES. Foi utilizado o controlador fuzzy desenvolvido por Carneiro (2015), baseado nos métodos de Eberhart e Russell e de Lin e Binns, para avaliar a estabilidade e adaptabilidade dos genótipos. De acordo com a análise de variância conjunta, verificou-se interação GxA significativa. Foi realizada análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Eberhart e Russel e os parâmetros obtidos submetidos ao controlador fuzzy. Utilizando esse sistema, com limiar de 70% como ponto de corte para os parâmetros média geral (β_0), coeficiente de regressão (β_1) e coeficiente de determinação (R^2), os genótipos BRA 041099, MGI 0901-5, MGI 0607-1, BRA 031006 e as testemunhas Seleta e Rio grande foram classificadas como de adaptabilidade favorável. As outras testemunhas foram classificadas como pouco adaptadas. A Cultivar BRA 01330 foi a única linhagem elite classificada como de ampla adaptabilidade. Com base nas análises, os genótipos MGI 0901-5, BRA 031006 e BRA 01330, possuem grandes chances de se tornarem cultivares futuramente, devido a alta média de produtividade e ainda foram classificadas como de adaptabilidades favorável a ampla para as três características avaliadas.

Palavras-chave: Arroz; Melhoramento; Adaptabilidade

Agradecimentos: À FAPEMIG pela concessão das bolsas, ao Programa de Genética e Melhoramento da UFV e à EMBRAPA Arroz e Feijão pelo fornecimento de germoplasma.

ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS EM MILHO

José Arantes Ferreira Júnior¹; Vivane Mirian Lanhelas Gonçalves²; Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi³; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves⁴; Nayara Norrene Lacerda Durães⁵; Jocarla Ambrosim Crevelari⁶; Messias Gonzaga Pereira⁷

1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7 Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes. *E-mail do autor para correspondência: josearantes1@hotmail.com

A análise de Componentes Principais é uma técnica estatística multivariada utilizada no intuito de compreender o inter-relacionamento entre as variáveis e ainda possibilita a discriminação de genótipos, permitindo a seleção dos superiores. O presente trabalho objetivou estudar o comportamento de famílias de irmãos completos que compõem o 16º ciclo de seleção recorrente recíproca, por meio da técnica de análise de componentes principais. O experimento foi conduzido na safra 2016/17, no Colégio Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes-RJ. Foram utilizadas 196 famílias de irmãos completos, oriundas do cruzamento entre indivíduos das populações CIMMYT 15 e Pirão 15. O delineamento experimental utilizado foi do tipo látice quadrado 14x14 com 3 repetições. As características utilizadas nesta análise foram: Número de Espigas (NESP), Número de Espigas Doentes (NED), Número de Espigas Atacadas por Pragas (NEP), Peso de Espigas (PES), Peso de Cem Sementes (P100) e Rendimento de Grãos (REND). Os dados obtidos para todas as características foram padronizados por meio do software STATISTICA, donde os mesmos passaram a ter média nula e variância unitária. A análise de componentes principais foi realizada por meio do programa Past. Três autovalores devem ser considerados, pois possuem valores superiores a um (1,0), conforme critério proposto por Kaiser. Os três primeiros fatores apresentaram os seguintes autovalores: 2,55 (CP1), 1,36 (CP2) e 1,19 (CP3). Sendo que os mesmos retiveram juntos 85,11% da variância total, tendo a seguinte partição: 42,53 (CP1), 22,74 (CP2) e 19,84 (CP3). O REND e o PES, foram as características que mais influenciaram o componente 1, demonstrando que as mesmas são altamente correlacionadas. Já o segundo componente foi explicado pelas características, NEP e NED, apresentando os vetores em sentido contrário ao CP1. Portanto, esta informação pode nortear o processo de seleção, pois discriminou as famílias que apresentaram os melhores rendimentos com baixo ataque de pragas e doenças. Já o terceiro componente foi explicado pelo P100, e este componente se estabeleceu em sentido oposto ao CP1. A partir desta análise é possível selecionar os genótipos mais produtivos e que apresentam menor ataque de pragas e doenças, permitindo assim a seleção de genótipos superiores para compor o próximo ciclo de seleção recorrente.

Palavras-chave: *Zea mays*; análise multivariada; rendimento

Agradecimentos: UENF, CAPES e FAPERJ

ANÁLISE DE CORRELAÇÃO DE CARACTERES DE SORGO SACARINO PARA PRODUÇÃO DE ETANOL

Leandro Pavani de Oliveira¹; Vander André Berres²; Pablo Diego Silva Cabral³; Gessica Ferreira da Costa⁴; Jose Adalberto Gomes Alves⁵

¹Instituto federal Goiano, Rio Verde, GO, Brasil. ²Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados, MS, Brasil. ³Rede Arco Norte, Instituto federal Goiano, Rio Verde, GO Brasil. ⁴Instituto federal Goiano, Rio Verde, GO, Brasil. ⁵Instituto federal Goiano, Rio Verde, GO, Brasil; *lepavani63@gmail.com

A principal fonte de etanol no Brasil é a cana-de-açúcar, porém com o aumento do seu consumo, tem-se buscado novas opções no setor sucroenergético para aumento e complementação da produção. Dentre essas, o sorgo sacarino mostra-se uma cultura promissora, em virtude dos açúcares presentes em seu colmo. O sorgo sacarino possui grande quantidade de sacarose, com grau BRIX variando de 16 a 23% e biomassa entre 40 e 70 toneladas por hectare, apresentando -se assim, como uma boa fonte de açúcar e álcool. O objetivo do trabalho foi avaliar por meio de correlações, se há relação entre o rendimento de etanol com os seus componentes de produção. O experimento foi instalado na época da safra de 2015/16, no município de Sinop, MT. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições. As parcelas experimentais constituídas por 4 fileiras de 5 metros, espaçadas 0,50 m com população de 120.000 plantas por hectare, sendo que as avaliações foram realizadas na época de maturação fisiológica. As características avaliadas foram: Produção de massa fresca, produção de matéria seca, produtividade de Etanol por hectare (Etanol), teor de Sólidos Solúveis (°Brix). Os resultados da correlação fenotípica e genotípica para os caracteres BRIX e MF com correlação foi de 0.977, 0.964 e 1.087, 1.033, respectivamente, estão altamente correlacionados com a variável principal ETANOL. As correlações fenotípicas variaram entre 0.742 a 0.977 e para as genotípicas de 0.767 a 1.173. A correlação indica que quando aumenta-se as variáveis também aumentarão a variável etanol. A correlação total das características MS e ALT obteve valores positivos e significativos, porém grande parte da correlação foi influenciada pelo efeito indireto via MF e BRIX. BRIX e MF apresentaram o maior efeito direto sobre a variável principal, Produção de etanol.

Palavras-chave: Sorgo etanol; biocombustíveis; produção de etanol

ANÁLISE DE EXPRESSÃO GÊNICA EM FEIJOEIRO EM RESPOSTA A INFECÇÃO POR *Colletotrichum lindemuthianum*

Larissa Carvalho Costa^{1*}; Gisele Cenzi¹; Welison Andrade Pereira¹; Elaine Aparecida de Souza¹

¹Universidade Federal de Lavras. *lissa_costa@hotmail.com

A antracnose do feijoeiro, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das principais doenças da cultura, podendo levar a perdas totais de produção quando cultivares susceptíveis são expostas a condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento do patógeno. A resistência genética é a estratégia mais eficiente para minimizar a ocorrência da doença e, para o melhor entendimento do sistema imune do feijoeiro contra *C. lindemuthianum*, é crucial identificar genes relacionados à defesa da planta contra a infecção por este patógeno. Dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar os níveis de expressão de três genes candidatos de resistência em feijoeiro, em resposta à infecção pela raça 65 de *C. lindemuthianum*. Para este fim, foram utilizadas as cultivares Esplendor, resistente à raça 65 de *C. lindemuthianum* e Valente, susceptível. Uma solução de esporos de um isolado da raça 65 do patógeno foi preparada na concentração de $1,2 \times 10^6$ conídios ml⁻¹ e inoculada em plântulas destas cultivares. Como controle, foram utilizadas ambas as cultivares, sem inoculação. Setenta e duas horas após a inoculação, folhas de cada cultivar inoculada e não inoculada foram coletadas e armazenadas em ultrafreezer a -80°C. O RNA foi extraído utilizando o *Concert™ Plant RNA Reagent* (Invitrogen) e, posteriormente, as amostras foram tratadas com DNase utilizando o *TURBO DNA-free kit* (Ambion). A concentração do RNA extraído foi avaliada no equipamento NanoVue Plus e a sua integridade foi verificada em gel de agarose a 1%. Bibliotecas de cDNA foram obtidas com *High Capacity cDNA Reverse Transcription Kit* seguindo as recomendações do fabricante. Primers para os genes codificadores das proteínas PvPR1 (PHAVU_003G109100g), NPR1 (PHAVU_008G195900g) e FLS2 (Phvul.002G196200.1.p) foram avaliados quanto à sua eficiência e, em sequência, utilizados em um ensaio RTq-PCR. Para a normalização dos dados, utilizou-se do gene de actin-11 (gi|62703083|) como referência. Os resultados indicam que os três genes estudados podem estar envolvidos no sistema de defesa do feijoeiro contra *C. lindemuthianum*, considerando que os mesmos foram responsivos à inoculação com este patógeno, com níveis maiores de expressão relativa na cultivar resistente inoculada. Estudos subsequentes seguem sendo realizados.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; antracnose; RTq-PCR

Agradecimentos: CAPES, FAPEMIG e CNPq

ANÁLISE DE TRILHA COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO INDIRETA PARA CARACTERES AGRONOMICOS E FISIOLÓGICOS NA CULTURA DO TRIGO

Rodrigo Zanella^{1*}; Ricardo Antônio Lucion¹; Alana Madureira¹; Matheus Tonatto¹; Wendel Boggio¹; Matheus Henrique Todeschini¹; Giovani Benin¹

¹ Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, Campus Pato Branco - PR.
*zanella_rodrigo@hotmail.com

O trigo é uma cultura de grande importância na região Sul do Brasil, onde no período outono-inverno, se torna uma das melhores opções de renda. Possui papel fundamental no sistema plantio direto, gerando bom aporte de palha e cobertura do solo, contribuindo para o controle de plantas daninhas e aumento dos níveis de matéria orgânica, sendo assim excelente para a rotação de culturas. A seleção de genótipos de superior desempenho agrônomico é um desafio constante dos programas de melhoramento genético. O uso de correlações e análises de trilha pode ser uma ferramenta útil na seleção de genótipos de trigo que combinem superior desempenho agrônomico e fisiológico. Assim o objetivo deste trabalho foi avaliar a relação entre rendimento de grãos e caracteres agrônomicos e fisiológicos, por meio da análise de trilha. O experimento foi conduzido no município de Pato Branco-PR, utilizando 10 cultivares de trigo (26°11'S e 52°40'W, - região de valor de cultivo e uso 2). O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições, sendo as parcelas compostas por nove linhas de cinco metros de comprimento com espaçamento de 0,20m entre linhas, e densidade de plantio de 350 sementes m⁻². Os caracteres avaliados foram: Rendimento de grãos (RG), estatura (Est), índice de colheita (IC), rendimento biológico (RB), massa de mil grãos (MMG), clorofila total (ChIA+B), eficiência do uso da água (WUE), taxa fotossintética (Photo), condutância estomática (Cond), e transpiração (Trmmol). As variáveis NG, IC, RB, MMG e Photo, apresentam alta associação total com RG. Entretanto efeitos diretos elevados sobre RG foram observados para IC (0.69), o qual apresentou efeito indireto elevado nas variáveis NG, MMG e Photo. Conclui-se que a seleção de genótipos superiores deva se dar através da combinação dos caracteres agrônomicos: NG e MMG e fisiológico: Photo.

Palavras-chave: Trigo; Correlações; Melhoramento genético.

ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DA PRODUÇÃO DE ETANOL EM HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO

Isadora Cristina Martins Oliveira^{1*}; Pedro César de Oliveira Ribeiro¹; Ruane Alice da Silva³; Gabriel Patrocínio Vasconcelos³; Rafael Augusto da Costa Parrella²; Nádia Nardely Lacerda Durães Parrella².

¹Universidade Federal de Viçosa/ Viçosa-MG/Brasil. ²Embrapa Milho e Sorgo - Sete Lagoas-MG/Brasil. ³Universidade Federal de São João Del-Rei-CSL/Sete Lagoas-MG/Brasil. *isadoracmo90@gmail.com

O Sorgo sacarino é uma alternativa promissora no mercado sucroalcooleiro, pois se adapta à entressafra da cana-de-açúcar e fornece matéria prima de alta qualidade para a produção de etanol. Com isso os programas de melhoramento vêm buscando cada vez mais a seleção de híbridos com alto potencial produtivo e, alta qualidade de açúcares no colmo. Como muitas características estão relacionadas a esses fatores, o estudo das correlações é essencial na busca de um ideótipo. Nesse contexto, a análise de trilha é uma ferramenta útil, pois permite entender as causas envolvidas nas associações entre caracteres por meio dos efeitos diretos e indiretos de um grupo de caracteres sobre uma variável básica. Dessa forma, objetivou-se com este trabalho estimar os coeficientes de correlação e trilha entre caracteres ligados à produção de etanol. O experimento foi conduzido em Sete Lagoas-MG, na safra agrícola de 2016/2017, e foi disposto em blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 44 híbridos experimentais e cinco testemunhas. Avaliaram-se oito características, sendo elas: produção de massa verde (PMV); florescimento (Flor); Altura de plantas (Alt); sólidos solúveis totais (Brix); teor de matéria seca (MS%); extração de caldo (Ext.); litros de álcool por tonelada (AH); produção de álcool por hectare (PA). Com o auxílio do aplicativo computacional GENES (Cruz, 2007), foram realizadas as análises de variância e posteriormente estimados os coeficientes de correlação e análise de trilha dos caracteres, tendo PA como variável básica. Pela análise de variância observou-se variabilidade genética para todos os caracteres, sendo possível o estudo das correlações. As características AH e PMV apresentaram correlação elevada (0,81 e 0,79, respectivamente) e alto efeito direto (0,65 e 0,58) sobre PA. Dessa forma, o incremento na produção de etanol pode ser obtido com a seleção de materiais com maior PMV e AH. O caráter Brix apresentou a maior correlação (0,82) com PA, porém o efeito direto foi muito baixo (0,03), sendo o efeito indireto via AH de alta proporção (0,64). Os outros caracteres apresentaram correlação média (em torno de 0,60), e todas apresentaram baixo efeito direto sobre PA, sendo AH a característica com maior efeito indireto sobre todas as outras. Dessa forma, PMV e AH podem ser utilizados na seleção indireta de cultivares com maior produção de etanol.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L.) Moench; biocombustível; melhoramento de plantas.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG, EMBRAPA

ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM SORGO GRANÍFERO.

Luciane Gonçalves Torres^{1*}; Crislene Vieira dos Santos¹; Cicero Beserra de Menezes³; Ruane Alice da Silva¹; Celso Henrique Tuma e Silva¹; Dalila Dominique Duarte Rocha¹; Emily dos Santos Pereira².

¹Universidade Federal de São João del Rei. ²Universidade Federal de Viçosa. ³Embrapa Milho e Sorgo. *E-mail do autor para correspondência: lucianetorres21@hotmail.com

O sorgo granífero é um dos cereais mais cultivados no mundo, e expressa altas produtividades e bom desempenho agrônômico no período de safrinha. Através de estudos de análise de trilha, os trabalhos realizados no melhoramento de sorgo granífero têm se concentrado na seleção de características associadas à produtividade de grãos. O objetivo desse estudo foi avaliar as características: florescimento (FLOR), altura de plantas (AP), comprimento de panículas (CP) e a doença foliar helmintosporiose (HM), como componentes-resposta para a produtividade de grãos (PG). O experimento foi conduzido no ano agrícola de 2014/15, na Embrapa Milho e Sorgo, com um total de 141 híbridos experimentais e 3 comerciais. Adotou-se o delineamento de blocos casualizados, com parcelas de 5m² de área útil. Realizou-se a análise de variância, resultando em valores significativos ao nível de 1% para todos os caracteres. Foi procedida a estimativa dos coeficientes de correlação genotípica, e a análise de trilha, tendo fixada a produtividade de grãos. A característica AP obteve maior correlação (0.30) com PG, apresentando efeito direto médio (0.50), expressando uma associação diretamente proporcional e favorável, quanto à PG, indicando que a seleção por AP pode induzir aumento substancial para tal. Já a característica que denotou em maior efeito direto sob PG foi HM (-0.78), contudo a correlação desta com PG foi muito baixa (0.01), sendo pouco explicativa. Os resultados inversamente proporcionais do efeito direto, indicam que, plantas com menores notas para helmintosporiose apresentaram maiores valores de PG. Para CP tanto a correlação (-0.25) com PG quanto o efeito direto (-0.60) foram responsivos negativamente, mas com correlação baixa, e efeito direto alto para PG, indicando que a seleção de panículas menores pode induzir a maiores produtividades. E com relação à FLOR, observou-se o menor efeito direto (-0.30), e correlação baixa, de -0.21, sendo a que menos influenciou na explicação da variável básica, com baixa indicação desta para seleção de PG. Com base em todos os resultados admitidos foi constatado que, HM, AP e CP são as variáveis que mais contribuem para PG, e que todos os caracteres estudados somam cerca de 77% dos fatores que explicam a PG, com uma porção de 23% de outras interações que compõem a variabilidade dessa característica.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L.) Moench; análise de trilha; produtividade de grãos.

Agradecimentos: EMBRAPA, UFSJ, CNPq e FAPEMIG pelo apoio financeiro e possibilidade de realizar este trabalho.

ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE RENDIMENTO DE ESPIGA EM MILHO SUPERDOCE

Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves^{1*}, José Arantes Ferreira Júnior¹, Ismael Albino Schwantes¹; Nayara Norrene Lacerda Durães¹, Janeo Eustáquio de Almeida Filho¹; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹; Messias Gonzaga Pereira¹

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes Darcy Ribeiro.
*E-mail do autor para correspondência: gabriel.agrobio@gmail.com

O Brasil apresenta grande potencial para produção de milho doce, sendo uma das limitações do seu cultivo a baixa disponibilidade de cultivares. Neste sentido o conhecimento das relações existentes entre caracteres, tais como estimados pela análise de trilha, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao melhorista no processo de seleção. Neste estudo, o objetivo foi identificar os efeitos diretos e indiretos de caracteres de milho superdoce sobre a variável rendimento de espiga sem palha, considerada como básica. Foram utilizados 18 híbridos dialélicos, sendo suas populações genitoras de base, CIMMYT8 e Piranão8, retrocruzadas com duas populações portadoras do gene mutante *shrunk-2* (sh2) (SH2 e SH28HS). Para o ensaio dialélico, foram avaliados dois experimentos em blocos completos casualizados com 4 repetições de parcelas de fileiras únicas de 3 m, nos municípios de Itaocara e Campos dos Goytacazes – RJ, na safra 2016/2017. Foram utilizadas como variáveis explicativas: a granação (GRN), o diâmetro de espiga (DES), o número de fileiras por espiga (NFE), o número de grãos por fileira (NGF), a relação entre a largura e espessura de grãos (LE), o comprimento de espiga útil (CES), a altura de inserção da espiga (AE), a altura de plantas (AP) e o florescimento feminino (FLO). O diagnóstico de multicolinearidade indicou uma colinearidade fraca (21,47), deste modo, não foi necessária a transformação de dados para a melhoria das relações entre as variáveis, nem a exclusão de variáveis. Verificou-se que as variáveis utilizadas explicaram 87,46% da variação no RES (R^2). Pela análise de trilha, apenas três caracteres, sendo estes o DES (0,79), o CES (0,33), e a AP (0,78) apresentaram efeitos diretos significativos na variável básica, onde destas, apresentaram alta correlação com o RES apenas o DES (0,64) e o CES (0,74). As variáveis GRN, AP e FLO, apresentaram os maiores efeitos diretos negativos e também as maiores correlações negativas no rendimento de espiga sem palha. Isto posto, pode-se concluir que plantas com menor altura e maior precocidade no florescimento, irão contribuir para o aumento do RES. Neste sentido, a melhor estratégia seria a seleção simultânea de caracteres, enfatizando-se as características cujos efeitos diretos, tanto positivos como negativos, são mais elevados.

Paravras-chave: *shrunk-2*; *Zea mays* L.; melhoramento genético.

Agradecimentos: UENF, CAPES e FAPERJ.

ANÁLISE DE TRILHA PARA OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM *Phaseolus vulgaris* L.

Priscila Carvalho da Silva^{1*}; Vander André Berres¹; Everson Rader¹; Caroline Alves Gabbi¹; Kamila Savala Pereira¹; Liliam Silvia Candido¹.

¹Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados-MS/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: carvalhopris@hotmail.com

Apesar do Brasil estar entre os maiores produtores mundiais de feijão, a produtividade média da cultura é baixa, entre outras razões, devido as variações do ambiente que influencia seu desempenho, resultando em baixa produtividade e instabilidade ao longo dos anos. Assim, informações que possam ajudar a compreender a associação entre os componentes de produção, representa grande contribuição para os programas de melhoramento da cultura. A análise de trilha permite compreender as causas envolvidas nas associações entre caracteres decompondo a correlação em efeitos diretos e indiretos, por meio de uma variável principal. Este trabalho objetivou avaliar os efeitos diretos e indiretos dos componentes de produção sobre a produtividade, visando auxiliar o processo de seleção de linhagens. O experimento foi conduzido na Universidade Federal da Grande Dourados (MS), no período da seca, com semeadura em março de 2015. Foram avaliadas 20 linhagens de feijão, em delineamento de blocos casualizados, com 3 repetições. Avaliou-se o efeito da altura de plantas (AP), do número de vagens por planta (NVP), do número de grãos por vagem (NGV), dos dias para maturação (MTR) e da massa de 100 grãos (M100) sobre a produtividade (PROD). De acordo com o R^2 , 91% da PROD pode ser explicada pelos efeitos das características avaliadas. A variável NVP apresentou o maior efeito direto sobre a PROD, representando a maior parte da correlação fenotípica entre PROD e NVP (0,72). A correlação fenotípica entre MTR e PROD foi 0,73, sendo que apenas 0,31 foi ocasionado pelo efeito direto da MTR. As demais contribuições para a correlação foram principalmente do efeito indireto de M100 e NVP via MTR sobre a PROD. A correlação entre M100 e PROD foi 0,70. Esses resultados indicam alta associação de PROD com MTR e M100, e conseqüentemente de MTR e M100. Possivelmente, o maior período de maturação acarreta aumento da massa de grãos, uma vez que a planta tem mais tempo para acumular massa seca, contribuindo para o incremento da produtividade. MTR e M100 também exerceram valores indiretos positivos via NVP e AP na PROD. Apesar do efeito direto de NGV sobre PROD ter sido relativamente alto (0,35), a correlação entre as duas características foi 0,18. Isso pode ter ocorrido devido ao efeito indireto e negativo de NVP, MTR e M100 via NGV sobre PROD. Desta forma, os componentes de produção NVP, M100 e MTR poderão ser utilizados para obtenção de maior PROD com a seleção indireta. Já o NGV demonstrou efeito indireto negativo sobre as demais características, implicando em menor PROD.

Palavras-chave: feijão-comum; relação de causa e efeito; correlação.

ANÁLISE DIALÉLICA DE LINHAGENS PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Alã Vito Moleta¹; Emanuel Gava²; Diego Fernando de Marck³; Gabriela Santos de Oliveira¹; Camila Bastos Ribeiro Rezende⁴; Marcos Ventura Faria⁵

¹Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. ²Mestrando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR. ³Fertizan, Guaraniaçu-PR. ⁴Pós-doutoranda PPGA – UNICENTRO, Guarapuava-PR. ⁵Professor Associado do Departamento de Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. E-mail alav_moleta@hotmail.com.

Em programas de melhoramento de milho, o uso de topcrosses é de grande valia para seleção de linhagens e de testadores, bem como os dialelos são úteis na obtenção de estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) e no estudo da heterose visando incrementos na produtividade de grãos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a capacidade de combinação de linhagens parcialmente endogâmicas (S_3) de milho, testadores, e seus respectivos híbridos *topcrosses* do programa de melhoramento da UNICENTRO, para produtividade de grãos. O experimento foi conduzido nas safras 2015/16 e 2016/17 no *campus* CEDETEG da Universidade Estadual do Centro-Oeste, em Guarapuava-PR. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições. Os híbridos *topcrosses* foram oriundos do cruzamento de 30 linhagens S_3 (da pop 203, proveniente do híbrido comercial AS6015) com duas linhagens testadoras (LEM2 e LEM3), que foram avaliados em esquema de dialelo parcial. Foi avaliada a produtividade de grãos (PG). Os dados obtidos foram submetidos à análise dialélica conjunta pelo programa estatístico GENES. Verificaram-se diferenças significativas entre os tratamentos, com significância ($p < 0,01$) da CGC e CEC. Em relação a CGC da PG as linhagens que se destacaram positivamente foram 203-16.5 com 1,52 t ha⁻¹, 203-218.3 com 1,23 t ha⁻¹ e 203-216.2 com 1,30 t ha⁻¹. Vários cruzamentos apresentaram estimativas positivas da CEC para PG, dentre eles destacam-se os híbridos *topcrosses* 203-96.3 x LEM3, 203-11.2 x LEM2, 203-110.3 x LEM2, 203-133.1 x LEM3¹ e 203-16,5 x LEM2 com estimativas da CEC acima de 2,28 t ha⁻¹. A linhagem 203-16.5 se destacou das demais tanto na CGC, por apresentar valor positivo elevado, quanto na CEC pela contribuição para o híbrido 203-16.5 x LEM2. As linhagens que se destacaram devem permanecer no programa de melhoramento de modo a reafirmar seu potencial para produtividade de grãos.

Palavras-chave: *Zea mays*, capacidade combinatória, melhoramento genético.

Agradecimentos: CNPq e Fundação Araucária.

ANÁLISE DIALÉLICA E PREDIÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES NÃO FORMADOS ENTRE LINHAGENS DE MILHO PIPOCA

Maurício Carlos Kuki^{1*}; José Lidércio Matias Júnior²; Ronald José Barth Pinto¹;
Filipe Augusto Bengosi Bertagna¹; Marcelo Akira Saito¹; Jonas Dante³;
Giovanna Dallago Garcia³

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. ²Pesquisador, LG Sementes. ³Universidade Estadual de Maringá. *E-mail do autor para correspondência: mcarloskuki@gmail.com

O milho pipoca é um alimento consumido e apreciado em todo o mundo, apresentando valor comercial superior ao do milho comum. O desenvolvimento de novos genótipos é fundamental para atender a demanda do mercado interno brasileiro. Esquemas dialélicos geram uma grande quantidade de cruzamentos, o que pode resultar em experimentos desbalanceados. O uso dos métodos REML/BLUP proporcionam resultados satisfatórios em situações com dados desbalanceados, além da predição do desempenho de cruzamentos não formados. O presente trabalho teve como objetivo selecionar linhagens de milho pipoca com base na capacidade combinatória, além da predição do desempenho de híbridos simples não testados. Dezesesseis linhagens foram inter cruzadas em um dialelo parcial 9x7, contudo, foi possível a avaliação de apenas 47 cruzamentos. Dois ensaios foram conduzidos no ano agrícola de 2012/13 (Maringá – PR e Londrina – PR). O delineamento experimental adotado foi o de grupos de experimentos com três tratamentos em comum. A parcela consistiu em uma fileira de 5 metros, espaçadas em 0,9 metros. As características avaliadas foram rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Os dados foram submetidos a análise de deviance, e a partir das médias estimadas de cada cruzamento foi realizada a análise dialélica e a predição dos híbridos não avaliados via modelos mistos, utilizando o procedimento REML/BLUP. Para a interação tratamentos x locais, os efeitos foram considerados não significativos, permitindo uma análise dos resultados com base na média de cada tratamento em ambos locais. Nenhum dos híbridos avaliados apresentou superioridade para RG e CE simultaneamente, evidenciando a dificuldade na obtenção de novos híbridos com elevado rendimento e capacidade de expansão. Com base nos efeitos aditivos para RG, as linhagens P5-1, P3.3T e GER-P3 foram selecionadas por apresentar efeitos de elevada magnitude. Para capacidade de expansão, as linhagens P9-1, P12-2 e GER-P12 deverão ser utilizadas na formação de sintéticos com elevadas médias. O híbrido P3.3T x GER-P12 foi selecionado por apresentar desempenho específico superior aos demais. Entre os híbridos não avaliados, nenhum apresentou desempenho satisfatório para as características. O valor das correlações entre as médias e a capacidade específica de combinação dos híbridos não avaliados variou de 0.22 a 0.55, sendo consideradas de baixa e média magnitude.

Palavras-chave: Modelos mistos; análise de deviance; capacidade de expansão.

ANÁLISE DIALÉLICA PARCIAL NA CULTURA DA SOJA PARA SELEÇÃO DE GENITORES QUANTO À PRECOCIDADE E PRODUTIVIDADE

Thays Vieira Bueno^{1*}; Thiago José da Silva¹; Rosângela Maria Barbosa¹; Felipe Lopes da Silva¹; Pedro Crescêncio Souza Carneiro¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: thaysvieirabueno@gmail.com.

A seleção de genitores e a identificação de cruzamentos superiores são etapas importantes no desenvolvimento de cultivares nos programas de melhoramento. Desse modo, a análise dialélica é uma ferramenta importante, pois permite estimar a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação de genitores. O objetivo do trabalho foi avaliar populações F₁ de soja oriundas de cruzamentos sob esquema de dialelo parcial, para a seleção de genitores precoces e com alto potencial produtivo, baseando-se nas estimativas das CGC e CEC. Sete cultivares de soja foram cruzadas em esquema de dialelo parcial 3x4, em que o grupo I foi composto por três cultivares com alto potencial de produção (UFV 18, UFVS 2011 e UFV 16) e o grupo II por quatro cultivares comerciais, com alto potencial de produção e ciclo precoce (FPS Netuno RR, BMX Potência RR, Anta 82 RR e TMG 1174 RR). O experimento foi realizado em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, cujo delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com cinco repetições. Os tratamentos consistiram de 12 populações F₁ e sete genitores, totalizando 19 tratamentos. As características avaliadas foram: número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM) e massa de grãos por planta (MGP). Houve efeito de tratamentos (p<0,01) para todas as características avaliadas, o que evidencia a existência de diferenças genéticas entre as populações F₁ e os genitores. Para NDF, os genitores do grupo I que apresentaram menores estimativas de CGC foram UFV 16 (-1,14) e UFVS 2011 (-1,01). Os genitores do grupo II que apresentaram menores estimativas de CGC foram Anta 82 RR (-1,52) e FPS Netuno RR (-1,37). Ou seja, esses genitores possuem superioridade quanto à frequência de alelos para a redução no NDF em comparação aos demais genitores. As menores estimativas de CEC para essa característica foram das combinações híbridas UFVS 2011/FPS Netuno RR e UFV 16/BMX Potência RR. Em relação ao NDM, verificou-se que os genitores UFV 16 e UFVS 2011 apresentaram as menores estimativas de CGC do grupo I, respectivamente, -3,74 e -2,46. Não houve diferença para CGC entre genótipos do grupo II. Para MGP, o genitor UFV 18 apresentou a maior estimativa de CGC, 0,66, e a combinação híbrida UFV 18/TMG 1174 RR foi a que apresentou a maior estimativa de CEC, 3,30. Portanto, as cultivares UFVS 2011, UFV 16 e Anta 82 RR são genitores promissores para redução de ciclo da cultura, e a cultivar UFV 18 para aumento da produção por planta.

Palavras-chave: cultivares precoces; dialelo parcial; *Glycine max* (L.) Merr.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo apoio financeiro.

ANÁLISIS DE LA DISTANCIA GENÉTICA Y LA APTITUD COMBINATORIA ENTRE LÍNEAS DE ARVEJA DE DIFERENTES ORÍGENES GEOGRÁFICOS COMO PREDICTORES DE PROGENIES F₁ CON UN ELEVADO EFECTO HETERÓTICO

Romina M. Cattaneo¹; Enrique L. Cointry²;

^{1,2} IICAR, Zavalla/Santa Fe/ Argentina. email:romicatta@hotmail.com

El desarrollo exitoso de nuevas variedades depende fundamentalmente de la selección de líneas a usar como progenitores de manera tal que, al ser cruzados, generen una progenie F₁ con un elevado efecto heterótico. El uso de la aptitud combinatoria general (ACG) como predictor de estas progenies F₁, es el criterio mayormente utilizado para la selección de padres. Otro parámetro de predicción utilizado es la estimación de las distancias genéticas (DG) entre las líneas a hibridar, basándose en el hecho de que las diferencias genéticas entre los padres constituye la causa primaria de la heterosis. El objetivo de este trabajo fue estimar la utilidad de las medidas de DG y ACG de los parentales como predictores de progenies F₁ heteróticas. Se utilizaron 12 variedades de arveja provenientes de 4 diferentes orígenes geográficos: Hohen Heiner, Miranda, Ilca 5115 (Europa), Patani, Mattar, DDR 14 (India), Accord, Granada, Gypsy (USA), N° 4476, Cuarentinas y Arvejas Amarillas (América del Sur). Estas fueron cruzadas mediante un esquema dialélico de media matriz. Los parentales y F₁ fueron sembradas durante el año 2015 en un diseño experimental de bloques aleatorizados en dos repeticiones. Se evaluó altura de planta, días a floración, n° de vainas, n° de semillas, diámetro promedio de semilla, peso de 100 semillas y rendimiento. Estas variables se utilizaron para determinar las DG entre los padres a partir del cálculo de las distancias Euclídeas. Los datos referidos a la variable rendimiento se utilizaron para el cálculo de la ACG de los padres y el valor de heterosis con respecto al progenitor de mayor valor (HBP) para todas las cruza. Los valores de HBP (%) muestran un amplio rango de variación desde -99,33% (Hohen Heimer x Cuarentinas) a 180,37% (DDR 14 x Gypsy). Las variedades Miranda, Cuarentinas y Arvejas Amarillas exhibieron efectos deseables de ACG para la variable rendimiento. De los 26 híbridos obtenidos de las combinaciones de estos tres parentales por los restantes parentales, 20 cruza (76,9%) manifestaron altos valores de HBP. 15 combinaciones híbridas presentaron padres con altas DG. De estas, solo 8 cruza (53,3%) presentan altos valores de HBP. El coeficiente de correlación entre DG y HBP fue negativo y bajo ($r = -0,1$). En conclusión, las cruza obtenidas de los padres con elevada ACG presentaron en un 76,9 % valores deseables de HBP. Los padres presentaron DG significativas, pero aun así no fueron buenos predictores de HBP (53,3%). Por lo tanto podemos deducir que el uso de la ACG de los parentales es la medida más eficaz para predecir cruza con elevado valor heterótico.

Palabras claves: Aptitud Combinatoria General; Distancia genética; Heterosis.

ANÁLISIS DE LA VIDA EN ESTANTERÍA EN FRUTOS DE TOMATE CON INTROGRESIÓN DE *Solanum habrochaites*

Graciela Caruso^{1,3}; Viviana Gabriela Broglio^{1,2} y Sergio Feingold⁴
Universidad Nacional de Salta, Argentina (¹Facultad de Ciencias Naturales, ²Sede Metán, ³Sede Orán), ⁴INTA-Balcarce. e-mail: gbcaruso67@gmail.com

La Vida en Estantería de los frutos de tomate (VE) es un carácter de gran valor para productores y consumidores, por lo que las iniciativas para extenderla han adquirido especial consideración en las últimas décadas. Como otros caracteres complejos, el mejoramiento dirigido a su incremento requiere del conocimiento de sus bases genéticas y del entendimiento de los factores asociados. Se realizó un ensayo en invernadero (DBA) basado en las líneas *S. lycopersicum* cv Uco Plata INTA (UP) y la línea de premejora FCN13.1.6.1 (FCN) con introgresión de *S. habrochaites* y las poblaciones F1 y F2 derivadas. Se cosecharon frutos en estado pintón y se estimó la vida en estantería en días (VE) y la pérdida de peso (Deshidratación). Se estimaron: Heredabilidad en sentido amplio, repetibilidad, efectos génicos, segregación transgresiva. Se evaluaron correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales entre la VE y otros caracteres de calidad de fruto y se realizó un análisis de sendero (paquete 'lavaan'-R) para interpretar la relación directa e indirecta con la VE. La línea FCN (VE=35 días) superó al promedio de UP (25 días), incrementando un 38% la duración de los frutos. El 10% de genotipos F2 superaron el máximo esperado de FCN (segregación transgresiva), lo que pone en evidencia lo promisorio de las descendencias de FCN para incrementar la VE. El *efecto aditivo* y el *de dominancia* fueron de 4,865 días y 0,745 días respectivamente. No se detectaron diferencias respecto al modelo aditivo-dominante. La Heredabilidad en Sentido Amplio fue de 52,85 días. Para los parentales, considerando 4 frutos al azar, la repetibilidad fue alta (coeficiente de determinación (R²) superior a 0,9), pero al considerar los promedios de dos períodos de cosecha, se redujo a 0,08 (UP) y 0,52 (FCN), indicando baja repetibilidad entre estaciones y la necesidad considerar la variación temporal y espacial. Los bajos coeficientes de repetibilidad obtenidos en F2 indican baja confiabilidad de la discriminación genotípica entre plantas. Dentro de cada línea los frutos que sufren una mayor pérdida de agua por gramo, presentan mayor vida poscosecha. La Deshidratación/gr fue la variable con mayor correlación genética (R²=0,633), mostrando un efecto directo importante y actuando como intermediaria de los efectos de otras variables como el peso, la forma o la fecha de cosecha.

Palabras claves: vida poscosecha; repetibilidad; análisis de sendero

Apoyo económico: Consejo de Investigación y Facultad de Cs. Naturales, Universidad Nacional de Salta.

ANÁLISIS DE LOS EFECTOS DE INTROGRESIONES DE *Solanum habrochaites* SOBRE CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN TOMATE

Viviana Broglia^{1,2,3}; Graciela Caruso^{2,4}; Claudio Budde⁵; Gustavo Rodriguez¹

¹Posgrado de la Facultad de Ciencias Agrarias - Universidad Nacional de Rosario.

²Facultad de Ciencias Naturales, ³ Sede Metán, ⁴ Sede Orán- Universidad Nacional de Salta, Argentina. ⁵INTA San Pedro. e-mail: brogliag@yahoo.com

A lo largo de la domesticación y mejoramiento genético del tomate se alteraron conjuntos particulares de caracteres como tamaño, forma, color; a su vez, como consecuencia de la deriva y la selección, se redujo su variabilidad genética. Con el objetivo de ampliar la base genética del tomate, el Programa de Mejoramiento de la Universidad Nacional de Salta aplicó la introgresión de genes de *S. habrochaites* como estrategia para obtener líneas de premejora, entre ellas FCN93-6-2(FCN). Esta línea presenta resistencia a insectos, frutos con alta vida en estantería, color rojo intenso, alto contenido de sólidos solubles, aunque bajo peso (30g). Tanto en la elección de los cultivares por parte de los productores, como en la demanda por parte de los consumidores, componentes de productividad y de calidad de frutos entre ellos peso, color, forma, contenido de sólidos solubles y vida en estantería juegan un rol muy importante. Para incorporar genes que incrementen el tamaño de los frutos en FCN se utilizó la línea LC138 INTA La Consulta (LC). Con el objetivo de estudiar las consecuencias del aporte de los genes silvestres sobre caracteres de calidad de fruto se evaluaron las líneas progenitoras FCN y LC, F1 y 206 genotipos F2. Se consideraron vida poscosecha (VE), peso (P), diámetro (D), alto (A), consistencia (Cs), deshidratación (Dh), Color (C) y variables CIELab, contenido de sólidos solubles (SS) y pH. Se compararon las líneas y se puso a prueba la existencia de herencia transgresiva y efecto materno y estimó H^2 . VE y el resto de las variables, excepto Cs, presentaron diferencias altamente significativas entre parentales ($p < 0,0001$). Se detectó segregación transgresiva respecto a ambos padres para las variables P, A, C, SS y Hue, y respecto a FCN para VE, Dh, D y pH. No se detectaron efectos diferentes a la dominancia y aditividad. Las heredabilidades de los diferentes caracteres estuvieron en el rango de 0,32 (X y L CIELab) y 0,20 (pH). La F2 presentó en promedio un color rojo más intenso y alto SS indicando producción de frutos más sabrosos con dominancia de FCN. F2 evidenció un amplio rango de variabilidad para todos los caracteres estudiados superando lo esperado a partir del fenotipo de FCN y LC. Los genotipos segregantes destacan la importancia del uso de germoplasma silvestre para ampliar la base genética y fenotípica del tomate, de fundamental importancia para el mejoramiento.

Palabras claves: vida poscosecha; introgresión silvestre; calidad de fruto

Apoyo económico: Facultad de Ciencias Naturales. Consejo de Investigación UNSa

ANÁLISIS DE TRILLA PARA SELECCIÓN DE CARACTERES FENOTÍPICOS EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE MAÍZ SOMETIDOS A ESTRÉS HÍDRICO

Amalio Mendoza¹; Orlando Noldin¹; Guillermina Macchi²; Enrique Benitez²

¹Programa de Investigación Maíz Sorgo y Girasol. Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Centro de Investigación Capitán Miranda. Capitán Miranda, Paraguay.

²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Asunción. San Lorenzo, Paraguay.

*Autor para correspondencia (amalio.mendoza@hotmail.com)

La correlación entre caracteres es importante para la selección de genotipos superiores por medio de la selección simultánea de caracteres. Así, el objetivo de este trabajo fue estimar la relación directa e indirecta de los caracteres fenotípicos para la selección en familias de medios hermanos de maíz sometido a estrés hídrico. El experimento fue realizado en Campo Experimental de Chore, del Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria Departamento de San Pedro, Paraguay. El diseño experimental consistió en Tratamientos regulares y no regulares (familias con testigos intercalados) con 160 familias de medios hermanos y 2 testigos La unidad experimental consistió de una hilera de 2,0 m de largo correspondiente a cada familia, con 0,50 m de separación totalizando 10 plantas por hilera. La implantación del experimento fue en casa de vegetación con la restricción del agua 10 días antes y hasta 10 días después de la floración. Fueron analizados los siguientes caracteres: rendimiento, en kg ha⁻¹ (RG); longitud de raíz (LR) en (cm), número de raíces (NR), intervalo de floración masculina y femenina (ASI) y número de ramificación de panícula (NRP). Para la evaluación de los datos se realizó el análisis de trilla. Según los resultados se observó que la LR y NR fueron los que presentaron mayores efectos directos favorables sobre el RG con valores de 0,1902 y 0,3226, respectivamente. Esto indica que la LR y NR son los mejores caracteres para la selección indirecta para rendimiento de granos. Las variables NR, NRP y ASI presentaron correlaciones bajas, pero positivas de efecto indirecto vía LR actuando sobre el RG de forma indirecta. ASI presentó efecto directo negativo (-0,2040) lo que indica que un aumento en este carácter puede influenciar negativamente el rendimiento de granos. En este sentido, la variable ASI no se muestra como buena característica para selección indirecta. El coeficiente de determinación del modelo de trilla R² fue baja (0,2428) y en todos los caracteres evaluados se observa que ningunos de ellos superaron el efecto residual (0,8701), lo cual demuestran que los caracteres analizados no causan mayores cambios en el carácter principal. Los caracteres LR y NR son los que presentaron mayores efectos directos sobre el rendimiento de granos. Un aumento en el intervalo de floración masculina y femenina tiene efecto negativo sobre el rendimiento de granos.

Palabras clave: *Zea mays* L.; efecto directo e indirecto; tolerancia a sequía.

APPLICATION OF MULTI-ENVIRONMENT BAYESIAN MODELS TO STUDY GENOTYPE-BY-ENVIRONMENT INTERACTION IN MAIZE

Kaio Olímpio das Graças Dias¹; Maria Marta Pastina²; Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães²; Jhonathan Rigal Pedroso dos Santos³; Matheus Dalsente Krause³; Luís Felipe Ventorim Ferrão¹; Antonio Augusto Franco Garcia⁴

¹Pos Doc at Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- USP, Departamento de Genética, Piracicaba, SP, Brasil. (kaioolimpio@gmail.com); ²Researcher at Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil; ³Graduate Student in Genetics and Plant Breeding, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- USP, Departamento de Genética, Piracicaba, SP, Brasil; ⁴Professor at Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- USP, Departamento de Genética, Piracicaba, SP, Brasil.

Proper understanding of genotype-by-environment interaction (GxE) is one of the greatest challenges faced by plant breeders. Several modelling approaches have been developed to explore GxE, being the most appealing ones that consider modelling the genetic variance-covariance (VCOV) matrix across environments. Therefore, the goal of this study was to evaluate the GxE of single-cross maize hybrids in multi-environment trial (MET) analysis modelling different VCOV structure via Bayesian approach. Field data comprise 36 single-cross maize hybrids evaluated at 10 environments (combinations of locations and seasons “safra” or “safrinha” in Brazil in 2012 using lattice design (6x6) with 2 replications. Grains of each plot were weighed, corrected for 13% moisture, and converted to tons per hectare. All analysis were fitted using the statistical package MCMCglmm in R software. Genetic correlation varied considerably between pair of environments, varying from -0.014 to 0.723. Estimates of deviance information criteria (DIC) ranged from 2323.48 to 2142.24 among the tested models. In all cases, models that consider heterogeneity of variance for residuals presented higher goodness-of-fit values than models with homogeneity of variances. Our results suggested that Bayesian modelling of VCOV across environments represents an efficient and a promising way to perform MET analysis. Models that borrow information across environments, such as UN (unstructured) with heterogeneity of variance showed the best results based on DIC. Moreover, information from molecular markers and pedigree can be easily incorporated to the model. Based on the used model it was possible to identify mega-environments and select hybrids stable across “safra” and “safrinha” or select hybrids for specific season. Once we are doing Bayesian analysis, the prior knowledge can be incorporated to the model, once it is available. This kind of Bayesian model has potential to be implemented in plant breeding programs.

Key words: Plant Breeding; Multi-Environment Trials; GxE.

Acknowledgment: Fapesp (Processo 2016/12977-7), Fapemig and CNPq for the financial resources and Embrapa Milho e Sorgo for the data.

ASSESSING THE TOLERANCE TO ASIAN RUST IN CONVENTIONAL AND TRANSGENIC SOYBEAN TECHNOLOGIES USING MIXED MODELS, ADAPTABILITY AND STABILITY PARAMETERS

Felipe Maniero Nazato¹; Natal Antonio Vello¹; Pedro Augusto Medeiros Barbosa¹; Fernando Garcia Espalador¹; Claudinei Antonio Didoné¹

¹ University of São Paulo, College of Agriculture “Luiz de Queiroz”, Department of Genetics.

* E-mail: felipe.nazato@usp.br

Tolerant cultivars represent a complementary strategy that can be used to control Asian soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*). Therefore, this research assessed the tolerance of conventional and transgenic (RR, herbicide tolerant) soybean to rust by estimating the genotypic values, adaptability and stability parameters for seed yielding (PG, kg.ha⁻¹) based on REML/BLUP (restricted maximum likelihood/best linear unbiased predictor) analysis. One hundred experimental lines (50 conventional and 50 RR) developed from two 5x2 partial diallel were evaluated. Both diallel crosses consisted of five high oil yielding parents in crosses with two conventional elite cultivars (first diallel) and their essentially derived RR versions (second diallel). The conventional and RR technologies had different herbicide managements. For each technology, 12 environments were considered by the combination of three years, three locations and two fungicide managements (O&P = fungicides for rust control, D = fungicide for other diseases, except rust). The experiments were designed in randomized blocks with two replications. The genotypic values for PG were estimated using REML/BLUP and considering genotypes as random effects. Thereafter, the harmonic mean of relative performance of genotypic values was estimated for each line under rust control (M-O&P) and no rust control (M-D). Median values were used to indicate the most productive, stable and adapted genotypes for non-rust environments (M-O&P \geq 2790 kg.ha⁻¹) and in environments with the presence of rust (M-D \geq 2471 kg.ha⁻¹). The lower the difference between M-O&P and M-D, the higher the rust tolerance degree of the genotype. It was found that 32% of conventional and 52% of RR lines were productive, stable and adapted for both fungicide managements. The highlights were two conventional (G76 and G77) and six RR (G15, G27, G32, G39, G42 and G46) lines also classified as more rust tolerant. There was a clear tendency that rust tolerance was concentrated in genotypes with higher stability in both fungicide managements. It was concluded that: a) the RR technology showed tendencies to be more efficient than the conventional one for rust tolerance and PG; b) in both technologies, superior lines were obtained for rust tolerance, adaptability, stability and PG; c) the tolerance to rust was directly associated with stability.

Keywords: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; fungicide managements

Acknowledgements to CAPES, CNPq and FAPESP for financial support.

ASSOCIAÇÃO ENTRE SEVERIDADE DE MANCHA ANGULAR E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM LINHAGENS ELITE DE FEIJÃO

Letícia Prada de Miranda¹; Paula Furtado de Pádua²; Ângela de Fátima Barbosa Abreu³; Magno Antonio Patto Ramalho⁴

¹UFLA. ²UFLA. ³Embrapa Arroz e Feijão. ⁴UFLA. *leticiapradam@gmail.com

Entre as etapas dos programas de melhoramento a fase que antecede a recomendação aos agricultores é a mais importante. Nessa fase, não só a produtividade de grãos é importante, mas também o comportamento da linhagem com relação a estresses bióticos e abióticos. Entre estresses bióticos do feijoeiro, a severidade da mancha angular causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* se destaca. Deve ser enfatizado que o método de condução da população segregante mais utilizado no feijoeiro é o bulk/F₂. Quando se utiliza esse método, no final do processo não se obtém uma única linhagem, mas uma mistura de linhagens puras. Esse trabalho teve por objetivo verificar a associação entre a nota de severidade de mancha angular e a produtividade de grãos e também verificar se no final do processo de avaliação das progênies conduzidas pelo método do bulk/F₂, ocorre diferença na severidade da doença entre e dentro das progênies. Foi conduzido em campo, semeadura em novembro de 2016, um experimento com 64 progênies (F_{2:10}), com duas repetições e parcela de uma linha de 2 metros, sendo obtida a produtividade de grãos. As mesmas progênies foram inoculadas com o fungo causador de mancha angular e conduzidas em casa de vegetação em março de 2017, com objetivo de avaliar a severidade da enfermidade. A inoculação foi realizada com a raça 63-63 do patógeno. Quinze dias após a emergência foi realizada a avaliação. Utilizou-se uma escala de notas variando de 1 a 9, sendo 1 a mais resistente e 9 a mais suscetível. Constatou-se que ocorreu variação entre as progênies para produtividade de grãos e severidade de Mancha Angular. 79,69 % das progênies foram resistentes, notas inferiores a 3,0. A correlação genética entre a produtividade e severidade de mancha angular foi de pequena magnitude (rg= 0,15). Como esperado ocorreu variação na severidade da doença dentro das progênies. Essa variação ocorreu predominantemente dentro das mais suscetíveis.

Palabras clave: Melhoramento feijoeiro; resistência a patógenos; *Phaseolus vulgaris*

Agradecimento: Fapemig, Capes e CNPq.

ASSOCIAÇÃO FENOTÍPICA ENTRE OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Rossiane Oliveira Vilela¹; Gabriel Mendes Vilella¹; Laís Moretti Tomé¹;
Fernando Pereira de Vasconcelos¹; Monique Carolina Nunes Fernandes¹;
Flávia Barbosa Silva Botelho¹.

¹Universidade Federal de Lavras/UFLA - Departamento de Agricultura - Lavras - MG/Brasil.

*E-mail: ro.vilela.6@gmail.com;

O arroz é a fonte básica na alimentação de mais da metade da população mundial e há previsão da expansão de seu consumo nos próximos anos. Assim, almeja-se com o auxílio do melhoramento genético a ampliação da produtividade de grãos para a manutenção e sustentabilidade da cultura de arroz no país em sistema de produção de terras altas (sequeiro). A produtividade de grãos em arroz é determinada por quatro componentes de produção, são eles: número de panículas por metro² (NP), porcentagem de grãos cheios (GC), número de grãos por panícula (GP) e peso de 100 grãos, em gramas (PE). Assim, objetivou-se estimar as correlações existentes entre os componentes de produção na verificação do comportamento desses caracteres na produtividade de grãos, auxiliando no direcionamento da seleção pelo melhorista. O experimento foi conduzido no município de Lavras, Minas Gerais, na safra 2016/17 com 20 linhagens do ensaio de VCU do programa de melhoramento de arroz de terras altas da UFLA, em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e Epamig. Utilizou-se delineamento em blocos ao acaso, com três repetições e parcelas constituídas por cinco linhas de quatro metros, espaçadas a 0,35 metros. Os caracteres avaliados foram os componentes de produção (NP, GC, GP e PE) e a produtividade de grãos estimada (kg.ha⁻¹). Os dados foram submetidos à análise de variância com auxílio do software GENES e foram estimadas as correlações fenotípicas. Verificou-se significância para todos os caracteres e a acurácia variou entre 73% a 91%, indicando alta precisão e confiabilidade na execução do experimento. Todas as correlações fenotípicas entre os componentes de produção e a produtividade estimada foram significativas e positivas, fato este esperado, visto que, trata-se de uma estimativa envolvendo todos estes caracteres, com destaque para GC que obteve correlação de 0,71. As correlações GP/GC e GP/PE foram significativas e negativas, -0,26 e -0,71 respectivamente, indicando que, a planta perde eficiência no enchimento dos grãos quando se aumenta o número de grãos por panícula. Conclui-se que todos os componentes de produção devem ser considerados pelo melhorista no momento da seleção e, de acordo com a magnitude das estimativas obtidas, o caráter GC é aquele com maior influência sobre a produtividade.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., componentes de produção, melhoramento de plantas.

Agradecimentos: Capes, CNPq e FAPEMIG.

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA PARA FLORAÇÃO E PERDA DE UMIDADE EM GRÃOS EM MILHO

Élcio Friske^{1*}; Adilson Ricken Schuelter^{1 2}; Ivan Schuster²; Jonatas Marcolin²;
Mayara Fabiana da Silva²

¹Universidade Estadual do Oeste do Paraná. ²Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola Ltda. – COODETEC.*E-mail do autor para correspondência: elciofriske@hotmail.com

Com o advento das plataformas de genotipagem de alta capacidade tornou-se viável o emprego de dados moleculares para realização de mapeamento por associação em caracteres de importância agrônômica. Esse trabalho teve como objetivo mapear regiões genômicas associadas com maturação de grãos em linhagens de milho comum. Para o mapeamento por desequilíbrio de ligação, 72 linhagens elites foram previamente genotipadas para marcadores SNPs na plataforma 650K (Affymetrix®), e os seus respectivos valores genotípicos foram preditos pelo REML/BLUP para os caracteres número de dias para o florescimento masculino (DFM) e feminino (DFF), e perda de umidade dos grãos, determinada pela área abaixo da curva de umidade (AACUM). A análise de associação entre os marcadores e os caracteres DFM, DFF e AACUM foi realizada utilizando-se modelo linear misto (MLM) e de regressão múltipla stepwise. Pelo MLM foi possível detectar maior importância de marcadores significativos nos cromossomos 1 e 3 para os três caracteres. A existência de marcadores comuns entre DFM, DFF e AACUM, pode levantar a hipótese da existência de um QTL putativo comum para esses caracteres. Com a análise de regressão múltipla de stepwise para DFM, DFF e AACUM, os modelos completos explicaram 79%, 93% e 56% da variação para os valores genotípicos, respectivamente. As associações detectadas encontraram-se também relacionadas aos marcadores localizados predominantemente nos cromossomos 1 e 3. A seleção arbitrária de marcadores significativos por cromossomo permitiu aumentar a eficiência na identificação de regiões genômicas de interesse pela redução da redundância de informação. A maturidade em milho é determinada provavelmente por QTLs, localizados em regiões específicas do genoma, em que ligação gênica e/ou pleiotropia sejam as causas de correlação genética. A estratégia de análise, combinando-se MLM com a de regressão múltipla de stepwise, possibilita aumentar a eficiência no processo de identificação de marcadores relevantes, e descarte dos que apresentam informação redundante. Além do que, a observação de efeitos distintos dos alelos para os respectivos marcadores que apresentam associação com esses atributos, indica o potencial do germoplasma para seleção de linhagens com a maturidade requerida pelo melhorista. Enfim, os resultados obtidos são promissores e as regiões genômicas associadas com DFM, DFF e AACUM, deverão ser avaliadas em experimentos de validação, que poderão ser úteis em programa de melhoramento de milho.

Palavras-chave: maturação de grãos; desequilíbrio de ligação.

Agradecimentos: COODETEC e Fundação Araucária.

ATIVIDADE DE ENZIMAS ANTIOXIDANTES EM GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA SUBMETIDOS AO ESTRESSE SALINO

Claudia Borsari Trevizan¹; Silvia Graciele Hülse de Souza¹;

¹Programa de Pós-graduação em Biotecnologia Aplicada à Agricultura, Universidade Paranaense, Umuarama-PR. *cborsaritrevizan@gmail.com

O mercado de milho pipoca está em crescente expansão no Brasil. Entretanto a salinidade nos solos afeta o rendimento das culturas, provoca redução no desenvolvimento das plantas influenciando na fisiologia e no metabolismo vegetal. Além disso, causa acúmulo excessivo de espécies reativas de oxigênio (EROs) nas células vegetais. Dentre os mecanismos enzimáticos envolvidos na detoxificação das EROs, destaca-se as enzimas oxidativas: dismutases do superóxido (SODs), as catalases (CATs) e as peroxidases do ascorbato (APXs). Desta forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a atividade das enzimas SOD, CAT e APX em genótipos de milho pipoca, submetidos a diferentes níveis de estresse salino. Para isso, sementes dos genótipos IAC 125 e UFVM2-Barão Viçosa foram germinadas em câmara de crescimento 25±2°C, intensidade luminosa com aproximadamente 100 µmol m⁻²s⁻¹, umidade relativa 60±5%, em substrato comercial nas concentrações de 0mM, 50mM, 100mM, 150mM e 200mM NaCl. As folhas foram coletadas após 14 dias. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com três repetições. Foram mensuradas características agrônômicas como comprimento da raiz (CR) e parte aérea (CPA) (cm), massa fresca da raiz (MR) e da parte aérea (MPA) (g), e teor de clorofila (TC) (µmol m⁻²). A partir das folhas foram feitas as análises da atividade das enzimas antioxidantes SOD, CAT e APX. Na avaliação CPA e CR, o genótipo IAC 125 mostrou maior desenvolvimento em folhas e raízes. Apesar dos dois genótipos apresentarem decréscimo conforme o aumento das concentrações salinas, a cada aumento da concentração, o genótipo UFVM2 teve a maior redução. Em MPA e MR, o UFVM2 teve a maior perda de massa à medida que aumentava o estresse. O TC elevou-se juntamente com as concentrações salinas em ambos os genótipos, não havendo diferença entre as médias do genótipo IAC 125. Na avaliação da atividade enzimática, o genótipo UFVM2 apresentou maiores quantidades enzimáticas no controle (0mM) comparado com genótipo IAC. Porém, nas demais concentrações induzidas ao estresse salino, o genótipo IAC 125 produziu quantidades superiores nas três enzimas em todas as concentrações, exceto em 200mM para a enzima CAT. Sendo assim, observou-se que o genótipo IAC 125 foi superior em todas as avaliações quando induzido ao estresse salino, destacando a produção das enzimas SOD, CAT e APX, que estão associadas com a manutenção dos níveis de peroxidação de lipídios sob estresse salino, o que pode atribuir ao genótipo maior tolerância nos solos salinos.

Palavras-chave: *Zea mays*; salinidade; proteção oxidativa.

AValiação DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES E GENITORES EM SOJA PARA TEOR DE ÓLEO E PRECOCIDADE

João Marcos Soares Ferreira^{1*}; Lucas de Amaral Silva¹; Diego Santos de Oliveira¹; Fernando Santos Ferreira¹; Murilo Viotto Del Conte²; Felipe Lopes da Silva³.

¹ Graduando em Agronomia – UFV/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista PIBIC/FAPEMIG – e-mail: jmarcosagro2014@gmail.com; ²Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ³Professor Adjunto A2 do Departamento de Fitotecnia – UFV/Viçosa-MG/Brasil.

Com tamanha expressividade no agronegócio brasileiro, a cultura da soja tem grande importância aos olhos dos pesquisadores e produtores. O incentivo à produção da leguminosa, ao desenvolvimento de novas cultivares e demais pesquisas quanto às técnicas de manejo levaram o Brasil à posição de segundo maior produtor de soja no mundo. Cerca de um terço da produção nacional de grãos é transformada em óleos de diferentes usos, o que faz necessário o emprego de cultivares com alto teor de óleos no grão, bem como cultivares mais precoces devido à forte tendência de sucessão de cultura após o plantio da soja no Brasil. Neste contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a capacidade de combinação geral (CGC) e específica (CEC) a partir de um dialelo parcial entre dois grupos distintos de genitores, um formado por cultivares adaptadas à região sul brasileira com alto potencial produtivo (G1) e outro com cultivares de alto teor de óleo oriundas do Banco Ativo de Germoplasma do Programa de Melhoramento Genético de Soja - UFV (BAG-PMGS-UFV) (G2). As plantas F1 foram conduzidas em casa de vegetação em delineamento de blocos ao acaso. As parcelas foram constituídas de dois vasos com duas plantas por vaso. Foi utilizada iluminação artificial para simular fotoperíodo. As características analisadas foram dias para maturação (DPM), teor de óleo nos grãos (OL) e produtividade de grãos (PROD). Foi encontrada diferença significativa para CGC para todas as características em G1 e apenas para DPM e PROD para G2. Para CEC foi notada variabilidade significativa para DPM e PROD. Conclui-se que as progênies oriundas deste dialelo têm forte potencial para compor um programa de melhoramento devido à variabilidade genética que permite selecionar futuras linhagens com ciclo precoce e alta produtividade. Para teor de óleo nos grãos, é necessária a avaliação da próxima geração filial para verificar a existência de variabilidade dentro das populações.

Palavras Chave: Capacidade geral de combinação; Capacidade específica de combinação; Teor de óleo.

Agradecimentos: FAPEMIG; UFV

AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO POR AMBIENTE DE SORGO SACARINO.

José Adalberto Gomes Alves^{1*}; Pablo Diego Silva Cabral¹; Leandro Pavani de Oliveira¹; Géssica Ferreira da Costa¹; Tatiele Costa Souza¹

¹Instituto Federal Goiano, Rio Verde, Goiás. *joseadalbertoga@hotmail.com

Em busca de novas alternativas para a produção de biocombustíveis de forma viável e estável, o sorgo sacarino tem ganhado espaço na entressafra da cana-de-açúcar, uma vez que apresenta ampla adaptabilidade em áreas tropicais, subtropicais e temperadas, possui ciclo curto (90 a 120 dias), é tolerante a solos ácidos e pouco férteis e ao estresse hídrico. Características essas que são importantes para o semeio na época de safrinha em região do sudoeste goiano. O semeio dessa cultura beneficiaria então a indústria sucroalcooleira que não ficaria sem matéria-prima para a produção de etanol no período da entressafra da cana-de-açúcar, uma alternativa técnica e economicamente viável para fornecimento de matéria-prima à destilaria em início de safra. Contudo, a quantidade de cultivares disponíveis no mercado brasileiro de sorgo sacarino ainda é muito apoucada, isso devido aos poucos programas de melhoramento e à baixa procura pela indústria sucroalcooleira, provavelmente pelo desconhecimento sobre a viabilidade da cultura. Sendo assim o objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência agrônômica de genótipos de sorgo sacarino em Rio Verde, GO e Dourados, MS. Os experimentos contaram com 10 híbridos pré-comerciais de sorgo sacarino, cultivados em época de safra nos dois ambientes. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições, sendo que cada parcela contou com quatro linhas de cinco metros de comprimento e 0,5 m entre linhas, com uma população final de 120.000 plantas/hectare. As características avaliadas foram: matéria fresca (MF), matéria seca (MS), sólidos solúveis totais (°Brix) e produtividade de etanol por hectare (ETANOL). Realizou-se a análise de variância conjunta e o teste de agrupamento de Scott-Knott. O híbrido EXP2, em Rio Verde, com uma produção de 117.1 t.ha⁻¹ e o N31L5010, em Dourados, com 100.4 t.ha⁻¹ apresentaram as maiores médias para MF. Para MS, o híbrido N42A2140, em Rio Verde, com uma média de 21,4 t.ha⁻¹ e N31L5010, em Dourados, com 34.6 t.ha⁻¹, obtiveram os melhores desempenhos. Uma das características mais desejáveis na cultura do sorgo sacarino é o °Brix, o melhor resultado observado em Rio Verde foi obtido pelo híbrido EXP1, com 18,1° de °Brix e em Dourados pelo N42A2140, com 18,2°. Para ETANOL, em Rio Verde, o EXP1 destacou-se pelo alto rendimento por hectare com uma média de litros de etanol à 1140.5 l.ha⁻¹ e o N31L5010 em Dourados com 5895.6 l.ha⁻¹. Concluiu-se que os híbridos EPX1, EXP2, N32J3252, N31L5010 e N31I2365 apresentam alto potencial para cultivo em Rio Verde e os N31L5010, N42A2140, EXP1, EXP2 e N32J3252 em Dourados, MS.

Palavras-chave: Sorgo Etanol; Interação genótipo por ambiente; Bioenergia.

AValiação DA RESISTÊNCIA DE CULTIVARES DE SOJA A *Sclerotinia sclerotiorum* EM DIFERENTES ESTÁDIOS FENOLÓGICOS E MÉTODOS DE AVAlIAÇÃO

Jessica Gentil Lima^{1*}; Adriano Teodoro Bruzi¹, Rafael Lima Silva Fraiz¹

¹ Universidade Federal de Lavras (UFLA). *E-mail do autor para correspondência: gentiljessica@yahoo.com.br

Este estudo foi realizado com o objetivo de determinar o estágio fenológico mais indicado, na cultura da soja, para inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum*, agente causal do mofo branco, visando a identificação de cultivares de soja resistentes ao patógeno. Foram testadas 20 cultivares comerciais de soja provenientes do Banco Ativo de Germoplasma do DAG-UFLA. Foi utilizado o isolado UFLA 24, coletado no município de Lambari- MG e identificado como mais agressivo em inoculações para a cultura da soja. Para reação ao mofo branco, essas 20 cultivares foram inoculadas com micélio do patógeno por meio da metodologia *straw test*. Foram realizados dois experimentos: no primeiro, as plantas foram mantidas em casa de vegetação até o estágio V₃, com segundo trifólio expandido; no segundo, as plantas foram mantidas em casa de vegetação até o estágio R₁, ou seja, no início do florescimento. O isolado foi cultivado em meio de cultura por cinco dias. Para ambos os experimentos, cada planta teve o ápice seccionado e recebeu uma ponteira, contendo um disco de ágar com micélio do fungo. Foi adotado o delineamento inteiramente casualizado e cada repetição foi constituída de cinco plantas. O primeiro experimento foi avaliado 72 horas após a inoculação, com base na proporção da lesão no caule. Já o segundo experimento foi avaliado uma semana após a inoculação e foi utilizada uma escala de notas que variou de 1 (sem sintomas) a 9 (sintomas severos), além da proporção da área lesionada. Observou-se que a severidade da doença decresceu em proporção direta à idade das plantas, determinando-se assim, o estágio R1 como mais adequado para inoculação e avaliação de resistência de cultivares de soja. A avaliação por meio da proporção da área lesionada é preferível em relação à escala de notas.

Palavras-chave: *Glycine max*; mofo branco; melhoramento de genético.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fapemig.

AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA GENÉTICA À *Bipolaris maydis* EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA

Juliana Saltires Santos¹, Marcelo Vivas², Kátia Fabiane Medeiros Schmitt³, Antônio Teixeira do Amaral Júnior⁴, Gabrielle Sousa Mafra⁵, Janeo Eustáquio de Almeida Filho⁶, Guilherme Ferreira Pena⁷.

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. E-mail: julianasaltiresdossantos@yahoo.com.br¹.

Em milho-pipoca a ocorrência de doenças foliares, como a helmintosporiose causada pelo fungo *Bipolaris maydis*, pode contribuir para redução da produtividade, principalmente quando os genótipos são suscetíveis e a época de cultivo é favorável ao patógeno. Assim, a utilização de híbridos resistentes à *B. maydis* contribui para diminuição de perdas na produção, além de evitar o uso dispendioso de fungicidas que é altamente prejudicial ao ambiente. Neste sentido, o objetivo da pesquisa foi estimar a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) em milho-pipoca para um atributo relacionado a resistência à *B. maydis*. Para tal, implementou-se um dialelo completo com oito genitores procedentes da avaliação prévia de linhagens quanto à reação a helmintosporiose causada por *B. maydis*. Os 56 híbridos (F_{1s} e recíprocos), juntamente com as oito linhagens genitoras (P8, P1, L55, L71, L70, L76, L77 e L88), foram avaliados na safra (outubro a dezembro de 2014), em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. A severidade na folha causada por *B. maydis*, foi quantificada com o auxílio de escala diagramática proposta por James (1971), em cinco plantas por parcela, em três avaliações, sendo uma por semana. Foram estimados os efeitos de CGC de cada genitor e os efeitos de CEC a partir de um conjunto de p parentais e dos $p(p-1)/2$ híbridos F_{1s} com os recíprocos. Os componentes de dominância foram mais expressivos que os aditivos na expressão da resistência, sendo a hibridação a opção mais adequada para a obtenção de genótipos resistentes. Não houve, na resistência à *B. maydis* significância para efeito recíproco, demonstrando que a direção em que é realizado o cruzamento não interfere na performance do híbrido. Os genitores que expressaram as maiores estimativas negativas de (CGC) foram: L61 e L70. Por se tratar de resistência a doenças, afirmou-se que o genótipo, ao apresentar CGC negativa, é potencialmente superior para utilização em programas de melhoramento. Os resultados de CEC mostraram que 39 combinações híbridas, apresentaram estimativas negativas para a característica, sendo um indicativo do potencial dos genótipos testados. Os híbridos recomendados para plantios mais rentáveis foram: L77 X L55, L88 X L77, L55 X L88, pois, apresentaram resultados promissores quanto à resistência à *B. maydis*, com as maiores estimativas negativas de capacidade específica de combinação, quando cultivado em Campos dos Goytacazes- RJ.

Palavras chave: *Zea mays*; resistência genética; helmintosporiose.

AValiação DA RESPOSTA DE CULTIVARES DE TRIGO À ESTRESSES ABIÓTICOS POR ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Guilherme Henrique Bevilacqua¹; Aretha Arcenio Pimentel Corrêa^{1*}; Fabiana Mota da Silva¹; Paulo Rogério Selestrino¹; Edina Regina Moresco²; Sandra Helena Unêda-Trevisoli¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Jaboticabal. ²Embrapa Brasília. *E-mail do autor para correspondência: aretiss@yahoo.com.br.

O trigo é um cereal básico para a civilização, sendo uma das espécies mais cultivadas no mundo. Uma das possibilidades do aumento da produção no Brasil é o desenvolvimento de cultivares tolerantes ao estresse térmico e hídrico, tendo em vista que as áreas para expansão da cultura apresentam períodos com excesso de calor e ocorrência de veranicos. O objetivo deste estudo foi avaliar a resposta de cultivares de trigo à ocorrência simultânea de estresse térmico e hídrico. Foram avaliadas 30 cultivares comerciais em casa de vegetação em dois ambientes: controle, com temperatura de 15 a 25°C durante todo o ciclo e suprimento de água até a maturação fisiológica; e estresse, com temperatura de 25 a 35°C e suspensão da irrigação, ambos no período do emborrachamento até o final da antese. Foram avaliados os caracteres: ciclo (CIC), altura da planta (ALT), número de espigas por planta (NEP), peso de grãos por espiga (PGE) e tamanho médio de espigas (TME). Os dados foram submetidos à análise de componentes principais (PCA) por meio do software Statistica. No ambiente controle, dois componentes principais explicaram 78,41% da variância contida nas variáveis originais. O primeiro componente reteve 50,26% de variância e ficou caracterizado por ALT, NEP, PGE e PME, que apresentaram correlação com o componente superior a 0,6, independente do sinal. O segundo componente reteve 28,15% da variância e as variáveis explicativas foram CIC e ALT. No ambiente estresse, três componentes principais explicaram 76,97% da variância acumulada. O primeiro reteve 35,06% e ficou caracterizado por CIC e ALT, o segundo 22,22% e a variável retida foi NEP. O terceiro componente por sua vez reteve 19,68% de variância e foi caracterizado por ALT. Observou-se que, no ambiente controle, as variáveis relacionadas aos componentes de produção apresentaram maior variabilidade e, portanto ficaram retidas no primeiro componente, enquanto no ambiente de estresse, a única variável relacionada à produção que ficou retida foi NEP, no componente 2. Os resultados indicaram que a PCA foi eficiente na discriminação dos genótipos e como esperado, que a produção de sementes foi afetada pelo calor e pela seca, apresentando uma redução média de 85,7% no peso de grãos. No ambiente controle, a cultivar em destaque para produção foi IAC 350, porém esta mesma cultivar apresentou uma perda de 80,95% no peso de grãos no ambiente estressante, no qual se destacaram Embrapa 21 e IPR 85 com as menores porcentagens de perda, sendo estas de 66,13% e 67,76%, respectivamente.

Palavras-chave: *Triticum aestivum*; calor; seca

AVALIAÇÃO DA SEGREGAÇÃO DE HÍBRIDOS DE SOJA COM UMA LINHAGEM GENETICAMENTE MODIFICADA TOLERANTE À SECA

André Luís Hartmann Caranhato^{1*}; Daniel de Amorim Barbosa¹; Martina Bianca Fuhrmann¹; Juliane Praela Marinho¹⁰; Silvana Regina Rockenbach Marin²; Carlos Lásaro Pereira de Melo²; Alexandre Lima Nepomuceno²

¹Universidade Estadual de Londrina. ²Embrapa Soja. *andrelhcaranhato@gmail.com.

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é considerada uma importante *commoditie* em todo o mundo, sendo o Brasil, considerado o segundo maior produtor mundial, com produção total estimada em 113.03 milhões de toneladas para a safra 2016/17. Devido à grande importância desta cultura e ao destaque do Brasil no mercado mundial, o desenvolvimento de novas cultivares é uma importante ferramenta para a manutenção e o incremento da capacidade produtiva nacional. Para isto, o melhoramento genético, juntamente com a biotecnologia, desempenham papel fundamental na obtenção destas cultivares. Durante as etapas iniciais no desenvolvimento de uma planta geneticamente modificada, pode-se utilizar genes marcadores que permitam a identificação de plantas transformadas, assim a inserção de genes que fornecem tolerância a herbicidas, juntamente com o transgene de interesse pode facilitar, reduzir custos e agilizar o processo de melhoramento genético. Este trabalho tem como objetivo a avaliação da segregação fenotípica com o agente de seleção glufosinato de amônio em sete populações de soja na geração F₂. As populações foram obtidas a partir da hibridação, na safra 2015/2016, de cinco cultivares convencionais e mais duas RR com uma linhagem de soja geneticamente modificada, para a tolerância à seca contendo a construção 35S:AtAREB1FL com o marcador molecular 35S:bar. No experimento, em casa de vegetação, sementes das sete populações foram semeadas em vasos contendo cinco quilos de solo, sendo semeadas no máximo dez sementes por vaso, em outubro de 2016, totalizando 7.007 plantas (variando de 693 a 1078 plantas/população). No estágio de desenvolvimento V3 foi realizada a contagem do estande total de plantas de cada população e realizada a aplicação do herbicida glufosinato-sal de amônio (Finale[®]) na concentração de 200 g/L (dosagem comercial 1,5 L/ha). Após a aplicação, as plantas sobreviventes foram contabilizadas e os dados submetidos à análise de segregação pelo teste do Qui-quadrado (χ^2) ($p < 0,05$). Os valores encontrados de χ^2 para as sete populações, foram: 0,0012; 0,4592; 0,5440; 0,2971; 0,9101; 1,3815; 0,1649, indicando que as populações segregaram na proporção mendeliana de 3:1 conforme esperado. Este resultado, pode facilitar o processo de seleção nas sucessivas fases do melhoramento, independente da estratégia e/ou do método de melhoramento empregado. Contudo, para que seja comprovada a eficiência da seleção fenotípica, é necessário que seja confirmada a presença do transgene por via molecular, trabalho ainda em desenvolvimento.

Palavras-chave: *Glycine max*; Melhoramento; Transgene.

AVALIAÇÃO DE ACESSOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA HÍDRICA

Patrícia Guimarães Santos Melo¹; Paulo Henrique Ramos Guimarães¹; Adriano Pereira de Castro²; Cléber Morais Guimarães²

¹Universidade Federal de Goiás EA/UFG. ²Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail: pgsantos@gmail.com

O desenvolvimento de cultivares de arroz de terras altas tolerantes à deficiência hídrica por meio do melhoramento genético de plantas é uma das estratégias mais promissoras para a evitar a redução na produção de grãos em ambientes sob estresse hídrico. O objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento de acessos oriundos de um painel de diversidade de arroz de terras altas quanto à tolerância ao estresse hídrico. Foram avaliados 219 acessos e seis testemunhas, em dois ensaios no delineamento de látice quadrado (15x15), com duas repetições, parcelas de quatro linhas de 4 m e espaçamento de 0,4 m entre linhas. O primeiro ensaio foi adequadamente irrigado durante todo o desenvolvimento das plantas e o outro apenas até 45 dias após a semeadura, quando foi aplicado o estresse hídrico. Foram efetuadas irrigações no primeiro ensaio e durante a fase sem estresse hídrico do segundo para manter o potencial de água no solo, a 0,15 m de profundidade, $>-0,025$ MPa. Durante o período de deficiência hídrica, aplicou-se aproximadamente a metade da lâmina de água aplicada no ensaio sem deficiência hídrica. Foram avaliados os caracteres: produção de grãos (PG, $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), dias para floração (DF, dias) e altura de plantas (AP, cm). Foram realizadas análises de variância individual e conjunta dos ensaios. Para todos os caracteres houve diferenças significativas entre os regimes hídricos e entre os acessos avaliados, também houve interação significativa entre os acessos e os regimes hídricos, exceto para AP. Por meio de uma dispersão gráfica para PG os acessos foram classificados em quatro quadrantes. No primeiro identificou-se os acessos que produziram acima da média nas duas condições hídricas avaliadas. Este grupo foi composto por 46 acessos e as testemunhas BRSMG Caçula, BRSGO Serra Dourada, Aimoré e Guarani. Os acessos alocados no segundo quadrante (8 acessos) produziram acima da média sob deficiência hídrica e abaixo da média sob boas condições irrigação. Já os acessos localizados no terceiro quadrante produziram abaixo da média nos dois regimes hídricos. Os acessos alocados no quarto quadrante produziram abaixo da média sob deficiência hídrica e acima da média sob boas condições de irrigação, sendo esses indicados somente para ambientes em que não há ocorrência de restrição hídrica. Nesse sentido, pode-se concluir que existe variabilidade genética para tolerância à deficiência hídrica entre os acessos avaliados podendo utilizá-los em programas de melhoramento como genitores para formação de populações segregantes.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; variabilidade genética; produção de grãos

AVALIAÇÃO DE CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO

Pedro César de Oliveira Ribeiro¹; Ruane Alice da Silva²; Isadora Cristina Martins de Oliveira¹; Rafael Augusto da Costa Parrella^{3*}; Pakizza Sherma da Silva Leite⁴ Luiz Octávio Santos Sousa² Nádya Nardely Lacerda Durães Parrella²

¹Universidade Feral de Viçosa² Universidade Federal de São João del Rey ³Embrapa Milho e Sorgo *rafael.parrella@embrapa.br Sete lagoas-MG ³Universidade Federal de Lavras

Semelhante a cana-de-açúcar o sorgo sacarino apresenta grande potencial na produção de etanol complementando assim a demanda energética no país. A cultura associa alta produção de biomassa, ciclo curto e mecanização do plantio a colheita. A escolha dos genitores torna-se um dos principais pontos para iniciar o programa de melhoramento. O sucesso na obtenção de genótipos com potencial de produção de açúcar pode ser almejado pela obtenção de combinações híbridas que reúnam elevado desempenho e qualidade. Dessa forma, os cruzamentos dialélicos exploram a capacidade combinatória dos indivíduos envolvidos nos cruzamentos sendo dividida em capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação. O objetivo do presente trabalho foi identificar as capacidades de combinações dos genótipos. O experimento foi conduzido no ano agrícola de 16/17 em Sete Lagoas na Embrapa Milho e Sorgo, onde foram avaliadas 2 linhagens férteis (Grupo I), 20 linhagens estéreis (Grupo II), 40 híbridos oriundos dos cruzamentos entre linhagens e 2 híbridos comerciais como testemunhas. O delineamento utilizado foi o látice-tríplice 8x8 constituído com parcelas de 2 linhas de 3 metros com espaçamento entre si de 0,7 metros. A característica avaliada foi teor de sólidos solúveis (SST) em graus brix. Para esta característica foi realizada análise de variância e posteriormente foram realizadas as análises das capacidades combinatórias do dialélico parcial de acordo com o Método de Geraldi e Miranda Filho adaptado do modelo proposto por Griffing, que estima os efeitos da CGC e CEC com o auxílio do programa GENES. O resultado da análise de variância apresentou efeito significativo evidenciando a diferenças genéticas entre os materiais avaliados. As estimativas de CGC I e CGC II foram significativas, mostrando a importância dos efeitos aditivos no controle do caráter, ressaltando a linhagem 1 no grupo I que obteve a maior CGC o que indica maior frequência de alelos favoráveis. Com relação ao grupo II, destaca-se a linhagem 19 com maior CGC, podendo ser recomendada para o aumento da característica em estudo. Os efeitos da CEC foram significativos, mostrando que para esta característica, os efeitos de dominância são importantes e, portanto, podem ser explorados quando se trabalha com a produção de híbridos. Destaca-se os híbridos de maior CEC 18 e 19, ressaltando-se a complementariedade dos genitores 1 e 19 que apresentaram alta CGC e CEC.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*, dialélico e SST

Agradecimentos: Embrapa e FAPEMIG

AValiação DE CARACTERES COMERCIAIS EM CULTIVARES DE SORGO SACARINO EM FUNÇÃO DA ÉPOCA DE COLHEITA

Dalila Dominique Duarte Rocha¹; José Francisco Braga Neto²; Rafael Augusto da Costa Parrella³; Tarick Brenner Carvalho Fernandes Tôrres⁴; Luciane Gonçalves Torres⁵; Nádia Nardely Lacerda Durães Parrella⁶

^{1,2,4,5,6} Universidade Federal de São João del-Rei, E-mail: daliladominik@hotmail.com. ³ Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil.

O sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] têm se destacado como uma importante cultura energética, pois possui colmos suculentos com açúcares diretamente fermentescíveis e boa produção de massa verde. Neste aspecto, o trabalho objetivou avaliar o teor de brix, a umidade, o pH do caldo e se havia interação entre as diferentes épocas de colheita de sorgo sacarino colhidos em três épocas distintas (95, 102, 109) dias após a semeadura (DAS) utilizando 8 genótipos de sorgo sacarino, sendo cultivares 2 comerciais e 6 genótipos experimentais. A condução experimental ocorreu na UFSJ/CSL, cuja semeadura ocorreu na data de 25/11/2016 com adubação de NPK(04-14-08) e cobertura com ureia (N-46%) aos 15 dias após semeadura. Após cada colheita avaliou-se o teor de sólidos solúveis totais (Brix), a umidade e o pH do caldo extraído. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste Scott-Knot ao nível de 5% de probabilidade. Verificou-se diferença significativa para os fatores genótipos, épocas de colheita e na interação entre os níveis dos fatores. Procedeu-se ao desdobramento de genótipo dentro de época e verificou-se que o teste foi significativo para as três épocas analisadas, dessa forma realizou-se o teste de comparação de médias e verificou-se que para a característica Brix, aos 95 DAS os genótipos 201438B021, 201512B017 e 201518B015 obtiveram desempenho superior em relação aos demais. Em relação aos 102 DAS, a cultivar CV198 obteve desempenho superior, e para 109 DAS o genótipo 201518B079 obteve maior média. Para a variável pH, o desdobramento verificou que os genótipos 201512B015, 201438B021 e CV 198 obtiveram pH mais ácido aos 95, 102 e 109 DAS respectivamente. Em relação à umidade, o desdobramento revelou que o genótipo 201518B015 obteve maior umidade aos 95 DAS. Aos 102 DAS, as cultivares BRS 511 e CV 198 apresentaram maior umidade e aos 109 DAS o genótipo 201518B079 apresentou maior umidade, característica relacionada à produção de caldo. Conclui-se que a época de colheita influencia significativamente as características comerciais de sorgo sacarino. Dessa forma é imprescindível verificar a melhor época de colheita bem como os genótipos mais adequados a fim de obter melhor rendimento e aumentar a produtividade.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; sólidos solúveis totais; épocas de colheita.

Agradecimentos: FAPEMIG - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais.

AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DA ESPIGA EM CULTIVARES DE MILHO

Fernanda de Cássia Silva^{1*}; Nilson Lopes da Silva²; Lorena Lopes de Sousa¹;
Vitor Guerra Ferreira¹, Ivanildo Ramalho¹, Maria José Del Peloso²

¹Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária – EMATER - Convênio FAPEG/EMATER. ²EMATER. *E-mail do autor para correspondência: fernanda.silva@emater.go.gov.br

O milho (*Zea mays*) é um dos produtos de maior expressividade no setor agropecuário do país. A produtividade dos grãos é um caráter de baixa herdabilidade e, portanto, o conhecimento da associação com os componentes primários de produção podem favorecer o melhor planejamento dos programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi verificar a relação entre o peso de grãos com as características morfológicas da espiga em cultivares de milho. O ensaio foi realizado no ano agrícola de 2016/17, na Estação Experimental de Porangatu, GO. O ensaio foi composto por 11 cultivares de milho, constituído por dez variedades de polinização aberta e um híbrido duplo. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com quatro repetições. Cada unidade experimental foi composta por quatro linhas de cinco metros, espaçadas por 0,50m entre linhas. A densidade populacional utilizada foi de 55 mil plantas por ha⁻¹. Os caracteres avaliados foram: comprimento de espiga, diâmetro da espiga, diâmetro do sabugo, número de linhas de grãos por espiga, profundidade dos grãos e peso de grãos por espiga. Estes caracteres foram mensurados em 15 espigas, amostradas aleatoriamente em cada parcela. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual. Foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre as características avaliadas. A precisão dos experimentos foi estimada por meio da acurácia seletiva (AS). Os resultados da análise da variância evidenciaram diferenças significativas entre os tratamentos em todos os caracteres, indicando que as cultivares apresentaram diferenças entre as características morfológicas relacionadas aos componentes de produção. A boa precisão experimental foi verificada nos coeficientes de variação (3,3 a 10,3%), e reforçada pelas estimativas de AS (>0,78). Os caracteres correlacionados positivamente com o peso de grãos por espiga foram o diâmetro da espiga (0,89**), o número de linhas de grãos (0,67*) e a profundidade dos grãos (0,64*), evidenciando associação linear entre estas variáveis. O comprimento da espiga e diâmetro do sabugo, não apresentaram coeficientes de correlação significativos com o peso de grãos. Assim, as características morfológicas, diâmetro da espiga, número de linhas e profundidade dos grãos são indicadas para a seleção indireta de plantas com maior peso de grãos por espiga, contribuindo para o aumento na produtividade de grãos.

Palavras-chave: *Zea mays*; componentes de produção; correlação.

Agradecimentos: À FAPEG pela concessão de bolsa de desenvolvimento tecnológico e industrial.

AVALIAÇÃO DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO E PRODUTIVIDADE EM TOP-CROSSES DE MILHO PIPOCA

André Luís Bombonato de Oliveira¹; Daniel Sarto Rocha¹, Eduardo Sawazaki^{2*};
Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani^{2*}

¹Doutorando – Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical IAC;
²Pesquisadores Científicos - Instituto Agrônomo – IAC, Centro de Grãos e Fibras, Campinas, São Paulo, Brasil. *E-mail: sawazaki@iac.sp.gov.br; *E-mail: elisa@iac.sp.gov.br.

A pipoca é consumida nas Américas desde a era pré-colonial e tornou-se uma cultura comercial há pouco mais de 100 anos. O Brasil é hoje o segundo maior consumidor de pipoca do mundo, perdendo apenas para os Estados Unidos e passou de um consumo de 30mil ton/ano para 70mil ton/ano em um período de apenas quatro anos. Em virtude dessa demanda no mercado nacional, a área plantada no Brasil tem aumentado consideravelmente. No entanto, a disponibilidade de cultivares nacionais superiores no mercado é pequena e incipiente para suprir as necessidades dos produtores. O melhoramento de milho pipoca visa à obtenção de cultivares superiores, no entanto, conta com um germoplasma de base genética ampla pouco melhorados e materiais exóticos de alta qualidade de base genética estreita e a correlação expressa bem a variabilidade encontrada nestas populações. Este trabalho objetivou avaliar a correlação fenotípica entre características da espiga e a produtividade de grãos em milho pipoca. Foram avaliados 144 híbridos top-crosses oriundos do cruzamento entre progênies parcialmente endogâmicas (S_1) obtidas pela autofecundação da população IAC8383 e o testador IAC12. A população IAC8383 é geração avançada um híbrido americano e o testador IAC12, um híbrido simples originado de variedades locais. Os experimentos foram conduzidos no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) no Centro Experimental de Campinas na safra 2016/17. O delineamento foi o de blocos casualizados látice 12x12+1, com 2 repetições, 144 tratamentos e utilizando o testador como testemunha e as parcelas foram constituídas por duas linhas de 4,0m espaçadas por 0,8m. Os caracteres avaliados foram: comprimento de espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de fileiras (NF), além da produtividade de grãos (PG). As análises de variância e de correlação foram efetuadas no programa Genes. Diferenças significativas entre híbridos, testemunhas e híbridos x testemunhas foram observadas para os caracteres PG, CE e NF. As correlações foram significativas e positivas a 1% de probabilidade para PGxCE, PGxDE, CExDE e DExNF e significativas a 5% de probabilidade para PGxNF, pelo teste t. A correlação foi não significativa para CExNF. Concluiu-se que os componentes secundários CE, DE e NF foram eficientes para seleção indireta visando maiores produtividades, podendo-se direcionar a seleção para caracteres que apresentem maior herdabilidade e consequentemente maiores respostas à seleção.

Palavras-chave: top-cross; milhos especiais; correlação

Agradecimentos: Fapesp

AValiação DE ESPÉCIES DE OUTONO INVERNO PARA PRODUÇÃO DE ÓLEO NO ESTADO DO PARANÁ

Pedro Mario de Araújo¹; Maria Angélica Marçola²; Gabriela Inocente^{3*}

¹Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR). ²Universidade Norte do Paraná (UNOPAR).

³Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR). *gab_inocente@hotmail.com

Biodiesel é o nome de um combustível alternativo de queima limpa, produzido de recursos renováveis, tais como óleos vegetais e gorduras animais, para serem utilizados em motores na mistura com o óleo diesel. O Brasil, em razão da sua dimensão e da diversidade de climas, solos e flora, tem diversas espécies de oleaginosas que possivelmente podem ser utilizadas na produção de biodiesel. O uso do biodiesel como combustível vem crescendo aceleradamente no mundo inteiro, pois a cada cadeia de produção deste combustível tem potencial promissor em vários setores, tais como, social, ambiental e tecnológico. Sua adição contribui para diminuir o grau de poluição e emissão de gases do efeito estufa, com impacto positivo na redução do aquecimento global. O objetivo deste trabalho foi a avaliação e caracterização de espécies oleaginosas de outono/inverno para a produção de grãos, óleo para consumo humano ou produção de biodiesel e torta para alimentação animal, tendo como foco principal a utilização de áreas ociosas na entressafra da soja no estado do Paraná. Na safra 2014, o ensaio de avaliação de cultivares foi conduzido nas localidades de Londrina, Ponta Grossa, Guarapuava, Pato Branco, Santa Tereza do Oeste e Palotina contando com 21 tratamentos envolvendo as seguintes espécies; canola (10 cultivares), nabo forrageiro (3 cultivares) Cártamo (5 cultivares), crambe, linho e camelina (uma cultivar cada). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições por local. Cada parcela foi constituída de 4 linhas de 4 metros de comprimento e 0,40 metros entre linhas. Para produção de grãos os maiores valores foram obtidos em Ponta Grossa com destaque para as cultivares de canola PCI 0801 e Rivette C4 com médias de 3810 e 3420 Kg/há respectivamente e também para cultivar de cártamo CIPL 04407 com média de 4103 Kg/há. Com relação aos teores de óleo, as cultivares de canola apresentaram média de 39,8%, nabo forrageiro, média de 33,3%, camelina 33,8%, crambe 35,1% e linho 34,9%. As cultivares de cártamo que ainda não pertencem ao grupo de seleção para altos teores de óleo, apresentaram média de 25% de extrato etéreo. As cultivares de canola por apresentarem ciclo precoce aliado ao bom nível de produção de óleo e qualidade da torta são as que apresentam maior potencial para inclusão nos sistemas de produção na entressafra da soja. Já as cultivares de cártamo apesar dos excelentes níveis de produção necessitam de alguns ajustes em função do ciclo relativamente longo.

Palavras-chave: plantas oleaginosas; avaliação de cultivares; energias renováveis.

AValiação DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM SUBMETIDOS AO DÉFICIT HÍDRICO

Raquel Luiza de Moura dos Reis^{1*}; João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹; José Antonio de Fatima Esteves¹; Daiana Alves da Silva¹; Sérgio Augusto Morais Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹

¹Instituto Agronômico, IAC/Campinas-SP. *raquel_luiza_moura@hotmail.com

O feijão é cultivado em diferentes condições edafoclimáticas, sendo a seca um dos fatores climáticos que mais contribui para sua baixa produtividade. O objetivo do trabalho foi submeter 12 genótipos de feijoeiro ao déficit hídrico a partir da pré-floração e selecionar potenciais genitores para compor blocos de cruzamentos. Utilizaram-se genótipos com variabilidade quanto à tolerância à seca e alta temperatura, cultivados em casa de vegetação, em linhas de 1m, em delineamento de blocos ao acaso com parcelas subdivididas e três repetições, sendo as parcelas constituídas pelos tratamentos hídricos (irrigado e déficit hídrico) e, as subparcelas pelos genótipos. A irrigação por gotejamento foi aplicada duas vezes ao dia, por seis minutos, correspondendo a 0,90 L h⁻¹ e, o potencial matricial do solo, monitorado por sensores. Na pré-floração, foi aplicado o déficit hídrico, permanecendo assim até a colheita dos grãos (38 dias). Foram avaliados os caracteres fisiológicos: Condutância Estomática (CE), Índice Relativo de Clorofila (IRC) e Temperatura Foliar (TF); morfológicos: Área Foliar (AF) e Massa Seca da Parte Aérea (MSPA); componentes de produção: Número de Sementes por parcela (NS); Número de vagens por parcela (NV); Número de Sementes por Vagem (NS/V) e Massa de Mil Grãos (MMG), Produtividade de Grãos (PG), Índice J e H, Índice de Intensidade ao Estresse Hídrico (IIE) e o Índice de Tolerância à Seca (ITS). Sob um IIE de 72,65%, observou-se diferença estatística para tratamento hídrico (TH) e genótipos (G) para os componentes de produção e produtividade de grãos. Para THxG, houve diferença estatística para NV e PG. Para as características fisiológicas e morfológicas, houve efeito significativo de genótipos para IRC e MSPA, com relação aos tratamentos hídricos, ocorreu efeito significativo no déficit hídrico para IRC, AF e MSPA, destacando-se os genótipos BRS Agreste e FT Nobre para estas três características. No teste de comparação de médias para déficit hídrico os genótipos BRS Agreste, FT Nobre, IPR Tangará e SER 16 apresentaram maior NV e NS; BRS Agreste, BRS Estilo, IAC Sintonia, SEA 5 e SER 16 maior MMG e SER 16, BRS Agreste, FT Nobre e IPR Tangará maior PG. Considerando o índice J e H, todos os genótipos mantiveram a mesma classificação tanto no tratamento irrigado como no déficit hídrico, exceto o Pérola. Diante dos resultados obtidos, conclui-se que os genótipos SER 16, IPR Tangará, BRS Agreste e FT Nobre podem ser utilizados em programas de melhoramento visando a inserção de tolerância à seca.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; tolerância à seca; seleção de genótipos

Agradecimento: À CAPES pela concessão da bolsa

AValiação DE GENÓTIPOS DE MAMONEIRA NO SEMIÁRIDO BAIANO

Elismar Pereira de Oliveira¹; Yslai S. Peixoto¹; Daniela dos Santos Silva¹;
Gabriel dos S. Figueirêdo¹; Leandro S. Peixoto¹

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor para correspondência: elismarpdi@hotmail.com.

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma oleaginosa capaz de produzir de forma satisfatória sob condições de baixa precipitação pluviométrica e de suas sementes é extraído um óleo de excelente qualidade industrial, o que torna a planta uma alternativa de grande importância para o semiárido brasileiro. Dada essa importância, o melhoramento genético busca identificar genitores que se adaptem às condições edafoclimáticas dessa região, visando obter populações segregantes que apresentem porte baixo, precocidade, frutos indeiscentes, produtivas e com alto teor de óleo. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi avaliar o comportamento de sete cultivares comerciais de mamona nas condições edafoclimáticas do Semiárido Baiano. As cultivares utilizadas foram: IAC 2028, IAC 226, IAC Guarani; BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia e EBDA MPA11. O experimento foi realizado em blocos casualizados com 9 plantas por parcela, três repetições e espaçamento de 2,0 m x 1,0 m. Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do Software R 3.2.1. As variáveis coletadas foram: comprimento do racemo (CR) e comprimento efetivo do racemo primário (CER), número de baga (NB), pesos das bagas (PB), número de sementes (NS) e produtividade. De acordo com os resultados da análise de variância, as variáveis PB e PS foram significativas a 1% de probabilidade e as demais variáveis foram significativas a 0,1% de probabilidade. Já para o efeito bloco constatou-se efeito não significativo, o que demonstra homogeneidade na área trabalhada. Pelo teste de média Scott-Knott a cultivar IAC 2028 se destacou em todas as variáveis exceto para CR que foi de 0,63 m, o que a possibilitou expressar uma produtividade de 1.6 Mg ha⁻¹, sendo a mais produtiva entre todas as cultivares avaliada, chegando a cerca de 40% acima da segunda colocada. Para CR, a cultivar que obteve melhor média foi a IAC Guarani (0,72m), esta também teve destaque no CER (0,51m). Já para peso de baga a cultivar nordestina também teve um bom desempenho, o que a deixou em segundo lugar em termos de produtividade (1,15 Mg ha⁻¹), o que indica que bagas pesadas contêm sementes pesadas. Diante dos resultados obtidos nesse estudo, conclui-se que as cultivares que obtiveram o melhor desempenho no semiárido, portanto, as mais indicadas, são a IAC2028 e a BRS nordestina. O comprimento de racemo não indicativo que a cultivar seja mais produtiva ou menos produtiva.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L.; Desempenho agrônômico; Cultivares;

Agradecimentos: Ao CNPQ e ao IF Baiano pelo apoio financeiro do projeto; a FAPESB pela concessão de bolsa de Iniciação científica.

AValiação DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO A TOLERância AO DÉfICIT HÍDRICO

Isabella Cristina Cavallin^{1*}; Stenio Andrey Guedes Dantas²; Larissa Alves da Silva Lima³; Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento³; Thiago Ferreira Rodrigues³; Felipe Lopes da Silva⁴

¹Doutoranda no Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa. ²Doutorando no Programa de Pós Graduação em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa. ³Graduando em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa. ⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa. * E-mail do autor para correspondência: isa_cavallin@hotmail.com

A disponibilidade da água é importante para a cultura da soja, principalmente, em dois períodos de desenvolvimento: germinação-emergência e floração-enchimento de grãos. Sendo sua produção intimamente ligada às condições climáticas anuais variando a produtividade em função da disponibilidade de chuvas no ano. Por isso, estudos sobre genótipos que proporcionam resistência a déficit hídrico na soja faz-se necessário, visando manter sua produtividade quando em condições de estresse. O objetivo do trabalho foi avaliar os genótipos de soja mais tolerantes a déficit hídrico. O trabalho foi desenvolvido na casa de vegetação no campo experimental Diogo Alves de Melo, na Universidade Federal de Viçosa. O experimento foi conduzido em DBC, com três blocos e dois tratamentos: controle (- 33 kPa) e estresse (-900 kPa). Os tratamentos foram aplicados durante 15 dias no estádio R5. Ao final do ciclo as plantas foram colhidas e os seguintes caracteres foram avaliados: massa seca do sistema radicular, volume do sistema radicular e número de grãos por planta. As análises de variância e teste de médias foram realizadas com auxílio do programa Genes (Cruz, 2013). Houve diferença significativa, a 5% de probabilidade entre todos os tratamentos, para as características avaliadas. A interação entre genótipo x tratamento não foi significativa para nenhuma das características avaliadas. O agrupamento de médias pelo critério de Scott e Knott, a 5 % de probabilidade, mostrou a formação de dois grupos para a característica massa seca e volume de raiz. A cultivar CD 253 apresentou desempenho superior para a massa seca de raiz e volume de raiz, resultado semelhante no tratamento controle e quando submetida ao estresse. No entanto, não houve separação de grupos para a característica número de grãos por planta, sendo a cultivar CD 253, semelhante estatisticamente as demais cultivares avaliadas para essa característica. Podemos concluir que o maior desenvolvimento do sistema radicular não refletiu em maior número de grãos por planta, outras variáveis devem ser analisadas quanto se trata de déficit hídrico.

Palavras-chave: déficit hídrico, *Glycine max* (L.) Merr.

Agradecimentos: Ao Cnpq e FAPEMIG.

AValiação de Genótipos de Sorgo Sacarino (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) para à Produção de Etanol

Tatiele Costa Souza; Pablo Diego Silva Cabral²; José Adalberto Gomes Alves¹;
Isac Ferreira Barcelos³; Leandro Pavani de Oliveira⁴;

Instituto Federal de Educação Ciência e tecnologia Goiano Campos-Rio Verde.
tatielecostarv@gmail.com

A demanda mundial por combustíveis de fontes renováveis tem se expandido rapidamente nos últimos anos devido à preocupação com a redução do volume de emissões de gases causadores do efeito estufa, derivados da utilização de combustíveis fósseis. Com o aumento da frota brasileira de veículos flex fuel, e o aumento do preço do etanol da gasolina e a escassez do produto na entressafra da cana-de-açúcar. O sorgo sacarino é uma alternativa viável para suprir a demanda nessa época por se tratar de uma planta que possui um alto teor de açúcares fermentáveis contido em seus colmos sendo possível a produção de etanol, além de ser uma planta de ciclo curto, podendo ser plantado em sucessão com a soja. Porém, a quantidade de cultivares disponíveis no mercado brasileiro de sorgo sacarino ainda é muito pequena, isso devido aos poucos programas de melhoramento genético da cultura. Nesse sentido, o presente trabalho visou avaliar as principais características de híbridos pré-comerciais de sorgo sacarino na entressafra da cana-de-açúcar em dois ambientes, Rio Verde, GO como alternativa no fornecimento de matéria prima visando a produção de etanol na entressafra de cana de açúcar. Os experimentos contaram com 10 híbridos pré-comerciais de sorgo sacarino, cultivados em época de safra. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições, sendo que cada parcela contou com quatro linhas de cinco metros de comprimento e 0,5 m entre linhas, com uma população final de 120.000 plantas/hectare. As características avaliadas foram: matéria fresca (MF), matéria seca (MS), sólidos solúveis totais (°Brix) e produtividade de etanol por hectare. Realizou-se a análise de variância e o teste de agrupamento de Scott-Knott. O híbrido EXP2 apresentou a maior média para MF. Para MS, o híbrido N42A2140 obteve o melhor desempenho. Uma das características mais desejáveis na cultura do sorgo sacarino é o °Brix, o melhor resultado observado foi obtido pelo híbrido EXP1. Para ETANOL o EXP1 destacou-se pelo alto rendimento por hectare. Concluiu-se que os híbridos EPX1, EXP2, N32J3252, N31L5010 e N31I2365 apresentam alto potencial para cultivo em Rio Verde.

Palavras-chave: Sorgo Etanol; Interação genótipo por ambiente; Bioenergia.

Agradecimentos: Agradeço ao Instituto Federal Goiano de Educação e Tecnologia Campos- Rio Verde, por apoiar o projeto, ao pelo CNPq pela bolsa de iniciação científica e a Nextep por fornecer os genótipos.

AValiação DE LINHagens DE DUPLO HaploIDES DE ARROZ COM GENE DE RESISTência PI AR PARA BRUSONE FOLIAR EM ConDIções DE Casa DE VEGETação E VIVEIRO

Leila Garcês de Araújo¹; Lays Lohanne Alves¹; Marta Cristina Corsi de Filippi²;
Anne Sitarama Prabhu²

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail: laysbiotecufg@gmail.com

A cultura do arroz é a terceira maior do mundo e a produtividade é afetada pela ocorrência de doenças. A brusone é considerada a principal doença de arroz, com perdas na produção que chegam a 100 %, quando as condições ambientais são favoráveis ao desenvolvimento do fungo. O uso de cultivares resistentes associadas a boas práticas culturais é o principal método de controle da brusone. A resistência genética pode ser estudada com eficiência em populações fixadas. O principal objetivo foi comparar Linhagens Duplo haploides (DH) de arroz quanto a resistência à brusone em duas condições diferentes (casa de vegetação e viveiro). Para isso, foram obtidas linhagens DH por meio da cultura de anteras de plantas F1 entre uma cultivar de arroz altamente suscetível Lijiangxintuanheigu (LTH) e o somaclone SC09 resistente. A brusone nas folhas foi avaliada nas gerações R₂ (casa de vegetação) e R₃ (casa de vegetação e viveiro) utilizando-se escala visual de notas que varia de zero a nove, em que, notas variando de zero a três indicam reações incompatíveis (resistência específica ou vertical – R), e de cinco a nove reações compatíveis (susceptibilidade – S). A população R₁ de DH foi mais vigorosa, mais alta e fértil quando comparadas com as plantas haploides. Nas gerações R₁, R₂ e R₃ a maioria das linhagens apresentaram variabilidade para o caráter cor do grão e presença ou ausência de arista. Nas gerações R₂ e R₃ as linhagens DH inoculadas com a raça IB-9 de *Magnaporthe oryzae* segregaram na proporção 1:1 (resistentes: suscetíveis), em condições de casa de vegetação. Nas duas gerações as reações das plantas resistentes foram 0 e 1, enquanto as suscetíveis apresentaram reações 5, 7 e 9. No viveiro de brusone sob alta pressão da doença, 15 plantas DH mantiveram a resistência com reações variando de 1 a 3, demonstrando que é possível usar este tipo de população para seleção de linhagens resistentes a brusone foliar.

Palavras chave: Linhagens fixadas; *Magnaporthe oryzae*; resistência vertical

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA PRECOCE EM DOIS AMBIENTES DE GOIÁS

Isadora Sanchez Maia Carneiro^{1*}; Antônio José Alves Moreira²; Marcos Rogério Nunes²; Cláudia Barbosa Pimenta²; José Nunes Junior³

¹Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária – EMATER. Convênio FAPEG/EMATER. ²EMATER. ³CTPA. *E-mail do autor para correspondência: isadora@emater.go.gov.br

O desenvolvimento de cultivares de soja com alto rendimento de produção e com ciclo de maturação precoce (≤ 115 dias), justifica-se pela demanda de produtores que utilizam suas áreas de produção com duas safras por ano agrícola. Visando atender estes produtores, o objetivo do trabalho foi identificar linhagens de soja com alta produtividade e ciclo precoce. Os ensaios foram conduzidos nos municípios de Senador Canedo e Jataí, na safra 2015/16. Foram avaliadas 19 linhagens de soja do Programa de Melhoramento Genético da EMATER, com três testemunhas. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas constituíram-se de quatro linhas de 5 m, com espaçamento de 0,50 m entre linhas, sendo consideradas apenas as duas linhas centrais como área útil. Foram avaliadas a produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e ciclo de cultivo (dias). Os dados obtidos foram submetidos às análises de variância individual e conjunta, com o auxílio do programa Genes, e as médias comparadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade. Os valores de coeficiente de variação apresentaram-se satisfatórios para as duas características avaliadas, onde para produtividade de grãos foi de 12,8% e para ciclo de cultivo 2,7%. Para produtividade de grãos observaram-se diferenças altamente significativas entre as linhagens, ambientes e interação genótipo x ambiente (GxA). As linhagens GO07-6740-4 e GO04-5085-8, embora não diferiram das médias das testemunhas, destacaram-se como as mais produtivas, com produtividade de $3642 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ e $3335 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, respectivamente. Para ciclo de cultivo, houve diferença significativa apenas entre linhagens. Observou-se variação para ciclo de cultivo de 11 dias entre os genótipos avaliados, variando de 104 dias (NA 5909 RR) a 115 dias (NA 7337 RR). Todas as linhagens foram consideradas precoces, considerando ciclo igual ou inferior a 115 dias. As linhagens GO10-7575-1, GO08-7102-8 e GO07-6730-2 destacaram-se quanto ao ciclo, as quais apresentaram 105, 105 e 108 dias, respectivamente, não diferindo-se estatisticamente da cultivar mais precoce NA 5909 RR. Quando observadas as médias de produtividade e de ciclo para seleção, a linhagem GO10-7575-1 e a cultivar NA 5909 RR foram as únicas que apresentaram médias altas de produtividade coincidindo com menor ciclo. Deste modo, as linhagens GO07-6740-4, GO04-5085-8 e GO10-7575-1 merecem destaque e apresentam potencial para o cultivo de verão possibilitando a realização de segunda safra.

Palavras-chave: *Glycine max*; produtividade; precocidade.

Agradecimentos: EMATER, FAPEG E CTPA.

AVALIAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO NO CARIRI CEARENSE

Jakson dos Santos Nascimento¹; Marcelo Moura Chaves¹; Rysley Fernandes de Souza¹; José Tiago Barroso Chagas¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Júnior³.

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE. *jaksonsantos089@gmail.com.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental pelo fato deste permitir identificar e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos de características agronômicas do primeiro ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos de milho. Foram obtidas 210 famílias de irmãos completos derivados do milho crioulo Salva Terra. O ensaio de competição foi conduzido em dois anos agrícolas consecutivos: 2015 e 2016. As famílias foram avaliadas no campo experimental do Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri, Crato – CE. Os plantios foram realizados no delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de *SET*. Utilizou-se sete *SET*, com duas repetições, onde cada 'set' conteve 30 tratamentos, ou seja, 30 famílias de irmãos completos. Foram avaliadas as seguintes características: proporção de espigas doentes (ED), proporção de espigas atacadas por pragas (EP), peso médio de espigas com grãos (PE), peso médio de grãos em kg (PG), peso médio de 100 grãos, em gramas (P100). Os dados foram submetidos à análise de variância, com o auxílio do programa SAS. De posse dos componentes de variância, estimaram-se os seguintes parâmetros genéticos: variância genotípica (σ_g^2), variância fenotípica (σ_f^2), variância residual (σ_r^2), herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação genético (CV_g). As características EP, PE, PG e P100, apresentaram valores não muito elevados de CV_g , na ordem de 29,1, 17,1, 16,8 e 20,7% respectivamente. Apenas a característica ED apresentou elevado valor de CV_g 75,3%. As características PE, PG e P100 apresentaram valores de IV superiores a um, 2,6, 2,3 e 3,01 respectivamente, mostrando que os genótipos avaliados são promissores de ganhos futuros nos processos seletivos. A herdabilidade para as características ED, EP, PE, PG e P100 foram de 20%, 8%, 93%, 92% e 93%, nessa ordem, indicando que a população apresenta elevada herdabilidade para a maioria das características, com destaque para a de interesse para a cultura (PG). Diante de tais observações pode-se dizer que métodos simples de melhoramento poderão ser aplicados, com boas chances de sucesso em programas de melhoramento que utilizem essa população.

Palavras- chave: famílias; Irmão completo; ganhos genéticos.

AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES DE MILHO VERDE EM CRUZAMENTOS DIALÉLICOS

Daniel Sarto Rocha¹; Eduardo Sawazaki^{2*}; Marcelo Ticelli³; Aildson Pereira Duarte⁴; Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani^{5*}

¹Doutorando – Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical IAC; ^{2,4,5}Pesquisadores - Instituto Agronômico – IAC, Centro de Grãos e Fibras, Campinas, São Paulo, Brasil. ³Pesquisador - Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios - APTA. *E-mail dos autores para correspondência: sawazaki@iac.sp.gov.br; elisa@iac.sp.gov.br.

A produção de milho comum tipo dentado para consumo no estágio de verde tem grande importância econômica no Brasil. Dados do CEAGESP relatam a entrada de 50.070.957 kg de espigas de milho verde (MV) no período de janeiro a dezembro de 2016 e 16.102.811 kg de janeiro a abril de 2017. No entanto, o número de cultivares disponíveis no mercado é relativamente pequeno o que ressalta a relevância do trabalho, que objetivou conhecer o potencial das populações de MV em combinações híbridas e obter híbridos promissores. Os híbridos intervarietais foram obtidos de um dialelo de 5 populações com características de uso no estágio de milho verde, incluindo variedades e populações derivadas de híbridos comerciais. Os experimentos foram desenvolvidos em dois locais do estado de São Paulo, no Instituto Agronômico em Campinas (IAC) e em Tatuí (APTA). O delineamento foi o de blocos casualizados com 3 repetições, 10 híbridos e 2 testemunhas (AG 1051 e Cativerde), para avaliação da produtividade de grãos (PG) e do peso de espigas com palha (PECP). Para PG, os dados foram corrigidos para umidade de 13%. As análises de variância conjunta e dialélica (método IV de Griffing) foram efetuadas no programa Genes. Houve diferença significativa entre híbridos, testemunhas, ambientes e efeito significativo da interação híbridos por ambientes para PG e PECP. Os híbridos $P_2 \times P_3$, $P_2 \times P_4$, $P_2 \times P_5$, $P_4 \times P_5$ e a testemunha (AG 1051) tiveram suas médias de produtividade de grãos e espigas com palha agrupadas pelo teste Scott-Knott ($P < 0,01$), sendo os valores máximos para os dois caracteres de $9.571 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ e $14.009 \text{ kg} \cdot \text{ha}^{-1}$, respectivamente, em Tatuí. Na análise dialélica em Tatuí, a capacidade geral de combinação (CGC) foi significativa ($P < 0,01$) para PG e PECP, destacando-se a população 2, oriunda de um híbrido comercial da Biomatrix (P_2), e a população 4, uma variedade do IAC (P_4) pelos valores expressivos e positivos para as duas características. A capacidade específica de combinação (CEC) foi significativa ($P < 0,06$), onde o cruzamento $P_2 \times P_3$ apresentou a maior média dentre os híbridos intervarietais e a maior CEC, devido à elevada CGC do P_2 e à complementariedade entre essas duas populações. Conclui-se que os híbridos $P_2 \times P_3$ e $P_2 \times P_4$ apresentam potencial para produção de milho verde. Em adição, as CGCs altas e positivas indicam elevada concentração de genes favoráveis para PG e PECP nas populações 2 e 4.

Palavras-chave: milhos especiais; Griffing; híbridos intervarietais

Agradecimentos: CAPES

AValiação de Populações Experimentais de Milho em Seis Locais do Paraná (*Zea mays* L.)

Mariana Brandalize Vespero¹, Pedro Mário de Araújo¹, Gabriela Inocente¹,
Maria Angelica Marçola^{1*}

¹Instituto Agronômico do Paraná. ¹E-mail: marianavespero@gmail.com.

A produção de milho no Brasil é de suma importância econômica, visto que é um dos maiores produtores do mundo, tendo o melhoramento genético um grande papel nesta produção. O objetivo na safra 2015/2016 do presente estudo foi avaliar e selecionar populações de milho para caracteres agronômicos, produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta e espiga (AP e AE) em centímetro, florescimento feminino (FF) em dias, prolificidade (PRO) em número de grãos por espiga e rendimento de grãos (REND) em kg/ha. Na safra verão 2015/2016, foram avaliadas as populações: PC 0202, PC 0902, PC 0903, PC 0904, PC 0905, PC 9902, PC 0201, PC 0404, IPR 114 SB, IPR 114 D, IPR 114 C₃, IPR 164 SB, IPR 164 C₂, PC 1201 YG/SP, PC 1201 YG/P, PC 1203 HI, PC 1204 DKB, IPR 127 e as testemunhas DOW 2B810, L3AX(LM90XFC93) e AG 8.3 x F932.2.1, totalizando assim 21 tratamentos. Os ensaios foram conduzidos nas Estações Experimentais de Londrina, Cambará, Pato Branco, Guarapuava, Santa Helena e Santa Tereza do Oeste. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com 3 repetições, e 2 linhas de 5 metros por parcela. Para o caráter REND, a média dos seis locais apresentou coeficiente de variação de 8,05% que é considerado baixo para este caráter e a média geral de produção foi de 10325 kg/ha, destacando-se o híbrido D.2B810, com média de 14837 kg/ha. As populações, ou variedades experimentais, que mais se destacaram foram PC 0904, PC 1203 HI e PC 0905, que apresentaram média em torno de 80% da média das testemunhas, o que demonstra o potencial dessas populações visto que são de polinização livre e, portanto, não exibem o vigor de híbrido, mas permitem ao agricultor o uso da geração F₂ sem perda do vigor médio.

Palavras-chave: melhoramento de milho; seleção recorrente; populações de milho.

AValiação DE PROGêNIes DE IRMãos GERMANOS EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA DE MILHO NA REGIÃO SUL DE MINAS

Názila Nayara Silva de Oliveira¹; João Cândido de Souza²; Brena Kelly da Silva Almeida³; Gustavo Andrade Cardoso⁴; Murilo Cândido Ruy⁵; Élcio Friske⁶; Olinda Estefania Ocampos Báez⁷

^{1,2,3,4,5,6,7} Universidade Federal de Lavras. *nayara.sancho@hotmail.com

Quando se quer obter combinações híbridas de milho de melhor desempenho, a Seleção Recorrente Recíproca (SRR) vem a ser uma alternativa. Trata-se de um esquema cíclico de seleção, como base na produção, avaliação e recombinação, que visa explorar todas as ações gênicas e potencializar a heterose entre duas populações. O objetivo desse trabalho consistiu na avaliação de progênies de irmãos germanos do sexto ciclo de SRR para fins de melhoramento na região sul de Minas. O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Biologia, localizado no município de Lavras MG. O delineamento foi em DBCC com três repetições com 161 progênies provenientes do programa de melhoramento de milho da UFLA e 4 testemunhas. Os caracteres avaliados foram peso de grãos (PG) e peso, comprimento e diâmetro de espigas (PE, CE e DE, respectivamente), sendo selecionadas aleatoriamente e avaliadas quatro espigas por parcela. Foram detectadas diferenças significativas para os caracteres PG e PE, enquanto que para CE e DE não foi observada diferença ao nível de 0,05 de probabilidade. Observou-se, para PG, um Coeficiente de Variação (CV%) de 11,34% (média=71 g) e para PE, um CV% de 11,50% (média=203g). A herdabilidade no sentido amplo foi de 62% para PG e de 60% para PE, sendo consideradas altas, podendo-se inferir com 0,05 de probabilidade que são diferentes de zero. Desse modo, como a mesma corresponde a proporção da variância genética presente na fenotípica total, com ela pode-se estimar a confiabilidade do valor fenotípico como reprodutivo. A estimativa do ganho com a seleção (Gs), para os melhores 15 genótipos, correspondeu a 16,14 g e 2,49 g para PG e PE, respectivamente, podendo-se inferir que houve um alto ganho para peso de grãos, mostrando a possível eficiência do programa de SRR para esse caráter. Realizando o procedimento de Scott e Knott (1974), para PG e PE, não houve formação de mais de um grupo, mostrando que as progênies não diferiram das testemunhas ao nível de 0,05 de probabilidade. O híbrido 6Ax9B (286g) obteve a maior média para PE e o híbrido 135Bx165A (208g) para PG, superando os híbridos comerciais que obtiveram um rendimento médio de 176,76 g para PG e 206,28 g para PE. Com a alta herdabilidade e Gs, pode-se inferir que houve baixa variação experimental, o que é enfatizado pelo reduzido valor de CV. A expressão do ganho mostra que quanto menor o desvio padrão fenotípico, maior o ganho esperado e a redução da variância fenotípica ocorreu provavelmente devido à baixa taxa de erro encontrada no experimento.

Palavras-chave: *Zea mays*; peso de grãos.

Agradecimentos: UFLA, Cnpq.

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES $S_{0:1}$ DE GRÃOS FARINÁCEOS PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Brena Kelly da Silva Almeida^{1*}; Maria Beatriz Pereira da Silva¹; Gustavo Andrade Cardoso¹; Carlos Henrique Pereira¹ Názila Nayara Silva Oliveira¹; Paula Mikaely Henrique Vieira¹; João Candido de Souza¹

¹Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA). *E-mail do autor para correspondência: brena.kelly15@hotmail.com

O milho representa um importante componente na alimentação de animais monogástricos e ruminantes, onde cerca de 70% do uso de grãos é destinada para pecuária. A seleção de grãos com o endosperma farináceo é importante, pois contém menor teor de proteínas do tipo zeínas, o que confere melhor digestibilidade do amido. No entanto, além da qualidade a produtividade dos grãos também é um aspecto importante para obtenção de cultivares de milho para forragem. O objetivo desse trabalho foi avaliar progênies $S_{0:1}$ quanto à produtividade de grãos. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras (UFLA), na safra 2015/2016, em Lavras – MG. O ensaio foi constituído por 287 progênies $S_{0:1}$ oriundas de quatro populações selecionadas dentre 39 cruzamentos de genótipos espanhóis com híbridos comerciais de alta performance na região. O delineamento utilizado foi látice quadrado triplo 17x17 (287 progênies mais as testemunhas BM 3061 e 20A78). As parcelas foram constituídas por uma linha de três metros de comprimento com espaçamento de 0,60 m entre linhas e 0,25 entre plantas, totalizando 12 plantas por parcela e uma densidade de 66.660 plantas ha⁻¹. Foram avaliados os caracteres número de plantas por parcela no estande final, números de plantas acamadas e/ou quebradas e produtividade de espiga despalhada. De posse dos dados verificou-se as pressuposições normalidade e homocedasticidade para procedimento da análise de variância. Houve diferenças significativas para os caracteres avaliados, o que evidencia a existência de variabilidade para essas características, ou seja, pelo menos um dos tratamentos diferiu dos demais. O número de plantas no estande final não poderá ser utilizado para realizar correção da produtividade de grãos, pois, apresentou significância o que mostra que a variância não ocorreu de forma aleatória. A produtividade média de espigas despalhadas foi 1,183 kg/parcela com uma amplitude de variação de 0,355kg/parcela a 2,462 kg/parcela, o que indica variabilidade para selecionar as progênies promissoras para esse caráter.

Palavras-chave: *Zea mays*; digestibilidade; produção de grãos.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, CNPq e UFLA

AValiação de Progênies S_{0:1} de Soja no Sul de Minas Gerais

Adriano Teodoro Bruzi^{1*}; Igor Oliveri Soares²; Karina Barroso Silva³; João Paulo Santos Carvalho⁴; Dyanna Rangel Pereira⁵; André Rodrigues Salomão Pinto⁶; Sinomar Domingues de Freitas Neto⁷

^{1,2,3,4,5,6,7}Universidade Federal de Lavras, *adrianobruzi@dag.ufla.br.

A cultura da soja vem obtendo posição de protagonismo no sul de Minas Gerais. No entanto, devido a expansão da cultura na região ser um fato recente, ainda não existem cultivares de soja recomendadas especificamente para as condições edafoclimáticas do sul de Minas Gerais. Para caracteres quantitativos é impossível obter sucesso em um único ciclo seletivo. Desta forma, a principal alternativa é o emprego da seleção recorrente. Nesse contexto, objetivou-se com este trabalho estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos e selecionar progênies S_{0:1} de soja, obtidas pela seleção recorrente para a região sul de Minas Gerais. O trabalho foi conduzido em área experimental no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária (Fazenda Muquém) da Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais. Na safra 2015/2016 foram avaliadas 131 progênies S_{0:1} do ciclo 0 de seleção recorrente, 13 genitores como testemunhas. O delineamento foi o látice simples 12x12, adotando parcela de 1 linha de 2 metros. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias para o florescimento; dias para a maturação; altura de inserção do primeiro legume; altura da planta e produtividade dos grãos. Após a coleta e tabulação dos dados foi efetuada a análise genético/estatística com auxílio do software Statistical Analysis System (SAS). Foram observadas estimativas de herdabilidade diferente de zero para todos os caracteres avaliados, demonstrando ser possível o sucesso com a seleção. Os valores das estimativas dos parâmetros foram de 0,82 para dias para florescimento; 0,68 para maturação; 0,53 para altura de inserção do primeiro legume; 0,77 para altura de planta e 0,50 para produtividade dos grãos. As estimativas dos componentes de variância e as distribuições de frequências das médias BLUP evidenciaram a existência de variabilidade entre as progênies, fato este fundamental para se realizar a seleção das melhores progênies e obter ganho. As médias BLUP para o caráter dias para maturação apresentaram variação de 112 dias a 138 dias, sendo que 46% das progênies avaliadas apresentaram valores inferiores à 120 dias, viabilizando assim a segunda safra na região. Já para o caráter produtividade, as médias BLUP variaram de 44 a 128 scs.ha⁻¹. No entanto é importante destacar que 98,6% das progênies avaliadas apresentaram produtividade superior à média nacional, de 48,6 scs.ha⁻¹ na safra 15/16, demonstrando assim o grande potencial produtivo das progênies para a região.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Melhoramento Genético; Genética Quantitativa

Agradecimentos: Universidade Federal de Lavras, Fapemig, CNPq, CAPES.

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES S_{0:1} DE SOJA PARA QUALIDADE DE GRÃOS NA REGIÃO SUL DE MINAS GERAIS

Adriano Teodoro Bruzi^{1*}; Karina Barroso Silva² Frederico Dellano Souza Silva³; Eric Vinicius Vieira Silva⁴; Fábio Serafim Marques⁵; Pablo de Sousa Arantes⁶.

^{1,2,3,4,5,6}Universidade Federal de Lavras, *adrianobruzi@dag.ufla.br.

Teores de óleo e proteína que são compostos determinantes na qualidade do grão de soja, podem ser afetados por fatores genéticos e ambientais. Dessa forma, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos associados aos teores de óleo e proteína nos grãos bem como selecionar progênies S_{0:1} de soja, obtidas pela seleção recorrente para a região sul de Minas Gerais. O experimento foi conduzido em área experimental no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária (Fazenda Muquém) da Universidade Federal de Lavras, Lavras, Minas Gerais. Na safra 2015/2016 131 progênies S_{0:1} do ciclo 0 de seleção recorrente foram avaliadas, procedentes de sete populações distintas e 13 genitores como testemunhas. O delineamento estatístico foi o látice simples 12x12, empregando parcela de 1 linha de 2 metros. Foram avaliados os teores percentuais de óleo e proteína determinados em grãos íntegros pela técnica da Refletância do Infravermelho Próximo (NIR). Os grãos de cada progênie foram submetidos a leituras em duplicata, com equipamento Thermo, modelo Antaris II, dotado de esfera de integração com resolução de 4 cm⁻¹. Foi efetuada a análise genético/estatística com auxílio do software Statistical Analysis System (SAS). As estimativas dos componentes de variância foram significativas para os teores de óleo e proteína, corroborando para se fazer a seleção das melhores progênies. As herdabilidades para óleo e proteína foram diferentes de zero, 0,85 e 0,82, respectivamente, evidenciando a possibilidade de sucesso com a seleção. As médias para o caráter óleo variaram de 25,35 a 19,27%. Para proteína observou variação de 39,34 a 33,18%. Os ganhos de seleção (i=30%), obtidos para os teores de óleo e proteína foram de 23,69 e 37,85%, respectivamente, evidenciando assim o incremento desses teores com a seleção.

Palavras-chave: óleo e proteína; *Glycine max* (L.) Merrill

Agradecimentos: Universidade Federal de Lavras, Fapemig, CNPq, CAPES.

AValiação de Quatro Ciclos de Seleção Recorrente Intrapopulacional em Milho Pipoca

Maria Beatriz Pereira da Silva^{1*}; João Candido de Souza¹; Giovana das Neves Teixeira¹; Murilo Cândido Ruy¹; Názila Nayara Silva Oliveira¹; Gustavo Andrade Cardoso¹; Brenna Kelly da Silva Almeida¹

Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA)¹ *E-mail do autor para correspondência: mariabiasilva12@gmail.com

A produção de grãos, dentre outros, é um caráter importante quando se avalia uma cultivar de milho pipoca. O trabalho teve como objetivo avaliar quatro ciclos de seleção recorrente intrapopulacional de milho pipoca da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Em dezembro de 2016 foram semeados os 4 ciclos de seleção recorrente: ciclo 5, ciclo 6, ciclo 7 e ciclo 8, juntamente com 2 híbridos comerciais como testemunhas, no total de 6 tratamentos. O experimento foi avaliado na safra 2016/17, isolado no tempo e no espaço. O delineamento experimental utilizado foi blocos completos casualizados com cinco repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 5 metros, espaçadas de 0,60 metros entre linhas e 0,25 entre plantas, com 4 plantas por metro linear e 40 plantas por parcela. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura do milho pipoca na região. Avaliou-se a produção de grãos das parcelas, para a qual pesou-se os grãos das mesmas já debulhados e corrigidos para 13% de umidade. De posse dos dados, realizou-se o teste de normalidade e a análise de variância. Para o caráter considerado, houve diferença significativa entre os ciclos de seleção recorrente e o coeficiente de variação (CV) foi de 17,33%, com uma acurácia seletiva de 87,34%. Observa-se que o coeficiente de variação juntamente com a acurácia demonstram uma boa precisão experimental. A média do caráter avaliado foi de 1,475 kg por parcela e com uma amplitude de variação entre 1,33 Kg a 1,60 Kg entre os ciclos de seleção comparadas à 1,29 kg para a testemunha AG2504 e 1,92 kg para a testemunha AG8202, ambas comerciais. Nota-se que a produção dos ciclos seletivos superam a testemunha comercial AG2504.

Palavras-chave: *Zea mays L. spp. everta*, Seleção Recorrente, Produção de grãos.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES e CNPq

AValiação de Testadores de Base Genética Estreita e Progênies S₃ para Caracteres Bromatológicos

Giovana Dallago Garcia^{1,*}; Robson Akira Matsuzaki¹; Alex Sandro Torre Figueiredo²; Diego Ary Rizzardi¹; Alex Viana Alves¹; Marcelo Akira Saito¹; Ronald José Barth Pinto¹.

¹Universidade Estadual de Maringá. ²Sakata Seed. *E-mail do autor: giovanadallago@hotmail.com

O milho é considerado a espécie referência para a produção de silagem. Dentre as características marcantes da cultura do milho como planta forrageira destaca-se a facilidade de cultivo e conservação no silo, alto rendimento de matéria seca, e alta digestibilidade da matéria seca. Desse modo, a combinação de famílias parcialmente endogâmicas com testadores de base genética estreita por meio de topcross, fornece informações de estimativas de capacidade de combinação para seleção de famílias promissoras. O objetivo do trabalho foi comparar três diferentes testadores na avaliação de progênies parcialmente endogâmicas S₃ de milho derivadas de populações selecionadas previamente para uso como germoplasma silageiro. Na safra agrícola de 2014/2015, foram instalados três experimentos para avaliar os híbridos topcrosses obtidos com os testadores híbridos simples AG8088 e DKB330 e com a linhagem elite 9.H33.3 e um experimentos para avaliação das progênies S₄. O delineamento utilizado foi em látice simples parcialmente balanceado com 81 tratamentos. Os caracteres bromatológicos avaliados foram: teor de fibra em detergente neutro (FDN), teor de fibra em detergente ácido (FDA) e teor de lignina (LGN). Os resultados das análises de variância individuais evidenciaram que para todos os caracteres bromatológicos da qualidade da forragem houve efeitos significantes ($P < 0,05$) dos tratamentos, indicando a existência de variabilidade genética. Foram estimados os componentes de variância genética e fenotípica, herdabilidade no sentido amplo, heterose e a capacidade geral de combinação das progênies, testadores e a capacidade específica de combinação por meio da análise dialélica apenas os híbridos F₁'s. O testador 9.H3.33 foi eficiente em identificar as famílias de maior mérito genético no sentido de reduzir o conteúdo de fibras na forragem de seus híbridos topcrosses, havendo uma grande concordância entre o desempenho dos híbridos e a capacidade geral de combinação das progênies S₃. As progênies 201-23.2, 201-59.1, 201-100.4, 201-145.4, 203-3, 203-31, 203-32, 203-72, 203-98, 203-111, 203-135, 203-139, 203-150, 203-188, devem ser avançadas no programa de melhoramento de milho da UEM, para utilizá-las futuramente em combinações buscando obter novos híbridos de milho.

Palavras-chave: silagem; topcrosses; heterose.

AValiação DO DESEQUILÍBRIO DE LIGAÇÃO EM POPULAÇÕES DE MILHO PIPOCA TROPICAIS E TEMPERADAS SUBMETIDAS A CICLOS DE SELEÇÃO

Leonardo Alves Risso^{1*}; Geísa Pinheiro Paes¹; Marcelle Ferreira Silva¹; Cleiton Paula da Silva¹; Renato Lorenzon Villaschi¹; José Marcelo Soriano Viana¹

¹Universidade Federal de Viçosa-UFV.*Leonardo.a.risso@gmail.com

Desequilíbrio de ligação (LD) é a associação não aleatória entre alelos de diferentes locos em uma população. Vários fatores podem influenciar o LD, alterando as frequências alélicas, como migração, mutação, autofecundações, seleção, tamanho populacional, acasalamentos ao acaso, entre outros. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi analisar desequilíbrio de ligação em populações tropicais e temperadas de milho pipoca relacionadas a ciclos de seleção por meio de marcadores. Foram estudadas sete populações tropicais e duas temperadas, sendo as tropicais submetidas aos ciclos de seleção para capacidade de expansão (CE). Foram elas: população base Viçosa, Viçosa C1 e C4 (obtidas a partir de Viçosa após 1 e 4 ciclos de seleção de meios irmãos), Viçosa C2 FIC (obtida de Viçosa após 2 ciclos de seleção de irmãos completos), Viçosa S4 (obtida de Viçosa após 4 ciclos de seleção de progênies), Beija-flor (BF) C1 e Beija-flor C4 (obtidas após 3 ciclos de seleção de meios irmãos de BF C1). As populações temperadas foram compostas por UFV MP-1 e UFV MP-2, oriundas de dois híbridos norte americanas. Foram utilizados 96 marcadores SNP devidamente selecionados em regiões de QTLs para qualidade. Foram estimadas três medidas de LD: o valor absoluto da diferença entre as frequências gaméticas observadas e esperadas em equilíbrio de ligação gênica (D), a proporção de D em relação ao valor máximo na população (D') e o quadrado da correlação entre alelos de dois locos (r^2). Foi utilizado o programa PowerMarker 3.25 para mensurar o LD e heterozigosidade esperada (He). Os números de SNPs polimórficos variaram nas populações de milho pipoca com mínimo de 54 em Beija-flor C4 e máximo de 89 em Viçosa C1. Os números de SNPs em EHW afetaram negativamente o LD, variando de 10 em beija-flor C4 para 57 na pop. Viçosa. A (He) variou de 0.2879 na população temperada UFV MP-1 para 0.3210 na pop. Viçosa C2 FIC. A média máxima e mínima de D e r^2 foram para as populações Viçosa C2 FIC e BF C4, respectivamente. No geral os valores de LD foram maiores para as populações tropicais. O menor e maior valor de D' foram para UFV-MP2 e Viçosa C2 FMI, respectivamente. A seleção realizada indiretamente para CE levou uma redução no número de SNPs polimórficos e SNPs em EHW para as populações derivadas de Viçosa depois de 2 ou 4 seleções de progênies não endógamas. Houve um aumento para He, D e r^2 , nessa mesma população depois de 2 ou 4 seleções, sendo mais expressivos nas populações tropicais. Assim conclui-se que os ciclos de seleção foram eficientes para aumentar os valores de LD nas populações tropicais.

Palavras-chave: Polimorfismo

Agradecimentos: FAPEMIG.

AValiação DO ESCURECIMENTO DE GRÃOS EM FEIJOEIRO COMUM PELOS MÉTODOS NATURAL E ACELERADO

Acácia Mecejana Diniz Souza^{1*}; Marielle Azevedo de Castro Lopes Secco²;
Rodrigo Lorencetti Tunes Lopes¹; José Antônio de Fátima Esteves¹; Sergio
Augusto Morais Carbonell¹; Cássia Regina Limonta Carvalho¹; Alisson
Fernando Chiorato¹

¹Instituto Agronômico (IAC); ²Unicamp; *E-mail: acacia@hotmail.com.br

O escurecimento lento de grãos é buscado pelos melhoristas de feijoeiro comum, pois o consumidor considera o grão mais escuro como um grão envelhecido que exigirá maior tempo de cocção. A análise empregada atualmente pelos programas de melhoramento leva 90 dias ou mais para diferenciação da cor entre os genótipos. No entanto, é possível obter resultados em 96h, submetendo os grãos à luz ultravioleta. Diante disso, objetivou-se avaliar a coloração dos grãos de 13 linhagens avançadas e três cultivares de feijoeiro do tipo carioca, cultivadas na época da “seca” (Campinas e Tatuí), “inverno” (Votuporanga e Ribeirão Preto) e das “águas” (Mococa) de 2016, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Os genótipos foram avaliados pelo método de escurecimento natural do grão em condições de prateleira com 0, 30, 60 e 90 dias de armazenamento em sacos plásticos e pelo método de escurecimento acelerado, em condição de câmara com luz ultravioleta, a 253 nm, com 0, 24, 48, 72 e 96 horas de exposição à fonte de iluminação. Utilizou-se colorímetro manual, Minolta®, para determinar as medidas de cor pelo sistema $L^*a^*b^*$. Obteve-se a Luminosidade (L) e Delta E (D), que representa a diferença de cor de X horas/dias em relação à 0h/dia. Procedeu-se à análise de variância conjunta de locais e épocas e aplicou teste Tukey (5%). Os genótipos mais claros nos dois métodos, com base nos valores médios de “L”, foram Gen 45-2F-293P e Gen 4-1F-19P. Os genótipos que escureceram lentamente, com base nos valores médios de Delta E pelo método natural foram Gen 86-12A-122, Gen 90-4A-160, BRS Pérola e IAC Sintonia; e para o acelerado, Gen 86-12A-122, Gen 90-4A-160 e IAC Sintonia. Essas linhagens são indicadas para seleção por manter a coloração de forma mais estável ao longo do tempo. Os que escureceram mais rapidamente, de acordo com o Delta E, em condições naturais foram Gen 12-2F-67 e IAC Milênio; para acelerado, Gen 12-2F-67, Gen 106-6A-319 e IAC Milênio. As variáveis “L” em condições de escurecimento natural e acelerado (0,71 a 0,95; $p < 0,0001$) e “D” acelerado (0,42 a 0,95; $p < 0,0001$) apresentaram valores positivos e significativos de correlação entre si, indicando correspondência entre os métodos. A avaliação de coloração pelo método de escurecimento acelerado de grãos com base nos valores de “L” (grãos claros) e “D” (escurecimento lento) em condições de câmara de luz ultravioleta pode ser utilizada para encurtar o tempo de análise na rotina dos programas de melhoramento genético de feijoeiro.

Palavras-chave: Carioca; coloração; luz ultravioleta.

Agradecimentos: CAPES, FAPESP

AValiação DO POTENCIAL PARA SILAGEM DE CULTIVARES DE MILHO, DESENVOLVIDOS PARA AGRICULTURA FAMILIAR DO ESPÍRITO SANTO

Diego Pereira do Couto¹; Luis Eduardo Gottardo¹; Ana Paula C. G. Berilli²; Eline Paula F. Cazaroti³; Hyago Silva Prates Ferreira¹; Luciene Lignani Bitencourt²; Marçal Norberto da C. Lucindo¹.

¹Graduando em Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil. E-mail: diego_couto@hotmail.com; ²Professoras do curso de Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil; ³Graduada em Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil.

Diversos fatores interferem na quantidade e qualidade da silagem e dentre eles o genótipo do material utilizado é um dos mais importantes. Logo, para uma produtividade satisfatória é preciso que os produtores tenham a sua disposição materiais genéticos superiores e recomendados para sua região. O objetivo desse trabalho foi identificar dentre o banco de germoplasma do Ifes Campus Itapina as populações de milho mais adaptadas as condições edafoclimáticas da região noroeste do estado do Espírito Santo voltados para produção de silagem. O experimento foi conduzido no campo experimental do Ifes Campus Itapina em blocos casualizados, com quatro repetições e nove tratamentos. Dentre as características agrônômicas avaliadas destacam-se altura da planta, altura da espiga, número de plantas quebradas, número de plantas acamadas e matéria seca (MS). A colheita das plantas foi efetuada quando os grãos estavam no estágio de $\frac{1}{2}$ leitoso, de forma manual, cortando-as a 0,15 metros acima do solo e picadas em ensiladeira. Para determinação de MS foram coletadas amostras do material verde picado, enquanto que a ensilagem foi realizada em mini-silos, constituídos por baldes plásticos e a compactação realizada por meio de pisoteio. O genótipo Cimmyt 11 foi o que apresentou a menor altura de planta (2,07 metros) e o ES 001 a menor altura de inserção de espigas (1,19 metros), enquanto que as populações Fortaleza e Perin, tiveram as maiores médias para altura de plantas e para altura de espigas (2,68 e 2,70; 1,53 e 1,85; metros respectivamente), contudo também apresentaram as maiores médias de plantas acamadas. Os genótipos que apresentaram os maiores teores de matéria seca foram Aliança (33,1%) e Piranão 11 (32,8%), seguidos por Encapa (31,4%), ES 001 (31,4%), Fortaleza (29,9%), Perin (29,7%), Piranão 14 (28,9%), Cimmyt 14 (28,2%) e Cimmyt 11 (27,8%). Considerando os parâmetros agrônômicos avaliados, as populações Fortaleza e Perin, não são recomendadas para produção de silagem por apresentarem uma elevada altura de planta, altura de espigas e número de plantas acamadas. Portanto, são indicados as cultivares Aliança e Piranão 11 por apresentarem as maiores médias de MS e porte mediano de altura de plantas, aliados com futuros estudos de análise bromatológica e consumo dos animais para recomendação definitiva.

Palavras-chave: silagem de milho; melhoramento genético; matéria seca.

Agradecimentos: A FAPES pelo apoio financeiro ao projeto, ao IFES Campus Itapina e ao CNPq pelo apoio financeiro ao bolsista.

AValiação DO VIGOR DE SEMENTES DE VARIEDADES DE MILHO CRIOULO DO BANCO DE SEMENTES DO MATO GROSSO DO SUL

Natália Penzo Barcelos¹; Annanda Mendes Costa²; Hugo Tiago Ribeiro Amaro³; João Lucas da Costa Santos de Almeida⁴

^{1 2 4}Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul – *campus* Ponta Porã, MS.

³Universidade Estadual de Montes Claros – *campus* Paracatu, MG.
*natalia_penzo@hotmail.com.

A demanda por sementes híbridas tem aumentado, devido a busca por sementes de alta qualidade e da alta competitividade do mercado. Entretanto é comum entre pequenos produtores a utilização de sementes crioulas, sementes próprias. Mas pouco se sabe da qualidade dessas sementes e o quanto isso pode afetar sua produção. São vários os fatores que afetam o cultivo do milho, como a qualidade e o vigor das sementes. O uso de testes de vigor é de grande utilidade, pois a queda do vigor precede a perda de viabilidade, e é um dos principais atributos da qualidade fisiológica das sementes, pela influência que pode ter no crescimento e no rendimento das plantas. O objetivo deste trabalho foi avaliar o vigor de sementes de diferentes variedades crioulas de milho do banco de sementes do Mato Grosso do Sul. Foram utilizados três variedades de sementes de milho crioulo, milho Branco, milho Asteca e milho Roxo, provenientes do Programa Banco de Sementes Crioulas do Mato Grosso do Sul do Ministério da Agricultura. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com quatro repetições. A avaliação do vigor das sementes foi realizada por meio do teste de condutividade elétrica, comprimento da parte aérea e comprimento da raiz da plântula, massa fresca e massa seca da plântula. Pelos resultados, para a condutividade elétrica, as variedades do milho Asteca e milho Branco se diferiram estatisticamente, a maior condutividade elétrica foi o milho Asteca ($10,47 \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$), seguida pelo milho Roxo ($8,42 \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$) e pelo milho Branco ($6,95 \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$). Para o comprimento da parte aérea, houve diferença significativa entre as variedades, sendo o milho Roxo superior (24,55 cm), seguido pelo milho Branco (23 cm) e milho Asteca (20,4 cm). E para o comprimento da raiz da plântula, as variedades não se diferiram estaticamente. As médias obtidas a partir da massa fresca se diferiram estatisticamente entre as variedades, sendo o milho Roxo superior (1,75 g), seguido pelo milho Branco (1,63 g) e milho Asteca (1,3 g). E para massa seca não se diferiram estatisticamente entre as variedades. A variedade que apresentou menor vigor foi o Milho Asteca, com menor comprimento aéreo e radicular, menor massa fresca e massa seca, pois quanto maior a condutividade elétrica menor a estruturação da membrana e maior a deterioração da semente, conseqüentemente menor vigor.

Palavras-chave: milho; sementes; vigor.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Instituto Federal do Mato Grosso do Sul e ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

AValiação e Seleção de Progenies Endogâmicas de Feijoeiro Avaliadas em Diferentes Gerações

Ramon Gonçalves de Paula^{1*}; Tiago de Souza Marçal¹; Felipe Vicentino Salvador¹; Fabíola dos Santos Dias¹; Laércio da Silva Resende Junior¹; Kharenn Vailant Nunes¹; Pedro Crescêncio Souza Carneiro¹

¹Universidade Federal de Viçosa. * ramon.goncalves@ufv.br

A estratégia da seleção recorrente tem se tornado frequente em programas de melhoramento da cultura do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). Nessa estratégia, as avaliações de progênies são realizadas desde as gerações F_{2:3} ou F_{3:4} até as gerações F_{2:6} ou F_{3:6}, em ensaios com repetições em vários locais e safras. Contudo, nas análises realizadas dessa forma são confundidos os efeitos genéticos das diferentes gerações nas diferentes safras. A metodologia de modelos mistos permite mitigar os efeitos da interação genótipo x geração por meio da covariância genética presente nas progênies entre as diferentes gerações. Assim, o objetivo deste trabalho foi utilizar a metodologia de modelos mistos na seleção de progênies de feijão preto avaliadas em diferentes safras e gerações. Foram avaliadas 380 progênies em delineamento em látice triplo 20 x 20, nas safras da seca (geração F_{3:4}) e do inverno (geração F_{3:5}) de 2015, na estação experimental da Universidade Federal de Viçosa. Os caracteres avaliados foram produtividade de grãos (PROD), arquitetura de plantas (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). A análise conjunta dos experimentos foi realizada desconsiderando o efeito de gerações, pela abordagem clássica de mínimos quadrados ordinários, e uma outra análise considerando o efeito de geração, pela abordagem de modelos mistos. Foram selecionadas 50 melhores progênies pelo índice genótipo-ideótipo, com base nas médias genotípicas estimadas dos três caracteres desconsiderando o efeito de geração, e pelo índice aditivo, com base nas médias BLUP dos três caracteres considerando o efeito de geração. Na análise conjunta, foi verificada presença de interação genótipo x safra e genótipo x safra/geração para AG e PROD, enquanto que para ARQ tanto a interação dos genótipos com a safra e safra juntamente com a geração não foram significativos. Estes resultados indicam que o efeito entre as gerações não foi significativo para influenciar o comportamento dos genótipos entre os dois ambientes, e sim pelo efeito entre as safras. Na seleção das 50 melhores progênies, a coincidência de progênies selecionadas pelos dois índices foi de apenas 26%. Essa pequena coincidência está associada ao fato da metodologia de modelos mistos ponderar as médias genotípicas por pesos diferentes de acordo com a geração de endogamia dos genótipos, enquanto que o índice genótipo-ideótipo não leva em consideração o coeficiente de endogamia. A metodologia de modelos mistos pode ser usada na seleção de progênies endogâmicas avaliadas em diferentes gerações.

Palavras-chave: Seleção recorrente, BLUP, índice de seleção

Agradecimentos: CAPES, FAPEMIG, CNPq

AValiação Fenotípica de Linhagens de Sorgo-Vassoura na Zona da Mata de Minas Gerais

Jadson dos Santos Teixeira^{1*}; Evandro Marcos Biesdorf¹; Paulo Henrique Honorato Salla¹; Angélica de Fátima Barros¹; Elisângela Aparecida Milagres Sousa¹; Leonardo Duarte Pimentel²; Aluízio Borém²

¹Pós-graduando em Fitotecnia, UFV/Viçosa, MG. ²Professor do Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa. *E-mail: jadsonteixeira@gmail.com

O sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) está entre os cinco cereais mais cultivados no mundo. Caracteriza-se por apresentar aptidão para alimentação humana, alimentação animal e como opção de geração de renda no campo. Nesse contexto, existem cinco tipos de sorgo (granífero, forrageiro, sacarino, biomassa e vassoura) que podem ser utilizados, a depender do objetivo. O sorgo-vassoura possui características morfológicas que o tornam opção para a confecção de vassouras artesanais. Contudo, não existe cultivares disponíveis como opção de cultivo para os agricultores da Zona da Mata Mineira. Logo, objetivou-se avaliar linhagens de sorgo-vassoura visando à seleção de materiais adaptados para a região da Zona da Mata Mineira. O experimento foi realizado nos meses de janeiro a abril de 2017, na área experimental Diogo Alves de Mello na Universidade Federal de Viçosa, UFV. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados incompletos. Foram avaliadas 10 linhagens de sorgo-vassoura (obtidos de polinização livre) oriundos do banco de linhagens do programa sorgo da UFV: linhagens 01, 11, 13, 21, 25, 33, 35, 42, 51 e 66. As parcelas experimentais foram constituídas por uma fileira de cinco metros de comprimento, espaçadas de 0,70 m entre fileira, com duas repetições. As características avaliadas foram: altura de plantas (AL); diâmetro do colmo (DC); número de dias até o florescimento (NDF); comprimento da panícula (CP) e comprimento das ramificações primárias (CRP). As linhagens 11, 13, 35 e 66 apresentaram menores alturas de plantas, com isso, diferiram estatisticamente das linhagens 33 e 21, as quais apresentaram as maiores alturas. As linhagens 11 e 13 apresentaram maior DC diferindo estatisticamente ($p < 0,05$) das demais linhagens avaliadas. As linhagens 66 e 42 foram mais precoces (58 dias para o florescimento), diferindo estatisticamente das demais linhagens. Para as características CP e CRP, as linhagens não apresentaram diferenças significativas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$), com médias de 49,71 cm e 9,33 cm, respectivamente. As linhagens 11 e 13 apresentaram melhores desempenhos para à maioria das características, sendo consideradas promissoras para futura indicação aos agricultores da Zona da Mata Mineira. Estas linhagens serão avaliadas no presente ano agrícola para seleção final das mais promissoras.

Palavras-chave: Cultivares; variabilidade genética; polinização aberta.

AValiação PRECOCE PARA RENDIMENTO DE GRÃOS VISANDO O DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS ELITE DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Sandy da Silva Soares¹; Adriano Pereira de Castro²; Alessandra Gonçalves Ribeiro³

¹Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera. ²Embrapa Arroz e Feijão. ³Universidade Federal de Goiás. E-mail: sandydasilvasoares@outlook.com

O arroz (*Oryza sativa* L.) tem importante papel na dieta populacional como fonte de energia e proteína. É alimento básico de aproximadamente 2,4 bilhões de pessoas e estimativas apontam que em 2050 deverá haver demanda para atender o dobro dessa população. O programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa tem como estratégia selecionar precocemente famílias de alto potencial produtivo e explorá-las visando à seleção de linhagens com melhor desempenho em relação às características agrônômicas e de qualidade de grãos. O objetivo desse trabalho foi avaliar os ensaios de rendimento de famílias (ERFs) visando à seleção de famílias de alto potencial produtivo com a finalidade de obter linhagens superiores. O ERF é composto por famílias F_{2,4} e se caracteriza por ensaios multilocal com repetições e avaliação de rendimento de grãos. Além de rendimento, foram avaliados dias para o florescimento, altura de planta, acamamento, resistência às principais doenças, além de outras avaliações complementares dependendo do ambiente alvo. As famílias selecionadas compõem o viveiro de seleção (VS2) e são utilizadas como genitores em novos cruzamentos. Os ensaios foram conduzidos na safra 2015/16 em Santo Antônio de Goiás-GO, Sinop-MT, Vilhena-RO e Lavras-MG. O ERF foi composto por 164 famílias F_{2,4} e 5 cultivares testemunha. O delineamento experimental utilizado foi o látice quadrado simples 13x13 com 2 repetições por local, com parcelas de 4 linhas de 5 metros de comprimento, espaçamento de 0,35 metro e densidade de semeadura de 60 sementes por metro. A produtividade média de grãos após análise conjunta dos ensaios totalizou 2551,5 Kg/ha. O valor do coeficiente de variação (CV) foi de 17,8 %, indicando boa precisão experimental. Em relação ao acamamento apenas 9 das 164 famílias apresentaram suscetibilidade quando comparados à testemunha, sendo descartadas. Foram selecionadas 31 famílias de alto desempenho, tolerantes ao acamamento, com boa sanidade geral às doenças e superiores quanto à qualidade de grãos. As famílias selecionadas possuem produtividade média de 2904,8 Kg/ha, 26 % superiores às testemunhas. As 10 primeiras famílias do ranking apresentaram produtividade superior a 3000 kg/ha. A média das testemunhas foi de 2305,9 Kg/ha e das famílias eliminadas de 2478,4 kg/ha. As 31 famílias selecionadas foram semeadas na safra de 2016/17 em baixa densidade visando à seleção de plantas individuais, sendo selecionadas 297 plantas que serão semeadas na safra 2017/18 no ensaio de observação de linhagens, dando sequência ao programa de Melhoramento de Arroz.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; Potencial produtivo; Linhagens.

AVALIAÇÕES BIOQUÍMICAS E FISIOLÓGICAS DE SOJA GM COM GENE CHAVE DA BIOSÍNTESE DO ABA EM CONDIÇÕES DE EXCESSO E DÉFICIT HÍDRICO

Martina Bianca Fuhrmann¹; Kamila Katieli Kovali²; André Luís Hartmann Caranhoto¹; Larissa Alexandra Cardoso Moraes³; Alexandre Lima Nepomuceno³; Norman Neumaier³; Liliane Márcia Mertz Henning^{3*}

¹Universidade Estadual de Londrina. ²Universidade Tecnológica Federal do Paraná (Campus Pato Branco). ³Embrapa – Unidade Soja. *liliane.henning@embrapa.br

A soja (*Glycine max*) é a principal cultura produtora de grãos no Brasil. Entre os fatores que afetam o desempenho e produtividade da mesma, destacam-se a distribuição irregular na disponibilidade hídrica durante o ciclo da cultura, marcada tanto pelo déficit, quanto pelo excesso hídrico. O desenvolvimento de genótipos tolerantes é uma ferramenta importante para a estabilidade da produção de grãos mediante condições de estresses. O hormônio ácido abscísico (ABA) é um importante hormônio do estresse com ação relevante em condições de seca; todavia existem evidências de que existe uma sinalização cruzada de genes em condições de déficit e excesso hídrico. Deste modo, o objetivo do estudo foi avaliar respostas bioquímicas e fisiológicas de um evento de soja geneticamente modificado (GM) para superexpressar gene chave da biossíntese do ABA, comparando ao seu *background* não transformado, em condições de excesso e déficit hídrico. Foram utilizados dois genótipos de soja, sendo uma linhagem GM para a tolerância a seca (2Ha11) e seu *background* não transformado (Cultivar BRS 184). O experimento foi conduzido em casa de vegetação em blocos casualizados contendo seis repetições. Os tratamentos consistiram em controle, estresse por déficit hídrico e estresse por excesso hídrico. O início do estresse foi em estágio V3 com duração de sete dias. A medida da altura de plantas foi realizada no início e final do estresse para cálculo da Taxa de Crescimento Absoluto (TCA). A medida do teor de clorofila foi realizada utilizando o aparelho SPAD-502. Por meio do equipamento IRGA LI-6400XT (Infrared Gas Analyser), realizou-se a coleta de dados da condutância estomática, transpiração, fotossíntese e teor interno de CO₂. Além disso, determinou-se a atividade da enzima catalase. As variáveis fotossíntese, condutância estomática, transpiração e a TCA, foram negativamente afetadas pelo déficit hídrico. Na condição de excesso hídrico, houve redução apenas para a condutância estomática. O desempenho superior do evento transgênico em comparação a cultivar convencional foi observado apenas na condição de déficit hídrico, para as variáveis fotossíntese e condutância estomática. O evento transgênico apresentou maior conteúdo de catalase comprovando maior ação antioxidante, entretanto, novos experimentos, incluindo maiores períodos de exposição ao estresse são necessários para melhor compreensão dos mecanismos envolvidos nas respostas à esses estresses.

Palavras-chave: Encharcamento; Seca; Transgênicos.

BT ZYGOSITY IN MAIZE HYBRIDS

Kian Eghrari^{1*}; Odair Aparecido Fernandes¹; André Humberto de Brito²;
Gustavo Vitti Môro¹

¹São Paulo State University (Unesp), School of Agricultural and Veterinarian Sciences, Jaboticabal; ²Dow AgroSciences Industrial Ltda., Indianópolis, Brasil.
*kianem@gmail.com (Eghrari, K.).

Transgenic maize hybrids are hemizygous for the transgene. PowerCore (PW) is a transgenic event that expresses three Bt proteins: Cry1F, Cry1A.105 and Cry2Ab2. Reports show field-evolved resistance of *Spodoptera frugiperda* to Cry1 proteins. The aim of this abstract was to assess the zygosity of isogenic maize hybrids over grain yield, infestation and mortality of *S. frugiperda*. We conducted two field experiments in Jaboticabal/SP in the first and second crop seasons. Each experiment comprised homozygous (HO) and hemizygous (HE) versions of hybrids A, B, C, D and E, and a non-Bt version of hybrid A (ACO), totaling 11 maize hybrids. The experiments followed a complete block design with three replications. Plots had seed density of 60,000 plants ha⁻¹, which were disposed in four lines of five meters, spaced 0.5 m from each other. We assessed *S. frugiperda* injury through a scale of scores ranging from 0 to 9, which represents no injury on the plant and total destruction of the maize whorl, respectively. Grain yield was corrected to a wet basis of 13%, and to kg ha⁻¹. *S. frugiperda* mortality was evaluated in two bioassays. We were able to quantify Cry1F concentrations through quantitative-ELISA. Results show that homozygous hybrids had less *S. frugiperda* injury than hemizygous hybrids in the first season, and higher mortality in both bioassays. Hybrid DHO was more productive than its isogenic hemizygous version. Hemizygous hybrids B, D and E showed less larvae mortality than its homozygous versions. Cry1F leaf concentration was higher for all homozygous hybrids in comparison to their hemizygous isogenic versions. Although Brazilian populations of *S. frugiperda* are resistant to Cry1F protein, higher *S. frugiperda* mortality indicates that the other proteins also increased their concentration in the leaves. The additional PW allele confers an additive effect that increases *S. frugiperda* mortality, without decreasing maize grain yield, i.e., with no fitness cost. Homozygous transgenic hybrids are a new strategy for the resistance management of *S. frugiperda*, and its combination with the refuge strategy could delay field-evolved resistance of *S. frugiperda* to Bt proteins.

Keywords: *Zea mays*; IRM; fall armyworm.

Acknowledgements: We thank CAPES, FCAV/UNESP and FEPE for funding the research. We express our gratitude to Dow AgroSciences for providing the hybrids and Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Milho (NEGEMM) staff for experimental conduction.

CALIBRAÇÃO DO APARELHO NIR (NEAR INFRARED SPECTROSCOPY) PARA PREDIÇÃO DE TEOR DE PROTEÍNA EM GRÃOS DE SOJA

Fernanda Cupertino Rodrigues¹; Alisson Santos Lopes da Silva²; Luiz Alexandre Peternelli¹; Higor Silva Nogueira¹; Murilo Viotto Del Conte¹; Felipe Lopes da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa (fernanda.cupertino@ufv.br); ² Mestre em Fitotecnia/UFV

A soja destaca-se como uma das culturas mais importantes do mundo. Em média, a soja possui 40% de proteínas, 20% de lipídios (óleo), 5% de minerais e 34% de carboidratos. Nos últimos anos o grão de soja tem sofrido redução no teor de proteína, o que reflete numa má qualidade de matéria prima para as indústrias de farelo e ração. Para atender aos interesses da indústria torna-se necessário investir no desenvolvimento de linhagens que tenham maior teor de proteína. E, em detrimento dessa necessidade, o Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Viçosa (UFV) possui uma linha de pesquisa na qual é utilizada a seleção recorrente em soja para a produtividade de grãos e teor de proteína. Deste modo, é importante facilitar a seleção de indivíduos com maior teor de proteína e o objetivo deste trabalho foi ajustar um modelo de curva para a seleção de genótipos com elevados teores de proteína por meio do método do Infravermelho Próximo (NIR). Para a realização deste trabalho foram utilizados acessos de soja pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma do Departamento de Fitotecnia da UFV. Foram coletadas amostras de sementes de 211 genótipos cultivados em Viçosa, Minas Gerais, durante a safra 2014/2015. As sementes foram trituradas e enviadas para laboratório para a determinação do teor de nitrogênio pelo método Kjeldahl. De posse do teor de nitrogênio e após a multiplicação pelo fator 6,25 foi determinado o teor de proteína nas sementes. Parte das sementes trituradas foram utilizadas para obtenção dos espectros NIR. O modelo de calibração foi gerado pelo método dos mínimos quadrados parciais (PLS) por meio do pacote pls do software R. Foram testados diferentes pré-tratamentos aplicados aos espectros: alisamento, derivadas primeira e segunda, correção multiplicativa de sinal e centralização na média. A avaliação da capacidade preditiva do modelo foi realizada por meio da correlação entre os valores preditos e os valores reais, e da raiz do erro quadrático médio (RMSE). As amostras com melhores resultados apresentaram correlações maiores que 0.5 e RMSE menores que 7 na população teste, que continha aproximadamente 15% das amostras segundo o algoritmo de Kennard-Stone. Os melhores modelos preditivos foram obtidos após os pré tratamentos alisamento, derivada segunda, com ou sem correção multiplicativa de sinal e centralização na média. Novas análises devem ser realizadas visando avaliação de outros modelos com maior poder preditivo.

Palavras-chave: *Glycine max* [L.] Merrill; seleção recorrente; espectro

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE GENITORES DE SOJA NAS GERAÇÕES F₁ E F₂ VISANDO MELHORAMENTO PARA PRECOCIDADE

Felipe Lopes da Silva^{1*}; João Marcos Soares Ferreira¹; Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento¹; Lucas de Amaral Silva¹; Thays Vieira Bueno¹; Pedro Crescêncio Souza Carneiro¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: felipe.silva@ufv.br.

A precocidade é uma das principais características agronômicas buscadas no melhoramento da soja. A seleção de genitores e a identificação de cruzamentos superiores são etapas importantes no desenvolvimento de cultivares e a análise dialélica é uma ferramenta importante para esse fim, pois permite estimar a capacidade combinatória de genitores. Essa estimativa é usualmente obtida na geração F₁, porém, atualmente existem diversos autores que utilizam os dados de gerações avançadas como F₂ por apresentarem maior número de sementes. Assim, objetivou-se selecionar genitores a partir da estimativa de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação nas gerações F₁ e F₂ para obtenção de populações segregantes promissoras para a extração de linhagens superiores quanto à precocidade. Sete cultivares de soja, provenientes de dois grupos, foram cruzadas em esquema de dialelo parcial 3x4. O grupo I consistiu em três cultivares com alto potencial de produção e o grupo II em quatro cultivares comerciais, com alto potencial de produção e ciclo precoce. O experimento da geração F₁ foi realizado em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, cujo delineamento foi o de blocos ao acaso, com cinco repetições. No experimento da geração F₂, as sementes colhidas das plantas F₁ das 12 populações compuseram as populações F₂ que juntamente com os sete genitores foram semeadas na área experimental da Horta Nova, em Viçosa, MG, cujo delineamento foi o de blocos ao acaso, com três repetições. As características avaliadas em ambas as gerações foram número de dias para o florescimento e altura de planta no florescimento. Os genitores UFV 16, UFVS 2011 e Anta 82 RR apresentaram as menores estimativas de CGC para número de dias para florescimento para as gerações F₁ e F₂. Esses genitores também apresentaram as menores estimativas de CGC para a redução da altura de planta no florescimento, exceto o genitor UFV 16 que apresentou estimativa não significativa na geração F₁ para altura de planta no florescimento. Observou-se que o ranque dos melhores genitores para a redução do número de dias para o florescimento (grupos I e II) foi o mesmo em ambas as gerações avaliadas. Assim, a análise dialélica parcial em gerações avançadas, em especial em F₂, cuja disponibilidade de sementes é maior, é promissora na escolha de potenciais genitores de soja. As cultivares UFVS 2011, UFV 16 e Anta 82 RR são genitores potenciais para redução de ciclo da cultura em ambas as gerações.

Palavras-chave: dialelo parcial; melhoramento de soja; *Glycine max* (L.) Merr.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo apoio financeiro.

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS S₃ DE MILHO E TESTADORES PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Marcos Ventura Faria^{1*}; Camila Bastos Ribeiro Rezende²; Elida Auxiliadora Peralta Paiva³; Nathany Ribeiro Chiquito⁴; Pedro Henrique Williemann Andreoli⁴ e Welton Luiz Zaluski³

¹Professor Associado do Departamento de Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. ²Pós-Doutoranda PPGA/UNICENTRO, Guarapuava-PR; ³Doutorando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ⁴Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. *ventura_faria@yahoo.com.br

Na cultura do milho a utilização da análise dialélica para seleção de genitores com base nos conceitos de capacidade geral e específica de combinação (CGC e CEC) é extremamente difundida, devido principalmente à facilidade na realização dos cruzamentos e utilidade das informações geradas. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o potencial produtivo e a capacidade de combinação de 30 linhagens parcialmente endogâmicas S₃ (derivadas da pop. 203, obtida a partir do híbrido comercial SG6015) e os respectivos cruzamentos em esquema de *topcrosses* com dois testadores (os híbridos comerciais AG8025 e P30B39). Os tratamentos foram avaliados em esquema de dialelo parcial entre as 30 linhagens (grupo I) e os testadores (grupo II), incluindo os genitores, totalizando 92 genótipos. O experimento foi conduzido em Guarapuava-PR, nas safras 2015/16 e 2016/17, no campo experimental da UNICENTRO, no *campus* CEDETEG. O delineamento experimental foi em blocos com os tratamentos casualizados, com três repetições. Os dados da produtividade de grãos (PG), em t ha⁻¹, foram submetidos à análise dialélica parcial conjunta, por meio do software estatístico GENES. As interações CGC do grupo I x ambientes e CEC x ambientes foram significativas. As médias da PG das linhagens variaram de 2,53 t ha⁻¹ (203-11.2) a 7,02 t ha⁻¹ (203-16.5) e as dos híbridos *topcrosses* variaram de 9,63 t ha⁻¹ (203-24.4 x P30B39) a 15,17 t ha⁻¹ (203-230.3 x AG8025) e as médias da PG dos testadores foram 15,19 t ha⁻¹ (AG8025) e 15,73 t ha⁻¹ (P30B39). Não houve efeito significativo (p<0,01) da CGC dos testadores em ambos os ambientes. Quanto à CGC, 13 linhagens apresentaram estimativas positivas com destaque para as linhagens L16.5, L216.2 e L218.3. Com relação à CEC, 25 *topcrosses* apresentaram estimativas negativas, em contrapartida os demais híbridos *topcrosses* tiveram estimativas positivas da CEC para a produtividade de grãos. Os *topcrosses* cujas estimativas de CEC foram positivas e superiores a 2 vezes o desvio padrão, em ordem decrescente foram 230.3 x AG8025, 96.3 x P30B39, 11.2 x P30B39 e 24.4 x AG8025. As linhagens genitoras dos *topcrosses* que se destacaram vão prosseguir no programa de melhoramento de milho da UNICENTRO.

Palavras-chave: *Zea mays*; melhoramento genético; análise dialélica; *topcrosses*.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA NA SAFRINHA

Edicarlo Peterlini^{1*}; Alex Viana Alves²; Marcelo Akira Saito²; Robson Akira Matsuzaki³; Diego Ary Rizzardi⁴; Giovana Dal Lago Garcia⁵

¹Doutorando em Genética e Melhoramento – UEM/Maringá-PR. ²Mestrando em Genética e Melhoramento – UEM/Maringá-PR. ³Mestrando em Agronomia – UEM/Maringá-PR. ⁴Doutorando em Agronomia – UEM/Maringá-PR. ⁵Acadêmica de Agronomia – UEM/Maringá-PR. *E-mail do autor para correspondência: edicarlospeterlini@hotmail.com

O milho-pipoca (*Zea mays* L. *everta* Sturt) é um alimento muito apreciado no Brasil, e se diferencia do milho comum principalmente pela capacidade de expansão do seu endosperma. O presente trabalho objetivou estimar as capacidades combinatórias de 12 populações de milho-pipoca (ARMZ 13050, URUG 298 Roxo, SAM, PARA 172, ARMZ 07049, UNB 2U C5, SE 013, VIÇOSA, BOZM 260, PR 023, PA 091 e BOYA 462), para a definição de estratégias de melhoramento em condições de segunda safra. Estas populações foram cruzadas entre si, em esquema de dialelo completo, sem recíprocos, sendo formados 66 híbridos interpopulacionais. Esses híbridos experimentais, juntamente com seus genitores e três testemunhas comerciais, totalizaram 81 tratamentos. Os tratamentos foram avaliados em dois ambientes: Maringá-PR e Araruna-PR. Os experimentos foram delineados em látice quadrado 9x9 triplo, parcialmente balanceado, com três repetições. Foram avaliadas duas características: rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Para a estimação da capacidade geral (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) foi adotado o método 2 de Griffing (parentais + F₁'s). Para a verificação dos pressupostos básicos de análise, foram utilizados os testes de Shapiro-Wilk e Bartlett. Em todas as análises foi adotado o nível de 5% de probabilidade. As variedades PR 023 e BOYA 462 tiveram altas estimativas de CGC para RG, evidenciando seus méritos genéticos aditivos, sendo indicadas para melhoramento intrapopulacional, em ambos os ambientes. As variedades PARA 172 e UNB 2U C5 também apresentaram CGC elevada, porém somente em Maringá. Em relação à CE, as variedades SAM, UNB 2U C5 e VIÇOSA apresentaram altas estimativas de CGC, sendo promissoras ao melhoramento intrapopulacional. A variedade UNB 2U C5 mereceu destaque especial em Maringá porque apresentou estimativas positivas para ambos os caracteres, sendo promissora para o melhoramento simultâneo de RG e CE, naquele ambiente. Em relação à CEC, que reflete a expressão de genes com efeitos não-aditivos, as combinações VIÇOSA x BOYA 462 e ARMZ 07049 x SE 013 foram as mais promissoras em Maringá e Araruna, respectivamente, sendo ambas indicadas ao melhoramento interpopulacional.

Palavras-chave: *Zea mays* L. *everta*; rendimento de grãos; capacidade de expansão.

Agradecimentos: A CAPES pelo apoio financeiro.

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S₁ DE MILHO PIPOCA

Maria Elisa A. G. Zagatto Paterniani^{1*}, Eduardo Sawazaki^{1*}; André Luís Bombonato de Oliveira²; Daniel Sarto Rocha²

¹Pesquisadores Científicos - Instituto Agronômico – IAC, Centro de Grãos e Fibras, Campinas, São Paulo, Brasil. ²Doutorandos – Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical IAC; *E-mail: elisa@iac.sp.gov.br; *E-mail: sawazaki@iac.sp.gov.br.

O melhoramento de milhos especiais, em especial de milho pipoca, e a produção de sementes representam um nicho promissor para as Instituições públicas de pesquisa. O Brasil é hoje o segundo maior consumidor de pipoca do mundo, perdendo apenas para os Estados Unidos. Em virtude dessa demanda no mercado nacional, a área plantada no Brasil tem aumentado consideravelmente, mas a disponibilidade de cultivares no mercado é pequena e incipiente para suprir as necessidades dos produtores. O programa de melhoramento do Instituto Agronômico (IAC) tem se concentrado no desenvolvimento de híbridos triplos e top-crosses, ao invés de híbridos simples, que possuem um alto custo de semente. A principal vantagem da utilização de híbridos intermediários é a redução dos custos, obtendo híbridos a partir de linhagens com baixos níveis de endogamia. A seleção precoce permite discriminar as progênies S₁ quanto à capacidade combinatória, proporcionando ganho de tempo ao programa de melhoramento. Esse trabalho objetivou estimar a capacidade combinatória de progênies S₁ oriundas da população IAC8383, variedade originada de um híbrido americano, para características da espiga e produtividade de grãos. Foram avaliados 144 híbridos top-crosses oriundos do cruzamento entre progênies S₁ com dois testadores, em experimentos conduzidos no IAC em Campinas, na safra 2016/17. O delineamento estatístico foi o de látice 12x12+1, com 2 repetições, 144 tratamentos e utilizando os testadores como testemunhas. Os caracteres avaliados foram: comprimento de espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de fileiras (NF) e produtividade de grãos (PG). As análises de variância foram efetuadas no programa Genes. Diferenças significativas entre híbridos, testemunhas e híbridos x testemunhas foram observadas para os caracteres PG, CE e NF. A capacidade combinatória (g_i) foi estimada considerando-se os dois testadores. A produtividade média do ensaio foi de 2249 kg.ha⁻¹, com expressiva variação entre os híbridos top-crosses devido à ocorrência de lagarta-do-cartucho e intempéries climáticas. Evidenciaram-se progênies S₁ com capacidade combinatória elevada para PG (g_{is} superiores a 1000 kg.ha⁻¹) e discriminaram-se híbridos top crosses produtivos. Os valores de g_i para CE variaram de -1,97 a 2,10cm e para DE de -0,43 a 1,11 cm. Concluiu-se que a seleção precoce de progênies foi eficiente e que foi possível a discriminação dos híbridos top-crosses de milho pipoca.

Palavras-chave: top-cross; milhos especiais; seleção precoce

Agradecimentos: FAPESP

CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM HÍBRIDOS DE LINHAGENS S₄ DE MILHO SUPERDOCE

Larissa Fernanda Segal Xavier¹; Jéssica Kelly Pestana¹; Alline Sekiya¹; Luis Fernando Almeida¹; Josué Maldonado Ferreira^{1*} e Rosângela Maria Pinto Moreira¹

¹Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, PR, Brasil. * Autor Correspondente: josuemf@uel.br.

A produção do milho doce (*Zea mays* L. var. *saccharata*) é destinada principalmente à industrialização, sendo os híbridos de linhagens as cultivares que melhor atendem as exigências de padronização, uniformidade, sanidade e desempenho agrônomo. Em programas de melhoramento genético, o estudo de dialelos entre linhagens é de fundamental importância, pois permitem estimar as capacidades de combinação entre os genitores, no intuito de obter as melhores combinações híbridas. Portanto, o presente trabalho teve como objetivos estimar a capacidade geral e específica de combinação entre linhagens S₄ de milho superdoce portadoras do gene *brittle-2* e identificar híbridos com elevado potencial agrônomo. Os cruzamentos dialélicos parciais entre dois grupos de nove linhagens S₄ foram realizados na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina (FAZESC). Os 81 híbridos obtidos e três testemunhas foram avaliados em um experimento delineado em blocos completamente casualizados, com três repetições, compostas por parcelas de fileiras simples de 4m e espaçamento de 0,80x0,20m. As características avaliadas foram: produtividade de espigas com palha; produtividade de espigas industrializáveis, dias para o florescimento e altura de plantas. Houve efeito significativo de tratamentos, híbridos experimentais, capacidade geral de combinação dos dois grupos de linhagens (CGC-I e CGC-II) e capacidade específica de combinação (CEC) para todas as características avaliadas, evidenciando que tanto efeitos aditivos, quanto não-aditivos estiveram envolvidos no controle genético dessas características. As linhagens que apresentaram as melhores estimativas de CGC foram: L₁, L₆ e L₉ (grupo I) e L₇ e L₉ (grupo II), com potencial genético para a síntese de híbridos. E as melhores combinações híbridas do dialelo foram: L₁×L₂, L₁×L₃, L₃×L₇, L₅×L₇, L₅×L₉, L₉×L₄ e L₉×L₅, por apresentarem boas estimativas de capacidades específicas de combinação, foram competitivos em relação às testemunhas e revelaram elevado desempenho agrônomo.

Palavras-chave: *Zea mays* var. *saccharata*; Híbrido; Dialelo parcial.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), a Fundação Araucária e a Universidade Estadual de Londrina.

CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE DEZ POPULAÇÕES DE MILHO SUPERDOCE

Jéssica Kelly Pestana^{1*}; Aline Sekiya¹; Maikon Guérith Baptistella Silva¹;
Renato Gonçalves de Oliveira¹; Rosângela Maria Pinto Moreira¹ e Josué
Maldonado Ferreira¹

¹Universidade Estadual de Londrina, PR, Brasil. *Autor Correspondente: josuemf@uel.br

O milho superdoce (*Zea mays* L. var. *saccharata*) é um tipo especial de milho, em razão de mutações genéticas que interferem na biossíntese de amido no endosperma e promovem o acúmulo de polissacarídeos solúveis. A escolha das populações a serem autofecundadas, por meio de estudos dialélicos com estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), é de fundamental importância para o melhoramento genético de híbridos de linhagens. O objetivo deste trabalho foi estimar as capacidades combinatórias de dez populações de milho superdoce; identificar genótipos para extração de linhagens e determinar os tipos de efeitos genéticos para as diferentes características agrônômicas. Na safra 2014/2015 avaliou-se um experimento com três testemunhas e 45 combinações híbridas de populações de milho superdoce, de um dialelo completo, empregando o delineamento em blocos completamente casualizados, com três repetições, em parcelas de fileiras duplas de 4,00 m, no espaçamento de 0,80 x 0,20 m. Houve efeito significativo de tratamentos, cruzamentos dialélicos, capacidade geral de combinação para todas as características avaliadas: estande, florescimento médio, altura de espiga e planta, comprimento e diâmetro de espigas, produtividade de espigas com e sem palha e teor de sólidos solúveis. A CEC foi significativa para as produtividades de espiga com e sem palha, diâmetro de espigas, altura de plantas e dias para o florescimento. As populações com as melhores estimativas de CGC foram: SD3004, SD3005, SD3002 e SD3006, com maior potencial genético para extração de linhagens. Os híbridos experimentais mais promissores e que apresentam as maiores estimativas de CEC (s_{ij}), com valores acima de 1000 kg ha⁻¹, foram resultantes dos cruzamentos das populações PD2003xSD3005; PD2001xSD3004; SD3004xSD3006; SD3002xSD3004; PD2002xSD3002; PD2002xSD3005; SD3002xSD3006; SD3006xSD3007; SD3001xSD3005; SD3003xSD3005 e SD3005xSD3007, com produtividade de espigas com palha acima de 20000 kg ha⁻¹, sendo competitivos em relação as testemunhas. Houve o predomínio dos efeitos aditivos sobre os não aditivos para todas as características avaliadas.

Palavras-chave: *Zea mays* var. *saccharata*; Milho doce; Dialelo

Agradecimentos: À Universidade Estadual de Londrina e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO ENTRE LINHAGENS ENDOGÂMICAS S₆ DE MILHO SUPERDOCE

Jéssica Kelly Pestana^{1*}; Aline Sekiya¹; Maikon Guérith Baptistella Silva¹;
Rosângela Maria Pinto Moreira¹ e Josué Maldonado Ferreira¹

¹Universidade Estadual de Londrina, PR, Brasil. *Autor Correspondente: josuemf@uel.br

O milho superdoce (*Zea mays* L. var. *saccharata*) possui uma mutação genética natural que confere sabor adocicado, sendo consumido principalmente na forma industrializada. Os cruzamentos dialélicos permitem estimar a capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e determinar o potencial de linhagens para síntese híbridos superiores. Os objetivos deste trabalho foram estimar a CGC e CEC entre dez linhagens de milho superdoce; identificar linhagens e híbridos com desempenho superior e determinar o tipo de ação gênica para diferentes características agrônômicas. Na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina, durante a safra 2014/2015, foram avaliados 45 híbridos do dialelo entre dez linhagens S₆ de milho superdoce, segundo o método IV de Griffing, e três testemunhas, utilizando delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições, em parcelas de fileira simples de 4,00x0,80x0,20m. Foram avaliadas as características: estande, florescimento médio, altura de espiga e planta, comprimento e diâmetro de espigas, produtividade de espigas com e sem palha e teor de sólidos solúveis. A análise de variância resultou em efeitos significativos de híbridos experimentais para todas as características estudadas. Os resultados mostraram que a média geral dos híbridos experimentais foram semelhante a das testemunhas comerciais para produtividade e altura de planta, mas eles foram mais precoces. Foram observados efeitos significativos de CGC em todas as características avaliadas. As linhagens L₅, L₉, L₁₀ apresentam as maiores freqüências de alelos favoráveis para a característica peso de espigas sem palha, com as maiores estimativas de g_i. Os híbridos L₅xL₉; L₅xL₈; L₂xL₅; L₅xL₇; L₇xL₁₀; L₃xL₉; L₇xL₉; L₁xL₉ E L₁xL₁₀ dispõem de maior aptidão para o desenvolvimento de novas cultivares. Os efeitos aditivos foram mais importantes para a variação das características avaliadas, sendo também importante os efeitos não aditivos para a característica de produtividade de espigas sem palha.

Palavras-chave: *Zea mays* var. *saccharata*; Híbridos; Dialelo Completo.

Agradecimentos: À Universidade Estadual de Londrina e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM DIALELO PARCIAL DE MILHO SUPERDOCE

Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves¹, José Arantes Ferreira Júnior¹, Nayara Norrene Lacerda Durães¹; Vivane Mirian Lanhellas Gonçalves¹; Jocarla Ambrosim Crevelari¹; Valdinei Cruz Azeredo¹; Messias Gonzaga Pereira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes Darcy Ribeiro.

*E-mail do autor para correspondência: gabriel.agrobio@gmail.com

O Brasil é um dos grandes produtores mundiais de milho. Contudo, ainda apresenta um potencial para produção de milho superdoce (SD) a ser explorado. Uma das limitações do seu cultivo é a baixa disponibilidade de cultivares. Com o objetivo de desenvolver um genótipo SD de alto rendimento e adaptado para a região Norte e Noroeste do estado do Rio de Janeiro, foi iniciado, na Universidade Estadual do Norte Fluminense, um programa de melhoramento com o fim de se obter híbridos de linhagens endogâmicas. O objetivo deste trabalho foi estimar a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específicas de combinação (CEC) envolvendo 18 híbridos em dialelo parcial 3x6, formado por linhagens endogâmicas extraídas de duas populações heteróticas (CIMMYT8 e Piranão8), retrocruzadas com duas populações portadoras do gene mutante *shrunk-2* (*sh2*) (SH2 e SH28HS), formando os grupos CSH e PSH. Para tanto, foram avaliados dois experimentos em DBC com 4 repetições e parcelas de fileiras únicas de 3 m, nos municípios de Itaocara e Campos dos Goytacazes – RJ, na safra 2016/2017. Foram avaliadas as características rendimento de espiga sem palha (RES), altura de planta (AP), altura da espiga (AE) e florescimento feminino (FLO). As análises de variância foram realizadas no software SAS, seguindo o modelo fixo para teste de significância. A média dos cruzamentos foi de 10,81 ton.ha⁻¹, para RES, superior, porém não estatisticamente, à testemunha Tropical Plus da Syngenta, e de 2,50 m, 1,48 m e 64 para AP, AE e FLO, respectivamente. O CGC foi significativo em todas as variáveis, exceto RES no grupo PSH, e a CEC foi significativa em todas as variáveis, com exceção do FLO. No grupo PSH, as linhagens L125 e L129 apresentaram menor CGC para AP, a linhagem L139 apresentou uma menor CGC para AE e as linhagens L134, L139 e L140 foram as que apresentaram menor CGC para FLO. No grupo CSH, a linhagem L113 foi a que apresentou maior CGC para RES, com uma média entre os cruzamentos de 12,13 ton.ha⁻¹, e menor CGC para AP. Na variável AE as linhagens L113 e L119 apresentaram menor CGC enquanto que a L116 apresentou menor CGC para FLO. A maior CEC para RES foi observada no cruzamento L116xL130, com média de 12,07 ton.ha⁻¹. Para a variável AP a menor CEC foi entre L113 e L129, e para AE a menor CEC foi entre L113 e L130. As análises foram capazes de discriminar as linhagens e os respectivos híbridos para seleção com base em CGC e CEC.

Palavras-chave: Melhoramento genético; *shrunk-2*; *Zea mays* L.

Agradecimentos: FAPERJ, UENF e CAPES.

CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM MAMONEIRA

Gisella M. S. S. dos Santos¹; Yslai S. Peixoto^{1*}; Caio H. C. Martins¹;
Conceição A. da S. Donato¹; Leandro S. Peixoto¹.

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor para correspondência: yslai.peixoto@ifbaiano.edu.br

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) apresenta relevante importância para o Brasil, principalmente para a região Semiárida. A técnica de cruzamentos dialélicos assume grande importância na seleção de genótipos, pois auxilia o melhorista na escolha de progenitores com base nos seus valores genéticos e, principalmente, considerando a sua capacidade de se combinarem em híbridos promissores. Objetivou-se com este trabalho estimar a Capacidade Geral (CGC) e Específica (CEC) de Combinação das características de interesse agrônomo de seis cultivares de mamona no Semiárido baiano. O experimento foi conduzido no IF Baiano *campus* Guanambi, localizado no Sudoeste Baiano. Foram utilizadas as variedades IAC 2028, IAC 226, IAC Guarani, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia. Foi realizado um dialélico completo pelo Método 2 de Griffing. As cultivares e os 15 híbridos (F1) foram plantados em campo para a avaliação da CGC e CEC em DBC com 3 repetições e parcelas de 4 plantas. Foram avaliados o número de sementes (NS), peso das sementes (PS), altura do racemo (AR) e teor de óleo (TO). As análises estatísticas foram realizadas pelo software AGD-R. Na análise de variância observou-se efeitos significativos ($p \leq 0,01$) para os efeitos de Cruzamentos, CGC e CEC em todos os caracteres, exceto NS e PS que apresentaram não significância para CEC. Em relação à CGC, esta significância indica a existência de, pelo menos, um genitor diferente dos demais quanto à CGC. Da mesma forma infere-se que há, pelo menos, uma combinação que se destaca em relação a CEC para os caracteres estudados. Não houve significância dos valores da CGC para TO, para PS houve significância em IAC 2028 com valor positivo e IAC 226 e BRS Paraguaçu negativos. Para NS as cultivares IAC 2028 (positivo), BRS Nordestina e BRS Paraguaçu foram significativas. Para AR todas as cultivares apresentaram significância exceto IAC Guarani, sendo que a IAC 2028 e BRS Energia apresentaram valores negativos, que é desejável neste caso. Para CEC, na variável TO apenas o cruzamento IAC Guarani X BRS Energia apresentou significância (negativo). Para PS o cruzamento IAC Guarani X BRS Paraguaçu foi significativo apresentando valor de 21,14 e para NS o cruzamento IAC 226 X BRS Paraguaçu foi significativo com 65,17. Para AR vários cruzamentos apresentaram significância, sendo os de valores negativos IAC Guarani X IAC 2028, IAC 226 X BRS Energia, BRS Energia X BRS Nordestina, IAC 226 X BRS Paraguaçu. As cultivares IAC 2028 e IAC Guarani destacam-se como potenciais progenitores.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L; Seleção de genitores; Semiárido.

Agradecimentos: Ao CNPq e ao IF Baiano pelo apoio para execução do projeto.

CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM POPULAÇÕES DE MILHO SUBMETIDOS AO ESTRESSE HÍDRICO

DAMIÃO INÁCIO CLEMENTE^{*(1)}, EDÉSIO FIALHO DOS REIS ⁽²⁾, JEFFERSON FERNANDO NAVES PINTO ⁽³⁾

^{1,3} Mestre em Agronomia. Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, BR 364, km 195, nº 3800, 75801-615, Jataí, Goiás, Brasil. *inacio2159@hotmail.com, jeffnaves@gmail.com.

² Professor Associado IV da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, BR 364, km 195, nº 3800, 75801-615, Jataí, Goiás, Brasil. edesiofr7@gmail.com.

Os períodos de estiagem vêm alterando ecossistemas, modificando os regimes de precipitação, transformando o ambiente natural e as relações bióticas e abióticas. No caso do milho, grande parte da área cultivada no Brasil é de sequeiro, e as perdas em produtividade anual em decorrência da seca ficam em torno de 15% do potencial de rendimento total. Deste modo objetivou-se neste trabalho avaliar o efeito da restrição hídrica sobre caracteres agronômicos e componentes de produção em genótipos de milho (*Zea mays* L.) e distinguir populações com maior potencial de uso em programa de melhoramento, visando tolerância ao estresse hídrico. O estudo foi realizado durante o período de safra 2015/2016, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Jataí-GO. Foram estudados 24 genótipos, sendo 12 populações oriundas de polinização aberta: CC1, CCV, CRE1, CRE2, CRE3, CRE1S, MPA, MPA1, TG2R, TG2RMV, NAPPMHG, CRV-02; 10 genótipos de geração F₂ de híbridos comerciais: HSG1, HSG2, HSG3, HSG4, HSG5, HSG6, HSG7, HSG8, HSG9 e HSG10 e duas testemunhas: DKB390 e BRS1030. O experimento foi conduzido em blocos casualizados (DBC), em um esquema fatorial 2 x 24, (2 épocas de plantio – uma normal e outra com presença de veranico - e 24 genótipos), com 4 repetições. Os caracteres avaliados foram: Florescimento Masculino e Feminino; Intervalo entre os florescimentos feminino e masculino em dias; Altura de plantas; Altura de espiga; *Stay Green*; Prolifidade média; Comprimento de espiga; Diâmetro de espiga; Peso hectolitro e Produtividade de grãos. Os genótipos CCV, CRE3 e TG2R são potenciais genótipos para uso em programas de melhoramento visando tolerância ao estresse hídrico. Estes genótipos apresentaram bons níveis de tolerância, destacando-se na produtividade média com 5,76; 6,26 e 5,59 t ha⁻¹, respectivamente, não apresentando diferença significativa nas épocas de plantio. Os caracteres altura de planta, diâmetro de espiga e prolifidade são bons indicativos de tolerância ao estresse hídrico. O intervalo de florescimento, diâmetro de espiga e *stay green* podem ser usados como caracteres secundários na seleção de genótipos tolerantes ao estresse hídrico, quando os genótipos são submetidos a baixos níveis de estresse.

Palavras chave: *Zea mays* L.; pré-florescimento; restrição hídrica

CARACTERIZAÇÃO DA COMPOSIÇÃO MINERAL DE FEIJOEIRO COMUM

Cíntia Machado de Oliveira Moulin Carias¹, José Henrique Soler Guilhen¹,
Edson Fernando Braga da Silva¹, Adésio Ferreira², Marcia Flores da Silva
Ferreira²

¹Centro de Ciências Agrária e Engenharia-CCAUE-UFES. ² Professores associados da UFES.

*E-mail do autor para correspondência: ciintia@yahoo.com.br.

O consumo de feijão faz parte dos hábitos alimentares de grande parcela da população, sendo importante considerar que essa leguminosa é provida de quantidades significativas de proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e fibra, tem baixo conteúdo de gordura e de sódio e não contém colesterol. Devido à crescente demanda por alimentos nutritivos que refletem em benefícios para a saúde dos consumidores e na redução dos custos de produção, pesquisas voltadas para a caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos é essencial para o avanço no melhoramento do feijoeiro. O aumento nos teores de elementos importantes pode ser verificado em genótipos crioulos. Neste contexto, objetivou-se neste trabalho avaliar 20 genótipos de feijoeiro crioulos e comerciais, coletados e avaliados no sul do Estado do Espírito Santo, quanto ao teor de nutrientes (N; P; K; Ca; Mg; S; Zn; Fe; Mn; e Cu) nos grãos. O experimento foi conduzido no município de Alegre-ES, no ano agrícola de 2015 no esquema experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Utilizou-se o teste de Pillai de significância na MANOVA (Análise multivariada da variância), a partir dos dados padronizados pela média e desvio padrão obtida a matriz de distância de Mahalanobis e posteriormente realizado o agrupamento pelo método de UPGMA. Verificou-se resultados significativos a 1% pelo teste de Pillai para a MANOVA, mostrou a existência da diferença entre os genótipos para o vetor de médias dos 10 nutrientes avaliados. Na análise de cluster 5 grupos foram formados. O BRS_Campeiro e o Verde não se agruparam com outros genótipos, e os demais grupos foram formados pelo agrupamento entre o CNFC_15462 e Vagem_Riscada, e os dois últimos os maiores, formados por oito genótipos cada um deles, primeiro grupo: IPR_colibri, CNFC_15625, CNFC_15475, CNFP_15310, Pérola, BRS_Notável, BRS_Estilo, Ipruirapuru; e o segundo grupo por: Bico_de_Ouro, BRS_Esplendor, Carioca, CNFP_15304, CNFP_15290, Macuquinho, Capixaba_Precece, Preto_Hort. Verificou-se variabilidade genética no material estudado, o que contribui para a escolha de genitores potenciais para hibridações, auxiliando nos programas de melhoramento do feijoeiro.

Palavras-chave: Melhoramento; Diversidade; Feijão crioulo

Agradecimentos: FAPES, UFES, CAPES, CNPQ, INCAPER

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS COMERCIAIS E CRIoulos DE MANDIOCA COM BASE EM DESCRITORES MORFOLÓGICOS

Natália Zardo Barbiero^{1*}; Valderson Cabral de Arruda¹; Cíntia Machado de Oliveira Moulin Carias¹; José Henrique Soler Guilhen¹; Eder Jorge de Oliveira²; Marcia Flores da Silva Ferreira³; Adésio Ferreira³

¹Universidade Federal do Espírito Santo (UFES). ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. ³Professor Associado da UFES. *natalia.zardo@hotmail.com

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é cultivada em todas as regiões brasileiras, com papel importante na alimentação humana, animal e na indústria de processamento de farinha e fécula. Quanto ao melhoramento genético da espécie o conhecimento da variabilidade genética dos genótipos é de fundamental importância. Neste contexto, objetivou-se caracterizar genótipos crioulos cultivados no sul do estado do Espírito Santo, bem como variedades comerciais de mandioca com uso de descritores morfológicos. Foram avaliados 44 genótipos de um experimento em delineamento em blocos casualizados, com três repetições, sendo 19 genótipos comerciais, oriundos do Banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas-BA e 25 genótipos crioulos coletados em comunidades rurais do Sul do Estado do Espírito Santo. A caracterização morfológica dos genótipos foi realizada com base em seis descritores da parte aérea, de plantas com idade de dez meses. A análise de dissimilaridade entre os genótipos foi estimada via análises multivariadas, com uso da matriz de dissimilaridade de distância euclidiana média padronizada e posterior agrupamento pelo método de otimização de Tocher e de Agrupamento Médio entre Grupos (UPGMA). Em ambos os métodos de agrupamentos ocorreu a formação de 10 grupos. Três grupos responderam pela locação do maior número de genótipos e nestes formados com praticamente 50% de crioulos e de comerciais. Um grupo foi formado somente pelo genótipo comercial BMG0452, sendo este dissimilar dos demais. Os genótipos com maior similaridade foram os crioulos A10 com A12 e o comercial BMG2102 com o crioulo C1. A utilização de descritores morfológicos evidenciou a existência de variabilidade genética com a formação de grupos mistos entre os genótipos crioulos e cultivados.

Palavras-chave: diversidade; *Manihot esculenta*; variabilidade

Agradecimentos: UFES, FAPES, CAPES, CNPq e EMBRAPA.

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS ELITE DE FEIJÃO CARIOCA DE CICLO NORMAL QUANTO À REAÇÃO AO MOFO-BRANCO

José Orlando P. Sales¹; José S. Rodrigues¹; Helton S. Pereira²; Leonardo C. Melo²; Rogério F. Vieira³; Thiago Lívio P. O. Souza^{2*}

¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO; ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO; ³Embrapa/Epamig, Viçosa, MG. *E-mail: thiago.souza@embrapa.br

O mofo-branco é uma das doenças mais destrutivas para a cultura do feijão. A utilização de cultivares resistentes tem potencial de contribuir para o seu manejo integrado. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar linhagens pré-comerciais de feijão carioca de ciclo normal quanto à reação ao mofo-branco, em campo e em ambiente controlado, visando identificar fontes de resistência. Foram avaliadas 10 linhagens e duas cultivares. O ensaio em ambiente controlado foi instalado em DIC, com quatro repetições. Cada parcela foi composta por quatro plantas cultivadas em vaso de 3,6 L. As inoculações foram realizadas quando as plantas atingiram o estágio V4, utilizando o método do canudo modificado. A avaliação dos sintomas foi realizada oito dias após a inoculação, usando uma escala de notas de 1 a 9 (1 = plantas sem sintomas e 9 = plantas com necrose generaliza). O ensaio de campo foi instalado na época de plantio de outono/inverno de 2016, em Oratórios, MG, sendo instalado em DBC, com três repetições. Cada parcela foi composta por duas linhas de 4,0 m, espaçadas em 0,5 m. A avaliação da severidade do mofo-branco foi realizada quando as parcelas atingiram o estágio R9, com o emprego de escala de notas de 1 a 9 (1 = parcelas sem sintomas da doença e 9 = parcelas com 80 a 100% de plantas doentes). Foi realizada a análise de variância e as médias foram agrupadas pelo método de Scott-Knott a 5% de significância. Foi estimada a associação entre reação ao mofo-branco em ambiente controlado e no campo, pela correlação de Pearson. Os resultados do ensaio com inoculação artificial evidenciaram dois grupos de reação ao mofo-branco. As linhagens CNFC 10729, CNFC 15504, CNFC 15458, CNFC 9500, CNFC 10762 e CNFC 10429 apresentaram médias entre 2,46 e 3,50. O segundo grupo foi formado por VC-17, CNFC 15507, CNFC 15497, BRS Requite e RP-1 (BRSMG Uai), que apresentaram médias de severidade entre 5,56 a 8,00. No ensaio de campo, as linhagens CNFC 15458, RP-1 (BRSMG Uai), CNFC 9500, CNFC 15507 e CNFC 10729 apresentaram as menores médias de severidade, variando de 2,83 a 3,67. O segundo grupo foi formado por CNFC 15497, CNFC 15504, CNFC 10762, CNFC 15460, BRS Requite e VC-17, classificadas como suscetíveis, com severidade média variando de 3,83 a 5,00. Observou-se correlação não significativa ($P > 0,05$) entre a severidade do mofo-branco no campo e em ambiente controlado. As linhagens CNFC 15458, CNFC 9500 e CNFC 10729 se destacaram quanto à reação ao mofo-branco em campo e em ambiente controlado.

Palavras-chave: *Sclerotinia sclerotiorum*; resistência a doenças; seleção de genitores

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO PARA EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO ASSOCIADAS COM *Azospirillum brasilense*

Douglas Mariani Zeffa¹; Luiz Júnior Perini²; Gustavo Henrique Freiria²; Nicholas Vieira de Sousa²; Mayara Barbosa Silva¹; Carlos Alberto Scapim¹; André Luiz Martinez de Oliveira²; Leandro Simões Azeredo Gonçalves^{2*}

¹Universidade Estadual de Maringá. ²Universidade Estadual de Londrina.
*leandrosag@uel.br

O desenvolvimento de cultivares mais eficientes no uso do nitrogênio associados à utilização de bactérias promotoras de crescimento vegetal é considerado umas das principais estratégias na redução do uso de fertilizantes. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi identificar linhagens de milho (*Zea mays* L.) eficientes no uso do nitrogênio, bem como avaliar o efeito da inoculação com *Azospirillum brasilense* sobre o teor de nitrogênio na parte aérea das plantas. Foram avaliadas 26 linhagens endogâmicas de milho e um híbrido simples Dow[®] 2B587PW. O experimento foi conduzido em vasos Leonard sob condições de casa-de-vegetação. Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições e os tratamentos dispostos em esquema fatorial 27x3, constituído pela combinação dos 27 genótipos nas condições de alto nitrogênio, baixo nitrogênio e baixo nitrogênio mais inoculação com *A. brasilense* estirpe Ab-V5. Após 28 dias de crescimento em solução nutritiva, quando os genótipos se apresentavam no estágio de desenvolvimento V4, quantificou-se o teor de nitrogênio total da parte aérea por meio do método de *Kjeldahl*. Pela análise de variância foi observado efeito significativo para interação genótipo x fertilização, indicando comportamento diferencial dos genótipos sob às diferentes condições de fertilização. Em alto nitrogênio, os genótipos foram classificados em cinco grupos pelo teste de Scott e Knott, destacando-se o híbrido 2B587PW e a linhagem 21 por apresentarem as maiores médias. Em baixo nitrogênio e baixo nitrogênio inoculado com *A. brasilense*, os genótipos apresentaram comportamento similar, sendo estes agrupados em apenas dois grupos. Comparando-se as três condições de fertilização, os genótipos em alto nitrogênio comportaram-se de forma superior aos genótipos nas duas condições de baixo nitrogênio, com exceção das linhagens 7 e 15, que não apresentaram diferenças estatísticas em alto nitrogênio e baixo nitrogênio inoculado com *A. brasilense*. Quanto às duas condições de baixo nitrogênio, as linhagens 3, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 15 e 21 apresentaram médias superiores na condição inoculada em relação à não inoculada, indicando que o *A. brasilense* promoveu incremento nesta característica para estas nove linhagens.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; estresses abióticos; bactérias promotoras de crescimento vegetal.

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS RECOMBINANTES DE *Colletotrichum* E *Glomerella* DO FEIJOEIRO

Ana Carolina Faria Martins¹; Suellen Finamor Mota¹; Mariana Andrade Dias¹;
Elaine Aparecida de Souza^{1*}

¹Universidade Federal de Lavras, 37200-000, Lavras, MG-Brasil, *easouza@dbi.ufla.br.

O Brasil é o maior produtor e consumidor de feijão, porém diversos fatores afetam a cultura, dentre estes destaca-se a ocorrência das doenças fúngicas. A antracnose causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (forma telemórfica *Glomerella cingulata* fsp. *phaseoli*) é uma das principais doenças da cultura. Espécies de *Glomerella* têm sido isoladas de lesões de antracnose, no entanto, não representam a fase sexual do *C. lindemuthianum*. Neste estudo, o objetivo foi caracterizar linhagens recombinantes oriundas de uma mistura de duas linhagens, uma pertencente à espécie *C. lindemuthianum* e outra pertencente a *Glomerella* sp., por meio de características morfológicas, fisiológicas e patogênicas. Após a mistura equitativa dos conídios na concentração $1,2 \times 10^6$ conídios/ml, foi realizada a inoculação em plantas de feijoeiro comum. Após 15 dias foram realizados reisolamentos a partir de lesões características de antracnose, obtendo-se sete linhagens monospóricas que foram avaliadas com os parentais para as seguintes características: Índice de velocidade do crescimento micelial (IVCM), diâmetro colonial (DC), taxa de esporulação e teste de patogenicidade. Os experimentos foram conduzidos em DIC com três repetições para IVCM e DC. O teste de patogenicidade foi realizado por meio da inoculação da suspensão de conídios de cada linhagem nas cultivares Pérola e Ouro Negro e avaliado 10 dias após. Para o IVCM observou-se que a linhagem parental LV134 obteve o crescimento mais lento quando comparada às demais pelo teste Skot-knott. Quanto a taxa de esporulação, observou-se a formação de dois grupos distintos, sendo que a linhagem parental G7-2 foi classificada no grupo de menor esporulação. Quanto ao teste de patogenicidade, quatro grupos distintos foram formados. A severidade da doença variou de acordo com a linhagem inoculada, sendo que a linhagem parental G7-2 não foi patogênica. As linhagens recombinantes apresentaram comportamento diferente quando comparadas aos parentais, sugerindo a possibilidade de recombinação genética entre as linhagens parentais.

Palavras-chave: Antracnose; recombinação assexual; resistência genética.

Agradecimentos: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

CARACTERIZAÇÃO DE PENDÃO EM VARIEDADES DE MILHO CRIOULO

Lílian Moreira Barros^{1*}; Airton Rosa da Silva¹; Daiane Prochnow¹; Bruna Possebon¹; Antonio Costa de Oliveira¹; Luciano Carlos da Maia¹

¹Universidade Federal de Pelotas, Departamento de Fitotecnia, Capão do Leão, RS.
*lilianmbarros@gmail.com

A caracterização da inflorescência masculina do milho faz-se importante devido sua relação com a produção de grãos, uma vez que o pendão pode influenciar no rendimento da planta de formas físicas e fisiológicas. O objetivo do trabalho foi caracterizar a morfologia de pendão de variedades de milho crioulo por meio da estatística descritiva. O experimento foi realizado no Centro Agropecuário da Palma, no município Capão do Leão – RS, na safra 2016/2017. Foram utilizadas cinco variedades de milho crioulo: Argentino Amarelo, Argentino Branco, Cateto Amarelo, Dente de Ouro e Taquarão. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, composto por três repetições, sendo cada unidade experimental constituída por duas linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 0,70 metros entre linhas, contendo 20 plantas espaçadas em 0,25 metros. Para a realização das avaliações foram selecionadas cinco plantas ao acaso em cada linha da unidade experimental, totalizando dez plantas por repetição. Os pendões das plantas selecionadas foram retirados após o período de polinização. As variáveis avaliadas foram: massa seca de pendão (MSP), em gramas, mensurada após a secagem em estufa a 40°C; comprimento da haste principal do pendão (CHP), em cm; número de ramificações laterais (NRL), número de ramificações secundárias (NRS), ambos em unidades e comprimento da ramificação lateral (CPRL), em cm. Os dados foram submetidos à análise de estatística descritiva para a obtenção das classes fenotípicas para a distribuição de frequências dos genótipos. Os procedimentos estatísticos foram realizados no software SAS. A análise de distribuição de frequência indicou que dos 90 genótipos avaliados, 38 apresentaram massa de pendão entre 4,5 e 6 gramas. Para a variável CHP, 24 indivíduos mostraram um comprimento de cerca de 46 cm. O número de ramificações laterais e secundárias pode influenciar no sombreamento da planta, sendo assim, em variedades melhoradas, encontram-se pendões menores, com um número reduzido de ramificações, todavia, para NRL, a classe fenotípica com maior número de genótipos foi entre 16,5 e 19,5 ramificações, sendo que o menor número de ramificações foi representado por três genótipos apenas. Para NRS, 36% dos genótipos apresentaram cerca de 5 ramificações. O comprimento da ramificação lateral foi bastante variado, apresentando valores entre 19,5 e 31,5 cm para a maior parte dos genótipos das variedades. Considerando o número de classes e suas respectivas proporções de indivíduos, pode-se concluir que os caracteres de pendão não apresentam uma variação acentuada entre as variedades crioulas estudadas.

Palavras-chave: Caracterização.

CARACTERIZAÇÃO DE PROGÊNIES DO SINTÉTICO TG02-R2 PARA A PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

Maraiza Lima Costa¹; Gustavo Souza Lima²; Edésio Fialho dos Reis³; Danielle Fabíola Pereira da Silva⁴; Jefferson Fernando Naves Pinto⁵;

¹Graduanda em Agronomia–Bolsista de Iniciação Científica FAPEG-Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, maraizalimacosta@gmail.com; ²Graduando em Agronomia-Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, gustavoagroufg@gmail.com³; D.Sc., Professor–Bolsista de Produtividade do CNPq-Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, edesiofr7@gmail.com; ⁴D.Sc., Professora–Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, daniellefpsilva@gmail.com;⁵MSc. Técnico laboratório de recursos genéticos e biotecnologia.

O milho apresenta papel importante na dieta como fonte energético-proteica. No Centro-Oeste, o milho verde compõe diversos pratos, porém, nessa região, a ênfase na produção desse cereal é voltada para grãos. Tendo em vista a importância desse cereal no consumo *in natura* e o reduzido número de cultivares voltadas a essa produção, o presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar famílias de meios-irmãos oriundas de população com potencial para produção de milho verde. A população TG-02R2, proveniente de duas recombinações e seleções para características direcionadas à produção de milho verde foi utilizada, sendo o trabalho conduzido no campo experimental da Universidade Federal de Goiás-Regional Jataí, na safra 2016/17. Foram avaliadas 86 famílias de meios-irmãos (FMI) juntamente com o híbrido comercial AG1051 indicado para produção de milho verde, com três repetições em blocos ao acaso, e as parcelas representadas por linhas de cinco metros, espaçadas 0,9m e, 0,2m entre plantas, totalizando 25 plantas por parcela; Foram avaliadas 14 características em 5 plantas de cada parcela, sendo elas: FM-florescimento masculino e FF-florescimento feminino (dias), AP-altura de planta e AE-altura de espiga (m), EP-empalhamento das espigas, Pc/Palha-peso com palha, Ps/Palha-peso sem palha e PU-peso útil (Kg), DE-diâmetro de espiga, CE-comprimento de espiga (cm), FRM-formato das espigas, AL-alinhamento das fileiras na espiga, NF-número de fileiras da espiga e COR-cor dos grãos. Após a coleta dos dados, foi realizada a Análise de Variância e estimado o ganho por seleção para peso útil da parcela e seu efeito nos demais caracteres. Na Análise de Variância verificou-se diferença significativa a 1% pelo teste F para a grande maioria dos caracteres avaliados. Os coeficientes de variação demonstraram boa precisão experimental, não ultrapassando 15,3%. Para a característica PU, foi observado um Cv de 11,77%. O Ganho por Seleção calculado para o caractere PU foi de 9,72%. Conclui-se então que a população TG02-R2 possui características promissoras para a produção de milho verde.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; *in natura*; Ganho por seleção.

Agradecimentos: Aos órgãos de pesquisa CNPq, CAPES, FAPEG.

CARACTERIZAÇÃO DE RAÍZES DE MANDIOCA QUANTO O TEOR DE PROTEÍNA E CARBOIDRATOS TOTAIS

Gustavo Igor dos Santos Delforno¹; Bruno Wagner Zago¹; Bruno Rafael da Silva²; Eulália Soler Sobreira Hoogerheide²; Ronaldo Costa Lacerda¹; Bruno Henrike da Silva Ponce¹; Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia – Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus Cáceres* - MT. ²Embrapa Agrossilvipastoril. *E-mail do autor para correspondência: gustavodelforno@hotmail.com

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das culturas de maior importância na alimentação humana e animal e apresenta um elevado teor de proteína, porém os carboidratos totais disponíveis, principalmente o amido, é produto de maior valor agregado presente nas raízes de mandioca, tendo um grande valor no setor industrial. Desse modo, esse trabalho objetivou avaliar acessos de mandioca provenientes da mesorregião centro-sul do Estado de Mato Grosso, quanto aos teores de carboidratos totais e proteína. O plantio foi realizado na área experimental anexa ao Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia - Unemat, Cáceres-MT. As análises de proteína e carboidratos totais foram realizadas nos laboratórios pertencentes a Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop-MT. Foram avaliados 144 acessos de mandioca provenientes de cinco municípios, sendo eles: Cáceres (UNCA), Rosário Oeste (UNRO), Jangada (EMJA), Poconé (EMPO) e Cuiabá (EMCB). O teor de proteína (%) foi quantificado através de análise elementar (CHNS) e o teor de carboidratos totais foi quantificado por diferença a partir da subtração dos outros componentes químicos da amostra. Em relação ao teor de proteína, 42,36% dos acessos apresentaram teor entre 0-0,55%; 50,69% apresentaram teor entre 0,56–1,10%; 6,25% com teores variando entre 1,11–1,65% e 0,70% com teor de proteína igual a 2,21% da sua composição. Já para o teor de amido, 9,72% dos acessos apresentaram teores variando de 9,5–18,56%; 31,95% apresentaram teores entre 18,57–27,62%; 34,03% com teores variando entre 27,63–36,68% e 24,30% com teores de amido variando entre 36,69–45,74% da sua composição. Dentre os acessos de mandioca avaliados, 11,11% apresentam teor de proteína dentro da composição química média encontradas na maioria das raízes (1–1,5%). Portanto, merece destaque quanto ao teor de proteína o acesso EMCB-15, por apresentar o maior teor de proteína entre os acessos (2,21%). Em relação ao teor de amido, o valor mínimo aceitável nas raízes para venda para indústria é de pelo menos 29,71%. Dos acessos avaliados, 50,69% deles apresentam teor de amido dentro deste padrão. O acesso UNCA-28, apresentou amido em maior proporção (45,74%). Alguns acessos se destacaram por apresentar simultaneamente maiores valores para teor de amido e proteína, respectivamente: UNRO-11 (42,30%-1,25%); UNRO-19 (39,63%-1,41%); UNCA-15 (37,39%-1,25%); UNCA-25 (42,38%-1,20%); UNCA-36 (40,08%-1,23%) e UNCA-38 (37,19%-1,5%).

Palavras-chave: Amido, físico-química, acessos

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR MODELOS MISTOS DE UMA POPULAÇÃO DE LINHAS PURAS RECOMBINANTES DE ARROZ IRRIGADO

Ana Letycia Basso Garcia¹, João Antônio Mendonça², Douglas Eterno Louza Sartori², Mariana Rodrigues Feitosa Ramos¹, Claudio Brondani².

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail do autor para correspondência: letyciabasso@gmail.com.

O aumento da produtividade em arroz é um desafio para os programas de melhoramento do mundo todo. Uma alternativa para identificar linhagens mais produtivas, ou mesmo descobrir genes correlacionados à produtividade e seus componentes, é conhecer e explorar o pool gênico de populações provenientes de cruzamentos entre genótipos ainda pouco utilizados no melhoramento, como materiais introduzidos. O objetivo desse trabalho foi caracterizar uma população de linhas puras recombinantes (RILs), provenientes do cruzamento entre Maninjau x Epagri 108. Foram avaliadas 296 RILs em experimentos conduzidos em Goianira (GO), Boa Vista (RR) e Pelotas (RS), no ano de 2016. Em GO e RR os ensaios foram implantados em delineamento alfa-látice (17x18) e em Pelotas foi utilizado BAF (blocos aumentados de Federer). Foram coletados dados referentes à produtividade (PD) e altura (AP) nos três locais, além de dias até o florescimento (DF), em RR e GO, peso de 100 grãos (PG), em RS e GO. Os dados foram analisados via modelos mistos, através da análise de deviance. Os componentes de variância foram estimados via REML/BLUP e foram estimados os parâmetros genéticos e coeficientes de correlação entre caracteres, bem como os parâmetros estatísticos CV_e , CV_g , CV_r e acurácia seletiva. A análise de interação $G \times E$ foi feita com base no método da MHPRVG. Foram estimadas as distâncias genéticas entre as linhagens de maior valor genotípico em cada local e os parentais do cruzamento, através de um painel de 24 marcadores SSR, e para Boa Vista e Goianira, a maioria das linhagens mais produtivas foram mais similares ao genitor Epagri 108. A maioria dos efeitos aleatórios do modelo estatístico adotado foi significativa. A produtividade se revelou com herdabilidade moderada (0,67), enquanto que os caracteres DF, AP e PG apresentaram alta herdabilidade (>0,90). Foi verificada correlação positiva significativa entre os caracteres PD e PG e DF e AP, porém esses dois últimos apresentaram correlação negativa significativa com a produtividade. Nove RILs se destacaram pela MHPRVG, com desempenho superior a 30% em relação à média geral. Elas são, portanto, recomendadas para uso do programa de melhoramento como potenciais genitoras. A RIL 105 foi classificada como a de melhor estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. Os resultados indicam que a população tem alta variabilidade genética para os caracteres avaliados e pode ser utilizada tanto na seleção de genótipos de alto desempenho produtivo, quanto em estudos para detecção de QTLs relacionados a esses caracteres, em múltiplos locais.

Palavras-chave: RILs, deviance, MHPRVG.

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE CULTIVARES DE SOJA PARA TOLERÂNCIA À SECA

Willian Giordani^{1*}; Larissa Alexandra Cardoso Moraes²; Leandro Simões Azeredo Gonçalves¹; Norman Neumaier²; Alexandre Lima Nepomuceno²; Maria Cristina Neves de Oliveira²; Liliane Marcia Mertz Henning².

¹Universidade Estadual de Londrina - UEL. ²Embrapa Soja.
*giordani.willian@yahoo.com.br.

A produtividade e a área cultivada com a soja podem ser drasticamente limitadas por fatores bióticos e abióticos. Dentre os fatores abióticos, a seca é considerada o mais importante, sendo frequentemente responsável por quebras de safra em todo o mundo. Os efeitos da seca sobre a soja dependem de sua intensidade, duração e época de ocorrência. Devido à complexidade dos mecanismos de tolerância à seca, um dos principais desafios na seleção e desenvolvimento de genótipos adaptados consiste na identificação de características que contribuem para a maior tolerância das plantas ao estresse. O objetivo deste trabalho foi identificar características morfoagronômicas que contribuem para a estabilidade de produção de duas cultivares de soja, submetidas a diferentes regimes hídricos. O experimento foi conduzido em Londrina-PR, em dois anos agrícolas. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, dispostos em parcelas subdivididas com quatro repetições. Na parcela principal foram testados quatro regimes hídricos: irrigado (IR), não irrigado (NI), estresse hídrico no período reprodutivo (ER) e estresse hídrico no período vegetativo (EV). Nas subparcelas foram testadas as cultivares BR16 e E48, descritas previamente como sensível e tolerante ao déficit hídrico, respectivamente. Para simulação do estresse em condições de campo, foram utilizadas coberturas móveis contra a chuva (*rain out shelters*). Foram avaliados treze caracteres morfoagronômicos de crescimento e rendimento. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste Tukey a 5% de significância. Utilizou-se análise de componentes principais (PCA), a fim de, identificar conjuntamente as características de maior contribuição para a estabilidade de produção. De acordo com os resultados, o déficit hídrico interfere no rendimento, principalmente quando ocorre no período reprodutivo. Sob ER a cultivar E48 mostrou maior estabilidade de rendimento em comparação a BR16, porém, comportamento contrário foi observado para EV. O peso de sementes influenciou as diferenças de rendimento observadas entre as cultivares sendo mais estável para a E48. Sementes de menor peso, porém em maior número, constituíram vantagem em condições de seca. A cultivar BR16 apresentou maior área foliar, o que pode ter contribuído para sua capacidade de recuperação sob EV.

Palavras-chave: *Glycine max*; estresse hídrico; avaliação fenotípica.

CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DE POPULAÇÕES DE MILHO SOB ESTRESSE HÍDRICO

DAMIÃO INÁCIO CLEMENTE^{*1}; RHIAN ARRUDA DOS SANTOS²; JOÃO BATISTA LEITE JUNIOR³; HILDEU FERREITA DA ASSUNÇÃO³; ANTÔNIO PAULINO DA COSTA NETTO³; EDÉSIO FIALHO DOS REIS³

¹ Mestre em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, BR 364, km 195, nº 3800, 75801-615, Jataí, Goiás, Brasil. *inacio2159@hotmail.com

² Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí

³ Docentes da Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí

No melhoramento de plantas o princípio fundamental está na seleção e, para que o melhorista tenha sucesso, essa seleção tem que estar embasada em variabilidade e associada à caracteres que permita boa escolha das populações. No caso do milho, há existência de variabilidade em seu germoplasma para diferentes situações, dentre elas o estresse hídrico. Para obtenção de genótipos mais tolerantes ao estresse hídrico é necessário maior conhecimento das relações entre fatores biológicos e climáticos. Objetivou-se neste trabalho avaliar o efeito do estresse hídrico sobre caracteres morfofisiológicos de genótipos de milho e distinguir aqueles de maior potencial para uso em programa de melhoramento. O estudo foi realizado durante o ano de 2016 na área experimental da Universidade Federal de Goiás - Regional Jataí, em ambiente controlado - casa de vegetação. O experimento foi conduzido em blocos casualizados com 4 repetições, em esquema fatorial 2 x 25, sendo dois níveis de irrigação (IR – irrigado próximo a 100% da capacidade de campo (CC) em todo o ciclo da cultura e ES – irrigado próximo a 50% da CC a partir do pré-florescimento) e 25 genótipos (12 genótipos oriundos de populações de polinização aberta pertencentes ao programa de melhoramento da instituição; 11 genótipos de geração F₂ de híbridos comerciais e duas testemunhas - DKB390 - tolerante ao estresse hídrico e BRS1030 - sensível ao estresse hídrico). A unidade experimental foi composta por 2 vasos de polietileno de 15 litros, com duas plantas por vaso. Foram avaliados florescimentos Masculino e Feminino; Intervalo entre os florescimentos masculino e feminino; Altura de plantas e espigas; Ângulo de inserção da raiz; Índice de clorofila total nos estádios fenológicos VT, R1 e R3; Massa seca da parte aérea; Massa seca da raiz e Razão entre massa seca da raiz e parte aérea. Os genótipos CRE2, HSG4 e CRV02 apresentaram menores variações nos índices de clorofila total, nos estádios VT e R1 para os dois ambientes. Para matéria seca da parte aérea e da raiz os genótipos CCV, HSG2 e HSG11 não mudaram o comportamento em função do estresse hídrico. Em grande parte das populações o estresse hídrico utilizado comprometeu o desenvolvimento vegetativo do milho, promovendo redução na altura de plantas, massa seca da parte aérea e raiz.

Palavras chave: *Zea mays* L.; Caracteres secundários; restrição hídrica

CARACTERIZAÇÃO PARA REAÇÃO ÀS DOENÇAS EM ENSAIOS DE VALIDAÇÃO DE CULTIVO E USO DE FEIJOEIRO-COMUM NO ESTADO DO PARANÁ

Marcelo Sfeir de Aguiar¹; José Luis Cabrera Diaz¹; Adriane Wendland¹, Luís Cláudio de Faria¹; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza¹; Helton Santos Pereira¹; Valdine Valter Schmidt Krug ¹; Leonardo Cunha Melo¹

¹ Embrapa Arroz e Feijão. E-mail: marcelo.sfeir@embrapa.br

Apesar de ser o maior produtor e consumidor mundial de feijão, o Brasil ainda apresenta baixa produtividade média, decorrente principalmente da grande incidência e severidade de doenças. O objetivo deste trabalho foi caracterizar cultivares e linhagens pré-comerciais de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris*) que compõem os ensaios de Validação de Cultivo e Uso quanto à reação às principais doenças presentes nesse patossistema. Os ensaios foram conduzidos no Estado do Paraná nas safras das águas e da seca, nos anos de 2014 e 2015. Foram avaliados 14 genótipos entre cultivares e linhagens elite do grupo carioca desenvolvidos pela Embrapa Arroz e Feijão e instituições parceiras, quanto à reação à antracnose, crestamento bacteriano comum, mancha-angular e murcha de curtobacterium. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros, espaçadas 0,5 m. As avaliações foram realizadas em duas das repetições por experimento, utilizando-se de uma escala de notas de 1 a 9. Os dados de doenças foram submetidos à análise de variância em blocos ao acaso, considerando cada experimento como um bloco. As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Foram observadas diferenças significativas entre os genótipos para a maioria das doenças avaliadas, exceto para a reação à murcha de curtobacterium, indicando que os genótipos apresentam variabilidade genética em relação à reação às doenças. Para a antracnose foi observado que as linhagens CNFC 15513, CNFC 15507, CNFC 15460 e CNFC 15475 juntamente com a testemunha BRS Notável apresentaram um alto nível de resistência com notas inferiores a 3,0 (a). Além dessas, BRS Estilo (3,1 b), CNFC 15497 (3,2 b), CNFC 15458 (3,3 b), CNFC 15480 (3,3b), CNFC 15534 (3,4 b) e CNFC 15462 (3,6 b) apresentaram resistência intermediária para essa doença. Quanto ao crestamento bacteriano comum, a maioria dos genótipos apresentou um alto nível de resistência com notas variando entre 1,3 a 2,5 exceto as linhagens CNFC 15507 (3,5 b) e CNFC 15513 (3,5 b) que apresentaram nível intermediário de resistência. Em relação a mancha-angular, as linhagens CNFC 15513, CNFC 15458, CNFC 15475, CNFC 15504, CNFC 15507 e Pérola, apresentaram resistência intermediária com notas inferiores a 4,3 (a). Conclui-se que as cultivares e as linhagens de feijoeiro-comum apresentaram variabilidade genética para reação as principais doenças da cultura, e que existe a necessidade de considerar essas resistências no momento de recomendação de semeadura nas diferentes regiões produtoras.

Palavras-chave: Melhoramento genético; *Phaseolus vulgaris*; resistência a doenças.

Agradecimentos: Embrapa pelo apoio financeiro

CICLO E PRODUTIVIDADE DE LINHAGENS DE SOJA CULTIVADAS NO OESTE DO PARANÁ

Vanessa Aline Egewarth^{1*}; Giovani Andrezza de Oliveira¹; Jonas Francisco Egewarth¹; Fabio Polido²; Paulo Rabello de Oliveira¹; Claudio Yuji Tsutsumi¹.

¹Universidade Estadual do Oeste do Paraná (UNIOESTE). ²GDM Genética do Brasil Ltda (GDM Seeds). *vanessaaline_egewarth@hotmail.com.

A soja é cultivada especialmente nas regiões Centro Oeste e Sul do Brasil, firmando-se como um dos produtos de maior destaque da agricultura nacional e na balança comercial. Nas últimas três décadas, a soja foi a cultura agrícola que mais cresceu no país, correspondendo a 49% da área plantada em grãos. Este aumento deve-se aos avanços tecnológicos e ao manejo e eficiência dos produtores. A busca por cultivares mais produtivas é constante, e para isso, torna-se necessário a avaliação de seus desempenhos. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a produtividade e ciclo de 30 linhagens experimentais de soja, cultivadas no oeste do Paraná. O experimento foi realizado no município de Itaipulândia, localizado a 24°28'22,9" S e 54°03'29" W, a 227 m de altitude. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, composto de 30 linhagens de soja. As parcelas foram constituídas de 4 linhas de 5 m, espaçadas em 0,50 m. Os tratos culturais foram realizados conforme recomendação da cultura. Ao final do ciclo, fez-se a avaliação do número de dias para a maturação. A produtividade de grãos foi obtida através da colheita das duas linhas centrais da parcela, eliminando 0,5 m da extremidade de cada fileira, sendo os valores corrigidos para 13% de umidade. Os dados foram submetidos à análise de variância e quando necessário à análise de agrupamento de *Scott-Knott* ($p < 0,05$), com o uso do aplicativo computacional GENES. De acordo com os resultados, houve efeito estatístico significativo para ambas as variáveis. Quanto ao ciclo, as linhagens foram classificadas em series e grupos distintos, sendo as linhagens TMG7062 IPRO, BMX GARRA RSF IPRO, LIN_12, NS6906 IPRO, LG60163 IPRO e LIN_08 pertencentes ao grupo mais precoce (126,00; 126,00; 126,67; 126,67; 127,30; e 128,00 dias, respectivamente) e as linhagens AS3730 IPRO, BMX ICONE RSF IPRO, TMG7063 IPRO e NS6700 IPRO ao grupo de maior ciclo (com 142,67; 142,00; 141,67 e 140,67 dias, respectivamente). As linhagens BMX GARRA RSF IPRO; LIN_05; LIN_12; LIN_08 e NS6906 IPRO, consideradas as mais produtivas (com 2630,67; 2458,00; 2335,67; 2258,33 e 2209,33 Kg ha⁻¹, respectivamente) foram agrupadas individualmente. Este estudo mostrou que as linhagens BMX GARRA RSF IPRO, LIN_05 e LIN_12 são as mais promissoras para o cultivo na região oeste do Paraná.

Palavras-chave: Brasmax; *Glycine max*; seleção.

Agradecimentos: CAPES, UNIOESTE.

CLOROFILA TOTAL, MASSA E NÚMERO DE GRÃOS EM GENÓTIPOS DE SOJA SOB DÉFICIT HÍDRICO

Roberta Fonseca de Oliveira Pereira¹; Stenio Andrey Guedes Dantas²; Heloisa Rocha do Nascimento²; Higor Silva Nogueira¹; Felipe Lopes da Silva³

¹Graduando em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa. ²Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa.

³Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa.

*robertafopereira@gmail.com

O déficit hídrico em plantas cultivadas influencia significativamente o desenvolvimento fenológico. A deficiência hídrica causa alterações no comportamento vegetal cuja irreversibilidade é dependente do genótipo, duração, severidade e do estágio de desenvolvimento da planta. Devido à importância econômica da cultura da soja e a imprevisibilidade climática, torna-se necessário a realização de estudo para identificação de genótipos tolerantes. Sendo assim, objetivo deste trabalho foi identificar genótipos de soja com melhor desempenho ao déficit hídrico. O trabalho foi realizado na casa de vegetação no campo experimental Diogo Alves de Melo, na Universidade Federal de Viçosa. O experimento foi delineado em blocos casualizado (DBC), com três blocos, dez genótipos e dois tratamentos de capacidade de campo: controle (- 33 kPa) e estresse (-900 kPa). Os tratamentos foram aplicados durante 15 dias no estágio R5 e coletados discos foliares para avaliação da clorofila total. Ao término do ciclo, foram avaliadas a massa e número de grãos. As análises de variância e o agrupamento de média (Scott-Knott a 5% de significância) foram realizadas utilizando o software R versão 3.4.0. Não houve diferença significativa a 5% de probabilidade entre os fatores genótipos e tratamento de capacidade de campo para as características avaliadas, sendo esses, avaliados de forma independente. Para todas as características avaliadas o tratamento sem estresse apresentou as maiores médias para clorofila total, massa e número de grãos. Para o fator genótipo houve a formação de dois grupos distintos para todas as características avaliadas, destacando o cultivar TMG 115 RR sempre com as maiores médias. A clorofila total apresentou correlação positiva com as variáveis massa e números de grãos, sendo 0.59 e 0.44 respectivamente. É possível concluir que há diferença entre as médias do teor de clorofila, massa e número de grãos nos tratamentos com capacidade de campo, sendo as mesmas afetadas pela condição de estresse (-900 kPa), é verificado também maiores valores dessas características para o cultivar TMG 115 RR sendo possível sua aplicação nas condições estudada.

Palavras-chave: Capacidade de campo; *Glycine max* (L.) Merr, Pigmento fotossintético.

CO-INOCULAÇÃO EM CULTIVARES DE SOJA PARA OS PARÂMETROS DE FIXAÇÃO BIOLÓGICA E COMPONENTES DE PRODUÇÃO

Paloma Helena da Silva Libório^{1*}; Ivana Marino Bárbaro-Torneli²; Antônio Orlando Di Mauro³; José Ari Formiga⁴; Renato Massaro Sobrinho⁵; Sandra Helena Unêda-Trevisoli³

¹Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas da UNESP Jaboticabal. ²Pesquisadora Científica APTA- Pólo Regional de Colina/SP. ³Professor da UNESP Jaboticabal. ⁴Empresa Stoller do Brasil Ltda. ⁵Sindicato Rural de Guaíra/SP.* paloma_liborio@hotmail.com

A co-inoculação refere-se à inoculação simultânea com as bactérias do gênero *Bradyrhizobium* e *A. brasilense* com o intuito de elevar os ganhos obtidos com a fixação biológica de nitrogênio (FBN). O presente trabalho objetivou avaliar o desempenho de 32 cultivares de soja para os caracteres de FBN e componentes da produção. As cultivares foram submetidas à co-inoculação do inoculante fornecido pela Empresa Stoller do Brasil (aplicado no sulco de semeadura), sendo as cultivares também avaliadas sem a aplicação do mesmo (testemunha), em Guaíra-SP no ano agrícola 2016/17. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso no esquema fatorial 32x2, com 3 repetições, com parcelas de 8 linhas de 70 m de comprimento, e espaçamento de 0,5 m e área útil de 2,5 m². No semeio, foram aplicados 280 kg ha⁻¹ de 3-23-23 e o inoculante na dose de 260 mL ha⁻¹. No estágio R1, foram avaliados os parâmetros de FBN: índice de conteúdo de clorofila (ICC), comprimento da parte aérea (CPA) e raiz (CR) em cm, matéria seca da parte aérea (MAS) e raiz (MSR) em g planta⁻¹, número de nódulos da raiz principal (NRP) e raízes secundárias (NRS), número de nódulos totais (NT) em unidades planta⁻¹, matéria seca dos nódulos da raiz principal (MSP) e secundárias (MSS) e total (MST) em mg. planta⁻¹. Em R8, avaliou-se: a produtividade (PG) em kg. ha⁻¹; estande final (ST); acamamento (Ac) e valor agrônomico (VA). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5%. As cultivares apresentaram diferentes respostas à co-inoculação quanto aos parâmetros de FBN, com maiores médias para: ICC, CR, MAS, NRP, NRS, NT, MSS e MST. Também observou-se diferenças significativas para PG, ST, Ac e VA. As cultivares apresentaram média geral de 3.069,97 kg. ha⁻¹, sendo as mais produtivas: SYN13561 IPRO, DS5916 IPRO, AS3680 IPRO, TMG7063 IPRO, AS3730 IPRO, 5G7315 IPRO, XB6916 RR, CZ36B31 IPRO, SYN15640 IPRO, NS6700 IPRO, TFC6702 IPRO, LG60163 IPRO e CZ28B42 IPRO. Na co-inoculação as cultivares apresentaram maior PG (18,88% superior à testemunha), além de terem sido detectadas interações entre tipos de bactérias com diferentes genótipos de soja, recomendando-se estudos mais aprofundados sobre o tema.

Palavras-chave: *Glycine max*; bactérias diazotróficas; co-inoculação.

Agradecimentos: CAPES, Empresa Stoller do Brasil e Sindicato Rural de Guaíra/SP.

COEFICIENTE DE VARIAÇÃO EXPERIMENTAL E DE DETERMINAÇÃO GENOTÍPICO COMO MEDIDAS DE PRECISÃO EM ENSAIOS DE VALOR DE CULTIVO E USO - VCU DE SOJA EM PARAGOMINAS-PA

Kevin Santos Baia¹; Jane Pereira Felipe²; Danielle S. Pinto³; Jamil Chaar El-Husny⁴;

¹Estudante de Agronomia da UFRA Paragominas, e-mail: kev.baia10@gmail.com. ²Engenheira agrônoma, e-mail: janepfelipe@gmail.com. ³Professora orientadora UFRA Paragominas, e-mail: daniamazon@gmail.com. ⁴Pesquisador da Embrapa, supervisor do Núcleo de Apoio à Pesquisa e Transferência de Tecnologia, e-mail: jamil.husny@embrapa.br.

O objetivo desse trabalho foi analisar o coeficiente de variação experimental (CV_e) e o coeficiente de determinação genotípico (H^2) como medidas de precisão em ensaios de VCU de soja em Paragominas-PA. Para a análise de dados utilizou-se informações do ano agrícola de 2009, de testes de VCU de soja convencional e transgênica do grupo de maturação precoce, médio e tardio, em torno de 105, 115 e 125 dias, respectivamente. Os experimentos foram implantados seguindo delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, parcelas experimentais de 10 m² com área útil de 4 m², constituídas por 4 fileiras de plantas, espaçadas de 0,50 m, densidade de aproximadamente 250 mil plantas por hectare e a variável analisada foi à produtividade em kg.ha⁻¹. Os coeficientes (CV_e e H^2) para a análise da precisão dos experimentos foram estimados com informações das esperanças de quadrados médios da análise de variância e como referência para a análise da precisão dos ensaios de VCU utilizou-se as tabelas de coeficiente experimental já propostos na literatura, para qualquer teste de VCU. Os CV_{es} estimados para os grupos de maturação precoce, médio e tardio de soja convencional foram 22%, 9,9%, 9,0% e de transgênico 8,3%, 8,0% e 7,2%, respectivamente. Nas tabelas de referências adotadas, observou-se que somente o grupo precoce de soja convencional foi classificado como de valor muito alto, e valor também considerado não aceitável pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para VCU de soja. O H^2 estimado para os grupos de maturação precoce, médio e tardio de soja convencional foram respectivamente 16%, 82% e 89% e de transgênico 85%, 85% e 92% respectivamente. Valores de H^2 acima de 50% são desejáveis em experimentos, pois representam a acurácia de seleção de 70% dos valores genotípicos em relação ao fenotípico. Pelos resultados encontrados de CV_{es} e H^2 s para a variável produtividade para os grupos de soja convencional de maturação médio e tardio e os grupos de transgênicos para todos os tipos de maturação apresentaram alta precisão experimental e confiabilidade na seleção e nos avanços no melhoramento genético mas para a soja convencional de maturação precoce os resultados foram diferente dos demais materiais genéticos demonstrando a falta de precisão no experimento e dessa maneira menor confiabilidade na seleção e progresso genético.

Palavras-chave: *Glycine max*; Biometria; Melhoramento

COMBINING ABILITY AND ALLOCATION OF MAIZE GENOTYPES IN HETEROTIC GROUPS

Flávia Alves Marques da Silva¹; Sophia Mangussi Franchi Dutra¹; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira¹; Camila Baptista do Amaral¹; Kian Eghrari¹; Gustavo Vitti Moro¹

¹FCAV - UNESP/Jaboticabal-SP/Brasil; e-mail: flavia_alvesms@hotmail.com

The great challenge in the evaluation of lines is the number of possible crosses to be evaluated in the field. To minimize this difficulty, topcross method was proposed. The topcross method allows estimating the effects of general and specific combining ability. The general combining ability can be defined as the average performance of a parent in hybrid combinations. Cluster analysis divides an original group of observations into several homogeneous groups, due to criteria of similarity or dissimilarity. The objectives of this research were to estimate the general combining ability of maize genotypes and to allocate them in heterotic groups through multivariate analysis. We evaluated 229 topcrosses, represented by the crossing of 229 S₃ maize lines with a broad genetic base tester, and one commercial hybrid as check in two seasons of the 2015/2016 Brazilian crop year in Jaboticabal/SP. Experimental design was a complete randomized block design with two replications. The variables evaluated were plant height, ear height, root and stalk lodging, final plant stand and grain yield. The general combining ability of genotypes was estimated, and non-hierarchical K-means cluster analysis was used for allocation the genotypes in heterotic groups. The statistical analyzes were performed using software SAS. There was a significant effect of sowing time for all the analyzed variables, indicating divergence among the seasons. The values of general combining ability for grain yield ranged from 1.170 kg ha⁻¹ to -1.069 kg ha⁻¹, indicating variability in the frequency of favorable alleles for this characteristic. Seven groups were formed considering the five variables evaluated. Based on estimates of general combining ability, genotypes 196, 211, 138 and 223 showed favorable general combining ability for both seasons. We also selected specific genotypes with high general combining ability of combining for the first and second seasons, which were genotypes 16 e 29, and genotypes 227 e 241, respectively. The multivariate cluster analyses by the K-means method allocated maize genotypes in seven heterotic groups. The combination of results of general combining ability and cluster analysis is an interesting strategy for the maize breeder, because it indicates the best crossing, increasing the probability of obtaining promising genotypes.

Keywords: *Zea mays*; plant breeding; multivariate analysis.

COMPARAÇÃO DE TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA E AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES S₃ POR MEIO DE TOPCROSSES

Robson Akira Matsuzaki^{1,*}; Alex Sandro Torre Figueiredo²; Diego Ary Rizzardi¹; Rodrigo Iván Contreras-Soto^{1,3}; Marcelo Akira Saito¹; Henrique José Camargo Senhorinho¹; Ronald José Barth Pinto¹.

¹Universidade Estadual de Maringá. ²Sakata Seed. ³Universidad de O'Higgins e Centro de Estudios Avanzados en Fruticultura. *E-mail do autor: robsonmatsuzaki@hotmail.com

Em programas de melhoramento de milho visando a obtenção de híbridos superiores, a seleção de progênies é uma das etapas mais importantes. Para isso, o método do topcrosses, que incide em combinar famílias parcialmente endogâmicas com diferentes testadores, de modo que sejam selecionadas com base nas estimativas de capacidade combinação. O objetivo do trabalho foi comparar três diferentes testadores na avaliação de progênies parcialmente endogâmicas S₃ de milho derivadas de populações selecionadas previamente para uso como germoplasma silageiro. Em cada uma das safras agrícolas de 2014/2015 e 2015/2016, foram instalados quatro experimentos delineados em látice simples parcialmente balanceado com 81 tratamentos. Utilizou-se três experimentos para avaliar os híbridos topcrosses obtidos com os híbridos simples AG8088 e DKB330 e com a linhagem elite 9.H33.3 e um experimentos para avaliação das progênies S₄. Os caracteres agrônômicos avaliados foram rendimento de grãos (RG) e massa verde (RMV). A unidade experimental consistiu em duas fileiras de 5 m, com 0,9 m entre fileiras e 22,7 cm entre plantas na fileiras. Foi verificado a existência de homogeneidade entre os quadrados médios do erro efetivo médio das análises de variância individuais. Com resultados apresentados na análise de variância conjunta, verificou-se que a interação entre genótipos e safras, influenciou de forma significativa ($p < 0,05$) para caracteres RG e RMV. Estes resultados sugerem que os híbridos e as progênies S₄ de milho apresentaram comportamento inconsistente perante as safras avaliadas, ou seja, houve alterações entre as médias dos genótipos na classificação de seus comportamentos nas diferentes safras. Foram estimados os componentes de variância genética e fenotípica, herdabilidade no sentido amplo, heterose e a CGC das progênies, testadores e a CEC por meio da análise dialética com base nos híbridos F₁'s. O HS AG8088 e a linhagem elite 9.H3.33 se destacaram como os melhores testadores para RG. A linhagem elite 9.H3.33 foi o melhor testador para os caracteres relacionados ao rendimento e a qualidade da forragem do milho. As progênies 201-23.2, 201-59.1, 201-80.2, 201-81.5, 203-195.3, 201-100.4, 201-145.4, 201-169.3, 202-155, 202-159, 203-23, 203-31, 203-32, 203-38, 203-75, 203-98, 203-111, 203-135, 203-139, 203-150, 203-188, 203-235 e 203-237 devem ser avançadas no programa de melhoramento de milho da UEM, pois apresentaram capacidades combinatórias e mérito em gerir bons híbridos.

Palavras – chaves: testadores; topcrosses.

COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM HÍBRIDOS DE TABACO.

José M.V. Pádua¹; Ricardo A.D.C. Ferreira²; Carlos E. Pulcinelli³

^{1,2,3} Souza Cruz Ltda – Rio Negro/PR. *jose_padua@souzacruz.com.br.

A utilização de híbridos comerciais em espécies autógamas na maioria das vezes é inviável comercialmente, porém o tabaco é uma exceção em função das características florais da espécie. Essa possibilidade ocorre, uma vez que um grande número de sementes é gerado por polinização, além de ser possível o uso da macho-esterilidade. Uma forma de inferir sobre os melhores híbridos é pelo uso de cruzamentos dialélicos. Além disso, esses cruzamentos permitem também estudar o controle genético dos caracteres avaliados. O objetivo deste trabalho foi avaliar as Capacidades Geral (CGC) e Específica de Combinação (CEC) por meio de um cruzamento dialélico completo. Os 45 híbridos obtidos, mais os dez parentais e nove testemunhas foram avaliados em três diferentes produtores no oeste do Estado do Paraná, na safra 2016/17, no delineamento de latice 8x8 com três repetições. Foram avaliadas as características de produtividade (kg/ha) e composição química (alcaloides totais) de todas as parcelas. Com base na abordagem de modelos mistos REML/BLUP considerando todos os efeitos aleatórios do modelo, foram realizadas as análises dialélicas individuais e conjunta e estimados os componentes de variância aditiva e dominante, utilizando o modelo II de Griffing (híbridos mais parentais), utilizando o Software R (R Program, 2017). Para a produtividade na análise dialélica conjunta os fatores CGC, CGCxAMB e CEC foram significativos, enquanto o fator CECxAMB foi não significativo. A variância aditiva foi 3,5 vezes maior que a variância de dominância. Já para a característica alcaloides totais foram significativos somente os fatores CGC e CEC. A variância aditiva para este caráter foi 11 vezes maior que a variância de dominância. A correlação da CGC entre os dois caracteres avaliados foi de -0,66. Como era de se esperar uma vez que o tabaco é espécie autógama, a variância aditiva se demonstrou maior que a de dominância, mostrando que o desempenho da linhagem per se é um bom indicativo da performance do híbrido. Porém também foi observado a significância da variância de dominância, justificando a exploração da heterose e utilização de híbridos comerciais de tabaco.

Palavras-chave: Capacidade de combinação, híbrido e tabaco.

Agradecimentos: Universidade Federal de Lavras (UFLA), pelo apoio na condução de nossos trabalhos.

COMPONENTES GENÉTICOS ESTIMADOS EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA SOB CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE DISPONIBILIDADE HÍDRICA

Jhean Torres Leite^{1*}; Samuel Henrique Kamphorst¹; Valter Jário de Lima¹; Rodolpho Artur de Souza Lima; Elias Fernandes de Souza; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF)

*E-mail do autor para correspondência: torresjhean@gmail.com

A seca é considerada grave restrição ambiental no desenvolvimento das culturas agrícolas. O estudo e a obtenção de estimativas de componentes genéticos permitem fazer inferências sobre a variabilidade genética presente no germoplasma-alvo e direcionar estratégias de seleção. O objetivo desse trabalho foi estimar os componentes genéticos de um conjunto de 20 linhagens de milho-pipoca cultivadas em condições hídricas distintas. Para tal, o delineamento experimental foi blocos casualizados com três repetições por ambiente, isto é, condição de irrigação (AI) e de estresse hídrico (AEH), imposto no estágio fenológico pré-florescimento. Os caracteres avaliados foram: massa de cem grãos (MCG), produtividade de grãos (PROD), capacidade de expansão (CE); matéria seca (MS) e índice de verde (SPAD). As análises de variância foram realizadas considerando o modelo fixo. Os componentes genéticos estimados foram: variância fenotípica (σ^2_f); variância de ambiente (σ^2_e); coeficiente de variabilidade genotípica (σ_g); variância de ambiente dentro de parcela (σ^2_E); coeficiente de determinação genotípica (H^2); coeficiente de variação entre genótipos (CVg); coeficiente de variação experimental (CVe); índice de variação (Iv) e correlação intraclasse (CI). Há variabilidade genética entre os genótipos, em ambos os ambientes, para todos os caracteres avaliados. Os Valores de Cve variaram de 4,45 (SPAD) a 22,78 % (PROD) no AI, e de 7,50 (MCG) a 22,66 % (PROD), no AEH. Elevadas estimativas de H^2 foram observadas, destacando-se, no AI, os valores para PROD (82 %) e SPAD (88 %) e, no AEH, para PROD (88 %), MCG (90 %) e CE (91 %). As estimativas de CVg comportaram-se de forma similar nos distintos ambientes, isto é, 10,36, 22,78, 13,80, 13,73 e 4,45, para MCG, PROD, CE, MS e SPAD, no AI e, de 7,49, 22,65, 8,75, 13,54 e 7,50, na mesma ordem anterior, no AEH. As estimativas de Iv desejadas, quando superiores à unidade, foram detectadas no AI, para PROD (1,21), MS (1,00) e SPAD (1,54) e, no AEH para MCG (1,78), PROD (1,57), CE (1,81) e SPAD (1,44). O CI almejado, quando próximo a 1,0, expressando menor interferência ambiental, revelou elevadas estimativas, no AEH, para PROD (0,71) e CE (0,77). As estimativas dos componentes genéticos foram mais elevadas na condição de *deficit* hídrico, indicando que a oportunidade de sucesso na seleção pode ser maximizada em tais condições. Métodos simples de seleção poderão ser utilizados para se obter ganhos satisfatórios.

Palavras-chave: seca; linhagens; seleção.

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.

COMPONENTES PRINCIPAIS QUANTO A COMPOSIÇÃO BROMATOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM

Edson Fernando Braga da Silva¹; Cíntia Machado de Oliveira Moulin Carias¹;
José Henrique Soler Guilhen¹; Adésio Ferreira²; Marcia Flores da Silva
Ferreira³

¹Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Exatas.
^{1,2}Departamento de Agronomia, ^{1,3}Departamento de Biologia. *email:
edinho566@hotmail.com;

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie da família Fabaceae, originário das Américas com importância social e econômica, por ser alimento básico de vários povos e uma das principais fontes de fibras, proteínas, lipídios, carboidratos e energia. No Espírito Santo o cultivo de feijão crioulo é prática comum em todo estado. Esses materiais são mantidos pelos produtores por apresentarem características que atendem suas necessidades e serem adaptados à região, entretanto pouco se sabe sobre a composição nutricional. Objetivou-se neste trabalho o estudo do comportamento de 20 genótipos de feijoeiro (crioulos e comerciais), em relação à composição bromatológica, sendo avaliados no sul do Espírito Santo. As características estudadas foram teor de cinzas, carboidratos, fibras, umidade, proteína, lipídios e energia nos grãos. O experimento foi conduzido no esquema experimental de blocos ao acaso com três repetições. Os dados foram submetidos à análise de componentes principais e os dois primeiros explicaram 71,55% da variância contida nas variáveis originais. As variáveis com correlação alta e positiva foram proteínas e cinzas. Os genótipos com comportamento similares para teor de fibras foram G1 e G12 comerciais, G16 e G19 crioulos. Esta característica é importante para o consumidor, pois contribui para melhor digestão, redução de colesterol e açúcar no sangue e na prevenção de doenças. Quanto aos carboidratos totais os genótipos comerciais G6 e G7 tiveram comportamentos próximos, enquanto para umidade e cinzas os genótipos mais associados foram os comerciais G11 e G15 e os genótipos crioulos G17 e G20. Para energia os genótipos comerciais G8, G9 e G13 foram os mais associados. Conclui-se que genótipos apresentam variações em relação aos caracteres estudados com comportamentos diferenciados independentes de serem crioulos ou comerciais.

Palavras-chave: Melhoramento genético; Feijão crioulo; características químicas.

Agradecimentos: CNPq, FAPES, CAPES

COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS ELITE DE ARROZ IRRIGADO EM ENSAIOS VCU'S EM MINAS GERAIS: SAFRA 2015/2016

Plínio Soares^{1*}; Raphael Gonçalves²; Gabriel Oliveira²; Moisés Reis³; Aurinelza Condé³; Paula Torga⁴

¹Pesquisador EPAMIG/ Sudeste; ²Bolsistas PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG; ³Pesquisadores EPAMIG /Sul; ⁴Pesquisadora Embrapa Arroz e Feijão. *plinio@epamig.br

O arroz, considerado um dos alimentos com melhor balanceamento nutricional, é uma cultura que apresenta ampla estabilidade a diferentes condições de solo e clima, sendo a espécie com maior potencial de aumento de produção, podendo contribuir decisivamente para a melhoria da nutrição e qualidade de vida do povo mineiro. O programa de melhoramento genético de arroz irrigado em Minas Gerais visa identificar genótipos com alto potencial produtivo e ótima estabilidade, sob diferentes condições ambientais, para serem lançados como novas cultivares. O ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) é a última etapa do programa de melhoramento antes do lançamento de novas cultivares. Os VCU's foram conduzidos com 25 genótipos, incluindo cinco testemunhas: Rio Grande, Ourominas, Seleta, Predileta e Rubelita. Estes foram implantados, em novembro de 2015, em condições de solos de várzeas irrigados por inundação contínua, em dois locais: Campo Experimental de Gortuba (CEGR), no município de Nova Porteirinha e no Campo Experimental de Leopoldina (CELP). Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, cujas parcelas foram constituídas de cinco fileiras de plantas de 5m de comprimento, espaçadas de 30 cm entre si. Como área útil da parcela, colheram-se os quatro metros centrais das três fileiras internas, totalizando 3,60m². A adubação foi realizada de acordo com a análise do solo e exigência da cultura. As características agrônômicas avaliadas foram: produtividade de grãos (kg ha⁻¹), floração (dias), altura de plantas (cm), peso de 100 grãos (g), dimensões de grãos, rendimento de grãos inteiros e perfilhamento. De acordo com os dados das análises de variância individuais e conjunta, não se constatou diferenças significativas entre os ambientes para a produtividade de grãos. Porém, para altura de plantas as diferenças foram significativas. Para produtividade de grãos, a média geral dos ensaios situou-se em 6416 kg ha⁻¹. Quanto à floração, a média foi de 103 dias, já para o porte de plantas, a média foi de 100 cm. No que concerne ao rendimento de grãos inteiros, a média dos ensaios foi de 61,00%. De acordo com os resultados obtidos nas safras anteriores e com os apresentados na atual safra, as linhagens elite com maiores chances de serem lançadas como cultivares são: CNAi 9091, BRA 02691 e BRA 031006.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo financiamento dos projetos de pesquisa e concessão de bolsas e à EMBRAPA Arroz e Feijão pelo fornecimento de germoplasma de arroz.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; Arroz de várzea; Lançamento de cultivares.

COMPORTAMENTO DO GRAU BRIX NO DIALELO DE HÍBRIDOS DUPLOS DE TOMATEIRO DE MESA

Daniele Aparecida Nascimento¹Rafael de Matos²; Mateus Hermann dos Santos²; Mateus de Lima Martins¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende².

1Faculdades Campo Real. 2Universidade Estadual do Centro Oeste.*dani123nas@gmail.com.

O tomateiro (*Solanum lycopersicum*) tem no fruto grande contribuição para o consumidor, seja consumido *in natura* ou processado pela indústria, definindo assim os rumos para um programa de melhoramento da espécie. O grau Brix é característica importante para o tomate que é utilizado para matéria prima, contribui incrementando qualidade na produção de derivados a indústria, contudo, o Brix elevado apresenta menor quantidade de água e maior proporção de sólidos solúveis. O objetivo deste trabalho foi quantificar os teores de sólidos solúveis totais de híbridos duplos do tipo caqui e italiano de crescimento indeterminado. Foi desenvolvido na Universidade Estadual do Centro Oeste localizada na cidade de Guarapuava, estado do Paraná, entre Dezembro de 2016 e Abril de 2017. Foram 36 materiais em três repetições, sendo 3 testemunhas (Pizzadoro™; Valerin™ e Alambra™) e 21 híbridos duplos originados da hibridação artificial entre híbridos simples comerciais, além de 6 híbridos simples e 6 materiais da geração F2 de cada um. O delineamento foi em blocos casualizados, com 10 plantas por parcela, totalizando 1.080 plantas. Sistema de condução por fitilho com duas hastes por planta. Foram colhidos 4 frutos de cada bloco de modo aleatório. Para a quantificação do °Brix foi utilizado Refratômetro da marca Atago®. Os parâmetros de comparação foram o °Brix entre os híbridos e utilizou-se análise de variância em todas as características avaliadas e aplicou-se o teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. Para as análises genético-estatísticas foi utilizado o programa SISVAR®. Houve diferença estatística entre os materiais avaliados, a testemunha Valerin™ e o Plutão™ foram os que obtiveram maiores °Brix entre os materiais comerciais com 4,48 e 4,65 respectivamente. Entre os materiais avaliados no processo de dialelo dos híbridos duplos, os resultados foram variados, mas o ponto principal é a escolha entre os pais que deve ser estudada particularmente. Os genes presentes nos tomates como alcobaça, Ryn e Nor, inseridos nos programas de melhoramento genético das empresas privadas e observados no campo na segregação da geração F2 dos materiais Pietra™, Compact™ e Plutão™ com a presença de frutos amarelos, e nesse contexto, não expressaram uma interferência direta na quantificação do grau brix dos materiais. O material que obteve o melhor resultado foi o cruzamento entre o Plutão™ e Compact™ com 4,73 e o tratamento que obteve o menor resultado foi o cruzamento Compact™ e Pietra™ com 3,57.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum* L.; Dialelo; Melhoramento.

COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM CULTIVADOS NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO

Sabrina Colodette Altoé¹; Edson Fernando Braga da Silva¹; José Henrique Soler Guilhen¹; Cíntia Machado de Oliveira Moulin Carias¹; Sônia Maria da Silva¹; Márcia Flores da Silva Ferreira²; Adésio Ferreira².

¹Universidade Federal do Espírito Santo. ²Professor Associado da UFES. *email: sabrinavni@hotmail.com;

O feijoeiro comum é a leguminosa de maior importância para consumo direto no mundo. No Brasil é alimento base da dieta dos brasileiros, sendo o país o terceiro maior produtor e o maior consumidor mundial. No estado do Espírito Santo, o cultivo do feijão é realizado em todo estado, principalmente por agricultores de base familiar que utilizam genótipos crioulos. Devido à grande utilização na alimentação humana, as propriedades nutricionais são alvos de pesquisa no feijoeiro comum, no intuito de avaliar sua composição centesimal, mineral e fatores antinutricionais. Neste contexto, objetivou-se com este trabalho, avaliar a variabilidade de feijão comum cultivados no Espírito Santo, quanto à composição de macro e micronutrientes. Foram estudados 30 genótipos de feijão crioulos e comerciais coletados nas regiões Sul e Serrana do Estado. Determinou-se os minerais Cu, Fe, Mn, Zn, K, Ca, Mg, por espectrofotometria de absorção atômica, e S, P e N por meio de espectrofotômetro UV-Visível. Os dados obtidos foram analisados pela metodologia de Componentes Principais. Os dois primeiros componentes principais para micronutriente explicaram 66,03% e para macronutrientes 58,88%, da variância contida nas variáveis originais. Para os micronutrientes a maior correlação ocorreu entre os teores de Cu e Zn e menor correlação entre Mn e Zn. Quanto aos macronutrientes os teores de Ca e Mg foram os mais correlacionados e os menos correlacionados foram Ca e K. Os genótipos que apresentaram maior teor de Cu, Zn e Mn foram G1, G2, G5 e G16. De modo geral o G26 foi o genótipo que apresentou a média dos seus compostos o mais próximo da média geral. Os genótipos que apresentaram maior teor de K, Mg, P e Ca foram G1, G3, G10, G11, G12, G26 e G30. De modo geral o G14 e G26 foram os genótipos que apresentaram a média dos seus compostos o mais próximo da média geral. Os micronutrientes Cu e Zn e os macronutrientes Mg e Ca são os mais correlacionados. O genótipo G1 foi o que apresentou maior quantidade de nutrientes em termos gerais. Concluiu-se que existe uma variabilidade genética considerável na população em estudo.

Palavras-chave: Componentes principais; Genótipos; Minerais

Agradecimentos: CNPQ, FAPES, CAPES, UFES, EMBRAPA, INCAPER

CONTRIBUIÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA À BRUSONE EM CULTIVARES BRASILEIRAS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

José Manoel Colombari Filho^{1*}; Bruna Carla Fagundes Crispim²; Érico Campos Dianese³; Aluana Gonçalves de Abreu¹; Paulo Hideo Nakano Rangel¹

¹Pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO. ²Doutoranda, Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO. ³Professor, Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO.

*E-mail: jose.colombari@embrapa.br

A ampliação da base genética tem sido proposta como uma estratégia do programa de melhoramento de arroz da Embrapa, com vista em aumentar a disponibilidade de alelos de interesse a serem concentrados por meio de seleção, evitar a ocorrência de platô de ganhos genéticos e reduzir a vulnerabilidade genética a doenças, como a brusone (*Magnaporthe oryzae*), a mais danosa. O objetivo deste trabalho foi identificar e quantificar a contribuição de fontes de resistência à brusone na genealogia de 14 cultivares de arroz de terras altas, registradas pela Embrapa entre 1986 e 2013. Para isto, foram construídas as genealogias até o último ascendente identificado, com base em publicações e informações de registros genealógicos de institutos de pesquisa. Os resultados revelaram sete fontes, sendo duas melhoradas (Colombia 1 e Dawn) e cinco variedades tradicionais (IRAT 13, Três Marias, Salumpikit, Tetep e OS 6). Colombia 1, do CIAT, foi a que mais contribuiu nas genealogias, em dez cultivares, com participação entre 6,25% e 25%. Em seguida, está IRAT 13, da África, com contribuição entre 1,56% e 50,0% em nove cultivares. O ancestral OS 6, também da África, apesar de estar na genealogia de quatro cultivares, apresentou baixas contribuições, entre 1,56% e 7,81%, por estar ao menos cinco gerações de ascendência das cultivares. Até 1999, apenas uma ou duas fontes estavam presentes na genealogia das cultivares lançadas. BRS Primavera, de 1997, a primeira cultivar de terras altas com qualidade de grãos longo e fino, apresenta suscetibilidade à brusone, que pode ser atribuída, entre outros, ao fato de ter apenas 12,5% de Dawn, e majoritariamente genitores dos EUA, para qualidade de grãos, sensíveis a diversos patótipos de *M. oryzae*. A partir de 1999, observou-se maior diversidade de fontes na genealogia das cultivares, decorrente de cruzamentos desde a década de 1990 visando a incorporação de maior número de alelos de interesse provenientes até mesmo de fontes brasileiras, como Três Marias, que tem se demonstrado resistente à brusone e que participou com 12,50% da base genética de BRS Sertaneja, de 2006. Por fim, destaca-se a última cultivar lançada, a BRS Esmeralda, de 2013, que reúne os esforços perseguidos pelo programa desde o lançamento de BRS Primavera, de associar excelência em qualidade de grãos com maior espectro de resistência à brusone, com 23,4% da sua base genética derivada de IRAT 13, Colombia 1, Dawn e OS 6.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; *background* genético; *pedigree*.

CONTROLE GENÉTICO DA TAXA DE ACÚMULO DE MATÉRIA SECA NOS GRÃOS DE FEIJÃO

Reberth Renato da Silva^{1*}; Scheila Roberta Guilherme²; Magno Antônio Patto Ramalho³

¹Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas–UFLA/Lavras, MG, Brasil.² Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas–UFLA/Lavras, MG, Brasil.
³Professor Melhoramento de Plantas–UFLA/Lavras, MG, Brasil. *E-mail: reberthrenato@hotmail.com .

Um dos desafios dos melhoristas de feijão é tentar selecionar plantas/linhagens que apresentem o florescimento precoce e possuam uma maior duração do número de dias para o completo enchimento dos grãos e associar a uma taxa alta de acúmulo de matéria seca por dia (TAMS). Contudo, não se tem informação a respeito da variabilidade na TAMS entre as linhagens de feijão e muito menos do seu controle genético. O objetivo desse trabalho foi avaliar a variabilidade da TAMS e o seu controle genético no feijoeiro. Para isso foi realizado um cruzamento dialélico envolvendo genitores/linhagens de dois “pool gênicos” Andino e Mesoamericano, e também diferindo na época em que foram obtidas. Devido a ocorrência de incompatibilidade das 45 combinações híbridas esperadas foram obtidas 39. Esses 39 híbridos juntamente com os dez genitores, foram avaliados em experimento semeado em outubro de 2014. Anotou-se o número de dias para o florescimento e utilizando uma amostra de cinco vagens/parcela, de tamanho semelhante, tomada a intervalos regulares de sete dias, foi obtida a matéria seca dos grãos. Considerando como variável independente (X) o dia da amostragem após o florescimento e como variável dependente (Y) a matéria seca do grão, foi obtida uma equação de regressão logística por parcela. O b desta regressão corresponde a taxa de acúmulo de matéria seca nos grãos. Essa estimativa de TAMS foi submetida a análises de variâncias e com as médias foram efetuadas as análises dialélicas segundo o modelo II de Griffing (1956). Constatou-se que ocorre variabilidade entre os genótipos avaliados, e que predomina os efeitos aditivos no controle da TAMS.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Melhoramento genético; Enchimento de grãos.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

CONTROLE GENÉTICO DA TAXA DE ACÚMULO DE MATÉRIA SECA NOS GRÃOS DE MILHO

Rita de Kássia Siqueira Teixeira¹; Maiara de Oliveira²; Reberth Renato da Silva³; Magno Antonio Patto Ramalho⁴

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras, MG, Brasil. Bolsista

CAPES – email: ritadekassias@gmail.com

² Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – ESALQ/Piracicaba, SP, Brasil.

³ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras, MG, Brasil.

⁴ Professor Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras, MG, Brasil.

Os programas de melhoramento tem como foco a produtividade, que é em última análise o resultado do acúmulo de matéria seca nos grãos (MSG). Essa por ser turno depende da taxa e a duração do período de acúmulo de MSG. O comportamento de híbridos de milho tropicais com relação a MSG e principalmente informações do seu controle genético são escassas. Assim, esse trabalho teve como objetivo obter informações do controle genético do número de dias para a maturidade fisiológica (NDMF), taxa de enchimento de grãos (T) e número de grãos por planta (NG). Para isso foi realizado um cruzamento dialélico envolvendo dez híbridos simples comerciais e uma população de polinização aberta. Os híbridos e genitores foram avaliados em experimento conduzido em Lavras, MG, semeadura em janeiro de 2016. Considerando uma amostra de 100 grãos por planta, a partir de dez dias após o florescimento feminino eram coletados a matéria verde e seca dos grãos e posteriormente o processo era repetido a intervalos de sete dias até a maturidade fisiológica. A estimativa de T foi obtida por parcela, considerando o b da regressão logística envolvendo como variável independente o número de dias a partir do florescimento e a dependente o teor de MSG. Os dados foram submetidos a análises de variâncias e com as médias foram efetuadas as análises dialélicas segundo o modelo I de Griffing (1956). Constatou-se que existe variação para os três caracteres entre as populações avaliadas; apenas o caráter NDMF apresentou efeito recíproco; para todos os caracteres a contribuição dos alelos de efeito aditivo e de dominância foram equivalentes; não foi possível identificar nenhuma população que associasse maior NDMF, T e número de grãos por planta.

Palavras-chave: Zea mays; camada preta; genética quantitativa.

Agradecimentos: CAPES, FAPEMIG e Monsanto.

CORRELAÇÃO ENTRE AS ÉPOCAS DE CORTE EM GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO

Gabrielle Lombardi^{1*}; Daniela Ornelas¹; Mayra Moura¹; Patrícia Navegantes¹; Carlos Pereira¹; José Nunes¹ Rafael Parrella².

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Milho e Sorgo.
*gabriellelombardi@hotmail.com.

O sorgo sacarino tem sido apontado como uma cultura promissora para produção de bioetanol no Brasil, por sua produção de açúcares diretamente fermentáveis e sua alta produtividade de biomassa. O conhecimento do comportamento dos genótipos de sorgo sacarino em diferentes épocas de corte é importante para o planejamento agroindustrial da matéria-prima, assim como a correlação entre as épocas de corte. O objetivo deste trabalho foi estimar as correlações fenotípicas e ambientais entre diferentes épocas de corte para alguns caracteres agroindustriais de sorgo sacarino. Foram avaliados 20 genótipos em experimentos conduzidos nas localidades de Lavras/MG e Sete Lagoas/MG sob quatro épocas de corte (97, 111, 125 e 139 dias após a semeadura - DAP) no ano agrícola de 2014/2015. Os experimentos foram implantados segundo o delineamento látice retangular triplo 4 x 5, sendo os tratamentos dispostos num esquema de parcelas subdivididas 20x4. Os caracteres avaliados foram produção de massa verde (PMV), sólidos solúveis totais (SST) e toneladas de Brix por hectare (TBH). Os resultados foram submetidos à análise de variância conjunta. Foram estimadas as correlações fenotípicas e ambientais, sendo a significância da correlação fenotípica testada via bootstrap e da correlação ambiental via teste t. Houve diferença entre os genótipos e entre as épocas de corte, bem como foi constatado um comportamento diferencial dos genótipos de sorgo sacarino ao longo das épocas de corte. As correlações fenotípicas entre os cortes para SST foram positivas e elevadas ($r > 0,7$), indicando uma regularidade no padrão de acúmulo de SST no colmo no período de 97 a 139 DAP. Para os caracteres PMV e TBH, correlações fenotípicas positivas e elevadas ($r > 0,77$) foram mais presentes entre os cortes aos 111, 125 e 139 DAP. Este fato está relacionado com a fenologia da cultura, em que o crescimento vegetativo praticamente cessa após o florescimento, que se deu em média aos 88 DAP. Contudo para TBH também foi observada correlação fenotípica significativa com o corte aos 97 DAP. Vale ressaltar que para todos os caracteres, as correlações ambientais foram de baixa magnitude, o que sugere que esta elevada associação esteja mais relacionada com causas genéticas. Ademais, sugere-se uma viabilidade de identificar genótipos potenciais em cortes mais precoces, todavia em observância que o acúmulo de SST no colmo é iniciado e acentuado a partir do florescimento. Assim, o corte de avaliação e seleção deverá invariavelmente ocorrer após o florescimento.

Palavras-chave: Sorghum bicolor; desempenho agroindustrial; interação genótipo x corte.

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E QUÍMICAS EM HÍBRIDOS DE SORGO BIOMASSA

Ruane Alice da Silva¹; Pedro César de Oliveira Ribeiro²; Isadora Cristina Martins Oliveira²; Rafael Augusto da Costa Parrella^{3*}; Pakizza Sherma da Silva Leite⁴ Michele Jorge Silva²; Nádya Nardely Lacerda Durães Parrella¹

¹Universidade Federal de São del- Rei. ²Universidade Federal de Viçosa. ³Embrapa Milho e Sorgo. ⁴Universidade Federal de Lavras *rafael.parrella@embrapa.br

O sorgo biomassa se apresenta como excelente alternativa para incrementar a matriz energética renovável do Brasil. Sua biomassa pode ser utilizada para a produção de etanol de segunda geração e para cogeração de energia através da queima. Com isso, os programas de melhoramento vêm buscando cada vez mais a seleção de híbridos com alto potencial produtivo e alta qualidade da biomassa. Como muitas características estão relacionadas a esses fatores, o estudo das correlações é essencial na busca de um ideótipo. Portanto, o objetivo desse trabalho foi estudar a associação entre as características agronômicas e químicas de híbridos de sorgo biomassa. O experimento foi conduzido na safra 2015/2016, em área experimental da Embrapa Milho e Sorgo, onde foram avaliados 23 híbridos experimentais de sorgo biomassa e 2 híbridos de sorgo forrageiro como testemunhas. O delineamento experimental foi em DBC, com parcelas constituídas por 2 fileiras de 5 metros, e espaçamento de 0,7 m, compostas por 3 repetições. As características avaliadas foram: altura de plantas (ALT) em metros, produção de massa verde (PMV) em t.ha⁻¹, produção de matéria seca (PMS) em t.ha⁻¹, fibra detergente neutro (FDN), fibra detergente ácido (FDA), teores de celulose (CEL), hemicelulose (HEM) e lignina (LIG) em %. Com o auxílio do programa computacional GENES, foram realizadas as análises de variância e posteriormente estimados os coeficientes de correlação de Pearson. Os resultados obtidos para as características agronômicas ALT, PMV e PMS apresentaram correlação positiva acima de 0,60 e significativa, ou seja, os genótipos de maior altura apresentam maior PMV e PMS. Quanto às características químicas, todas apresentaram correlação entre si, variando de 0,71 a 0,97 e significativas. Com isso, o incremento em um dos caracteres químicos avaliados neste trabalho também promoverá incremento nos demais. Dessa forma, foi possível concluir por meio do estudo de correlações, que não há associação direta entre características agronômicas e químicas, mostrando ser possível obter híbridos com alta produção de biomassa, mas com baixo teor de lignina para produção de etanol de segunda geração e com alto teor de lignina para cogeração de energia.

Palavras-chave: associação entre características; composição centesimal; lignina.

Agradecimentos: EMBRAPA MILHO E SORGO, FAPEMIG, CNPq.

CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS EM SORGO SACARINO

Pakizza Sherma da Silva Leite¹; Emily dos Santos Pereira²; José Airton Rodrigues Nunes¹; Ivan Dario Delgado¹; Yasmin Vasques Berchembrock¹; Jales Mendes Oliveira Fonseca¹; Rafael Augusto da Costa Parrella³

¹Universidade Federal de Lavras; ²Universidade Federal de Viçosa; ³Embrapa Milho e Sorgo

*E-mail: pakizza@hotmail.com

O melhorista de sorgo sacarino objetiva obter genótipos que reúnam fenótipos favoráveis para uma série de caracteres agrônômicos e industriais. Neste contexto, informações sobre as correlações entre os caracteres de natureza genética podem subsidiar a prática da seleção indireta ou multicausal. O objetivo deste trabalho foi estimar as correlações genéticas entre caracteres agroindustriais de sorgo sacarino. O experimento foi realizado no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras, no ano agrícola 2016/2017. Foram avaliadas 196 progênies desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Sorgo da Embrapa Milho e Sorgo. Adotou-se o delineamento experimental látice simples 14 x 14 e parcela de uma linha de 5 m de comprimento e espaçadas entre si em 0,6 m. Foram mensurados os seguintes caracteres: dias para o florescimento (FLOR), altura de planta (m, AP), produção de massa verde (t/ha⁻¹, PMV), teor de sólidos solúveis totais (°Brix, SST) e toneladas de brix por hectare (t/ha⁻¹, TBH). Os dados foram submetidos à análise de variância e obtidas as correlações genéticas entre os caracteres utilizando o software Genes. Para todos os caracteres, foram observadas diferenças significativas, possibilitando uma maior confiança nas estimativas dos coeficientes de correlação entre os caracteres. Com relação a estimativa de correlações genéticas, o caráter TBH apresentou uma alta correlação positiva com o PMV (0,96) e com o SST (0,93), indicando que os genótipos mais produtivos também apresentaram altos teores de sólidos solúveis totais. Outras correlações genéticas positivas e elevadas foram entre: FLOR x SST (0,95); FLOR x TBH (0,78) e AP x SST (0,96). Com isso, pode-se inferir que genótipos mais tardios associaram maior rendimento em açúcares. As estimativas de correlações genéticas obtidas sugerem a possibilidade de ganho futuro com a seleção indireta ou mesmo com seleção para múltiplos caracteres, uma vez que estas associações fortes e positivas são decorrentes da ação de genes ligados ou pleiotrópicos. Logo, remetendo a uma associação durável, especialmente dependendo da distância entre estes genes controladores das expressões dos caracteres ou da fração da covariação devido à pleiotropia existente. Conclui-se ainda que o uso do índice TBH (PMV x SST x %CALDO EXTRAÍDO) é viável e bem justificado pelas estimativas das correlações genéticas garantindo ganhos com a seleção para os caracteres agroindustriais.

Palavras-chave: *Sorgum bicolor*; seleção indireta; melhoramento genético

Agradecimentos: FAPEMIG; CAPES; CNPq

CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS E EFICIÊNCIA DE NITROGÊNIO EM HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO avaliados em condições contrastantes de nitrogênio

Leandro Tonello Zuffo¹; Wemerson Mendonça Rezende¹; Tatiane Freitas Horta Trindade¹; Lorença Barroso Guimarães¹; Mateus Cupertino Rodrigues¹; Rodrigo Oliveira DeLima¹;

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *rodrigoodelima@ufv.br

Os híbridos de milho respondem diferentemente a disponibilidade de nitrogênio (N) no solo, e eles apresentam estratégias distintas para manter altas produtividades de grãos em condições de estresse de N. Além disso, as magnitudes e sentido das associações entre caracteres agronômicos e de eficiência de N podem ser alteradas pelo estresse. Assim, o objetivo desse trabalho foi empregar análise de correlação canônica para estudar associações entre o grupo de caracteres relacionados a produtividade de grãos e o grupo de caracteres formados pelos caracteres relacionados aos índices de N. Para isso, 87 híbridos comerciais de milho foram avaliados em dois experimentos: baixo N (sem aplicação de N no solo) e alto N (200 kg ha⁻¹ N) na Estação Experimental de Coimbra, Coimbra - MG, pertencente a Universidade Federal de Viçosa. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,80 m e com população final de 62.500 plantas ha⁻¹. Os caracteres agronômicos avaliados foram: número de fileiras (NF), comprimento de espiga (CE, cm), profundidade de grão (PF, mm), massa de 1000 grãos (P1000, g), massa hectolétrica (PHE, g) e produtividade (PG, kg ha⁻¹). Os caracteres relacionados ao N foram: eficiência de utilização de N (EUtN), índice de colheita do N (ICN), teor de clorofila na folha da espiga (SPAD), absorção de N pós-antese (NPA) e eficiência de remobilização de N (ERN). Houve diferença significativa ($P < 0,05$) entre os híbridos para todos os caracteres avaliados em cada nível de N. Assim, há pelo menos um contraste de médias que difere de zero pelo teste de Scheffé. Em ambos níveis de N, apenas função canônica 1 obteve $P < 0,05$, pelo teste do qui-quadrado, portanto, este é o de interesse ao estudo. Em BN, houve correlação de 0,63, em AN, foi 0,65 entre os dois grupos. Foi verificado alta carga canônica em BN apenas para caractere EUtN, e correlações intergrupos foram estabelecidas, onde maiores valores de EUtN e NPA resultam em maior produtividade. No ambiente de AN, altas cargas canônicas foram verificadas para EUtN, ERN e PG e através das correlações intergrupos, observou-se que maior NPA e ERN resulta em produtividade de grãos mais elevadas. Conclui-se que existe dependência linear entre os componentes de produtividade e índices de N e, os caracteres que proporcionam aumento de produtividade variam de acordo com o nível de N.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; análise multivariada; utilização de nitrogênio.

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo suporte financeiro.

CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA EM DIFERENTES GERAÇÕES

Gustavo André Colombo¹; Edmar Vinícius de Carvalho²; Raphael Camargo Rufoni²; Joenes Mucci Peluzio³

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas – IFAM, *campus* Maués. ²Universidade Federal do Tocantins – UFT, *campus* Gurupi. ³Universidade Federal do Tocantins – UFT, *campus* Palmas. *E-mail do autor para correspondência: gustavo.colombo@ifam.edu.br

A produtividade de grãos é um atributo complexo, resultante da expressão e da associação de diferentes componentes, que são considerados pelo melhorista no processo de seleção de novos genótipos. O conhecimento do sentido e do grau de associação entre dois ou mais atributos, ainda em gerações iniciais de endogamia, pode contribuir para direcionar o programa de melhoramento, principalmente em relação ao processo de seleção dos genótipos mais promissores. Neste sentido, objetivou-se com o presente trabalho determinar a correlação fenotípica entre atributos agrônômicos, bem como seus efeitos diretos e indiretos sobre a produção de grãos, de vinte e uma populações segregantes de soja nas gerações F2, F3 e F4. Em cada geração, as populações foram conduzidas em campo, sob delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições, no município de Gurupi-TO, entre o período de 2014 a 2016. Foram avaliados os atributos número de dias para florescimento (NDF) e maturação (NDM), número de grãos por vagens (NGV), número de vagens por planta (NVP), massa de cem grãos (M100G) e produtividade de grãos por planta (PG). Foi realizada correlação genotípica em cada uma das gerações, para todos os atributos, e, posteriormente, realizado desdobramento das correlações em efeitos diretos e indiretos dos atributos de importância agrônômica sobre a produção de grãos. O NGV e M100G apresentaram correlação de baixa magnitude com PG, independente da geração, evidenciando pouca participação destes atributos sobre a produção final das plantas. Diferentemente, a PG apresentou correlação positiva e significativa com NVP nas três gerações ($r = 0,89^{**}$ em F2; $r = 0,87^{**}$ em F3; e $r = 0,79^{**}$ em F4), indicando que com o aumento do NVP resultará em incremento na produtividade de grãos. O atributo NVP apresentou maior efeito direto positivo sobre PG, independente da geração (0,884 em F2; 0,984 em F3 e 0,972 em F4), apesar de efeitos nulos e negativos para sobre os demais atributos. Deste modo, o atributo número de vagens pode ser considerado como uma boa opção no melhoramento da soja, no caso de seleção indireta para produtividade de grãos em gerações precoces.

Palavras-chave: *Glycine max*; seleção precoce; associação de caracteres.

Agradecimentos: Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas; À Universidade Federal do Tocantins e a Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES).

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS

Yasmin Vasques Berchembrock^{1*}; Cinthia Souza Rodrigues¹; Antonio Rosário Neto¹; Tácio Peres da Silva¹; Camila de Souza Rodrigues¹; Flávia Barbosa Silva Botelho¹

¹Universidade Federal de Lavras – UFLA. *E-mail do autor para correspondência: yavasques@yahoo.com.br.

Os programas de melhoramento da cultura de arroz (*Oryza sativa* L.) possuem como objetivo principal a obtenção de cultivares altamente produtivas associadas a outras características de interesse, tais como, caracteres agronômicos, resistência a pragas e doenças, formato e qualidade de grãos, menores alturas de plantas e ciclo precoce. Nesse contexto, o conhecimento da correlação entre caracteres é de grande importância para o melhoramento, pois a seleção para um caráter pode influenciar positiva ou negativamente em outro. O trabalho teve como objetivo a estimação de correlações fenotípicas, genéticas e ambientais a fim de avaliar a possibilidade de aplicação da seleção indireta e, por conseguinte, da resposta correlacionada com a seleção. Foram avaliadas 20 linhagens elites em dois locais, Lavras-MG e Lambari-MG, em delineamento de blocos casualizados com três repetições. As características agronômicas avaliadas foram produtividade de grãos (PROD, kg/ha), dias para o florescimento (DF), altura de plantas (ALT, cm) e resistência aos patógenos: brusone do pescoço (*Pyricularia grisea*) (BP), escaldadura da folha (*Gerlachia oryzae*) (ESC) e mancha de grãos (*Phoma sorghin*), ambos avaliados por escala de notas variando de 1 a 9, no qual 1 representa linhagens resistentes e 9 altamente suscetíveis. Posteriormente, foram obtidas as correlações entre essas características. As correlações significativas ($p < 0,05$) variaram de -0,54 (DF, BP) a 0,62 (ESC, BP), -0,96 (PROD, BP) a 0,77 (ESC, BP) e -0,21 (PROD, DF) a 0,27 (BP, MG) sendo fenotípica, genética e ambiental respectivamente. Os resultados evidenciaram a possibilidade de seleção indireta, relacionando genótipos mais produtivos e precoces com menores incidências dos patógenos. Além disso, considerando as características dias para o florescimento e produtividade de grãos, observou-se que as correlações fenotípicas e genéticas foram de alta magnitude e positivas, podendo inferir, a princípio, que a seleção de plantas com florescimento tardio é associada às mais produtivas. Contudo, de acordo com a variabilidade observada entre as linhagens, considerando as características produtividade e número de dias de florescimento, é possível selecionar no programa de melhoramento genótipos produtivos e precoces, fato favorável à cultura de arroz de terras altas.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; Correlações; Seleção indireta

Agradecimentos: CAPES; FAPEMIG.

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS EM MILHO

José Arantes Ferreira Júnior¹; Vivane Mirian Lanhelas Gonçalves²; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves³; Nayara Norrene Lacerda Durães⁴; Jocarla Ambrosim Crevelari⁵; Valdinei Cruz Azeredo⁶; Messias Gonzaga Pereira⁷

1, 2, 3, 4, 5, 6, e 7 Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes. *E-mail do autor para correspondência: josearantes1@hotmail.com

De forma geral o rendimento de grãos é a característica mais importante para a cultura do milho. Em razão da natureza poligênica, é de suma importância o conhecimento das relações existentes entre os caracteres agronômicos, que permita obter ganhos para a referida característica a partir da seleção indireta. O presente trabalho objetivou estimar as correlações existentes entre caracteres agronômicos em milho obtidos em famílias de irmãos completos pertencentes ao 16^o ciclo de seleção recorrente recíproca. O ensaio foi instalado no Colégio Agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes-RJ, no ano agrícola 2016/17. Foram consideradas neste estudo 196 famílias de irmãos completos, oriundas do cruzamento entre indivíduos das populações CIMMYT 15 e Piranão 15. Utilizou-se o delineamento experimental látice quadrado 14 x 14 com três repetições, totalizando 588 unidades experimentais. Os caracteres considerados foram: Altura de Plantas (AP), Altura de Espigas (AE), Número de Espigas (NESP), Número de Espigas Doentes (NED), Número de Espigas Atacadas por Praga (NEP), Peso de Espigas (PES), Peso de cem sementes (P100) e Rendimento de Grãos (REND). As variáveis supracitadas foram submetidas à análise de correlação de Pearson por meio do software SAS. Os pares de caracteres PES e REND (0,97), NESP e REND (0,63), NESP e PES (0,62), apresentaram as maiores estimativas de correlações positivas e altamente significativas. Diante deste resultado é importante destacar que a seleção com base no caráter PES poderá ser utilizada para obtenção de ganhos no rendimento de grãos. Ainda apresentaram correlações altamente significativas os caracteres NED e NEP (0,32) e AE e NESP (0,28). Já era esperado que o aumento do número de espigas atacadas por pragas, resultaria no maior número de espigas atacadas por doenças, uma vez que, o ataque de pragas abre portas potenciais para maior incidência de microorganismos. Conclui-se que a partir destas informações é possível estabelecer estratégias de seleção que permitirão maiores ganhos nos próximos ciclos de seleção.

Palavras-chave: *Zea mays*; Pearson; seleção recorrente recíproca

Agradecimentos: UENF, CAPES e FAPERJ

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE CRAMBE CULTIVADO EM DIFERENTES LOCAIS E ANOS

Ubieli Alves Araújo Vasconcelos¹; Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho¹; Gabriela Maria Aparecida¹; Raphael Marra Giardini¹; Thais Roseli Corrêa¹; Luiz Antônio dos Santos Dias¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, 36.570-900, Viçosa, MG, Brasil. *E-mail: ubieli_araujo@hotmail.com

O Crambe (*Crambe abyssinica* Hochst) é uma planta oleaginosa de grande importância para produção de biodiesel e outros produtos, sendo as sementes seu principal produto por possuir alto teor de óleo (34% a 38%). O conhecimento das associações entre caracteres, como estimadas pelas correlações, é de relevância no melhoramento. Para tanto, processaram-se análises de trilha tendo como caráter principal a produtividade de grãos de sete genótipos, cultivados em sete ambientes, durante dois anos. As cultivares FMS Brilhante, Cv galáctica, Cv Mario e as linhagens FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105 e FMS CR 1202 foram avaliadas. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas com 200 plantas foram formadas por 4 linhas de 10 m, espaçadas de 0,50 m, com espaçamento entre plantas de 0,20m. Foram avaliadas dez plantas em cada uma das duas linhas centrais de cada parcela, sendo mensurado a produtividade de grãos (PROD), diâmetro do caule (DC), altura do primeiro ramo produtivo (APRP), peso de mil sementes (PMS) e número de ramos (NR). A análise de correlações entre os caracteres foi processada a partir da matriz de covariância fenotípica através de análise de trilha. Pela análise de trilha, os caracteres PMS e DC foram os que apresentaram maior correlação positiva (0,9485 e 0,9132, respectivamente) e efeito direto alto (0,5936 e 0,5089, respectivamente) com PROD, indicando que a seleção para eles pode proporcionar ganhos satisfatórios nesse último. Em relação ao efeito indireto, PMS foi à característica que mais contribuiu (0,5297). Resultado semelhante de correlação alta e positiva (0,8728) e efeito direto baixo e negativo (-0,2118) foi observado para NR. Os quatro caracteres estudados diferiram em seu grau de influência direta sobre PROD, explicando satisfatoriamente o seu comportamento ou variação, visto que o coeficiente de determinação foi alto (0,9863) e o efeito residual baixo (0,1168). Os caracteres PMS e DC têm efeito direto sobre PROD do crambe, enquanto NR apresenta efeito direto negativo sobre ela.

Palavras-chave: Oleaginosa, caracteres agrônômicos, produtividade de grãos.

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE MORFOLOGIA DE RAÍZ E PARTE AÉREA EM LINHAGENS DE MILHO AVALIADAS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE FÓSFORO

Andreia Schuster¹; Thiago José da Silva¹; Gustavo de Paula Gruppi¹; Livia Gomes Torres¹; Naara Pinheiro Rocha¹; Rodrigo Oliveira DeLima^{1*}

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: schusteragronomia@gmail.com

Os estudos de morfologia radicular permitem conhecer a variabilidade genética e identificar genótipos mais adaptados a condições de estresse abiótico como, por exemplo, baixo teor de fósforo (P). Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi estimar as correlações fenotípicas entre caracteres de raiz e parte aérea em linhagens de milho em alto e baixo P. Para isso, um painel de 151 linhagens endogâmicas de milho do Programa Milho[®] da Universidade Federal de Viçosa foi avaliado em dois experimentos em casa-de-vegetação: um em alto (AP) e outro em baixo P (BP). Cada unidade experimental foi constituída de uma planta por vaso de 3,9 L, preenchidos com areia. As soluções nutritivas foram aplicadas por 30 dias a partir do 8º dia após a semeadura. O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizado no tempo com três repetições. A parte aérea e o sistema radicular foram coletadas no estádio V6. Os caracteres avaliados foram: dias até o V6 (DV6), diâmetro do colmo (DC, mm), altura de planta (cm), massa de parte aérea seca (MPAS, g), massa de raiz seca (MRS, g), razão massa de raiz seca/massa de parte aérea seca (MRS/MPAS, g g⁻¹), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), axial (CRA, cm) e total (CRT, cm), volume total de raiz (VTR, cm³), área superficial total de raiz (ASTR, cm²) e diâmetro médio de raiz (DMR, mm). Após a coleta dos dados, foi realizada uma análise de variância e, posteriormente, as correlações de Pearson entre as médias foram estimadas em cada nível de P. Em ambos os níveis de P, houve diferença significativa entre os caracteres avaliados (P<0,01). As correlações entre MPAS com ASTR, VTR, DC e DV6 foram positivas e altas, em AP. Em BP, as correlações foram médias e significativas para MPAS com ASTR e VTR. Em BP, a correlação entre CRL e DMR foi negativa e média, o que indica que a resposta dos genótipos ao estresse por falta de P é o aumento do número de raízes laterais, raízes com diâmetro inferior a 0,5 mm, e redução no diâmetro médio como consequência. Em BP, as correlações tenderam a ter menor magnitude e estimativas negativas, quando comparadas com AP. Isto se deve a resposta dos genótipos ao estresse causado pela deficiência de P. Conclui-se que há correlação entre caracteres de parte aérea e radicular que podem ser exploradas para a seleção de genótipos adaptados a condições de restrição de P.

Palavras-chave: Associação; *Zea mays* L.; estresse abiótico.

Agradecimento: FAPEMIG

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE FEIJÃO COMUM

Kamila Savala Pereira^{1*}; Cláudia Alessandra Castanharo¹; Vander André Berres¹; Leonardo Garahi Lopes¹; Jallerson Ribeiro de Souza¹; Liliam Silvia Candido¹

¹Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados-MS/Brasil. *Autor para correspondência: kamila_savala@hotmail.com

A produtividade de grãos é uma das principais características do feijoeiro. Entretanto, diversas características morfológicas estão associadas a produtividade de grãos. Assim, estudar a correlação entre essas características pode proporcionar ao melhorista a possibilidade de boa resposta correlacionada, ou seja, a obtenção de ganhos em duas características simultaneamente em cada ciclo de seleção, com a seleção indireta. Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais entre caracteres morfoagronômicos de linhagens de feijão-comum. O experimento foi conduzido na fazenda experimental da UFGD, em Dourados-MS, semeado em novembro do ano de 2016, na safra das águas. Foram instaladas 19 linhagens em blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliadas a altura de plantas (AP), a altura da inserção da primeira vagem (IV), o diâmetro de hipocótilo (DH), a produtividade (PROD), a massa de 100 grãos (M100), o número de vagens por planta (NVP) e o número de grãos por vagem (NGV). De maneira geral, as correlações genotípicas foram maiores do que as fenotípicas, e as correlações ambientais foram baixas e não significativas, o que sugere a possibilidade das características avaliadas serem governadas por genes em comum. Constatou-se correlação genotípica positiva alta e significativa para os pares AP x IV (0,77**) AP x DH (0,63**) IV x DH (0,59**) e PROD x NVP (1,05**). No último caso, o diagnóstico de multicolinearidade apontou colinearidade fraca, com o número de condição igual a 33, o que não constitui problemas para a análise. Também foi verificado alta correlação fenotípica entre PROD e NVP (0,86), indicando que quanto maior o número de vagens por planta maior será a produtividade. Entretanto, as correlações fenotípica e genotípica entre NGV e PROD foram baixas, apesar de significativas, 0,4546** e 0,4681**, respectivamente. Isso sugere que as plantas mais produtivas possuem mais vagens, porém as vagens não necessariamente possuem muitos grãos, haja vista a ausência de significância estatística da correlação fenotípica entre NGV e NVP e a correlação genotípica entre as duas características ter sido baixa (0,42**). Assim, com essas informações, estudos mais aprofundados como o desdobramento dessas correlações poderão ser realizados para melhor compreensão da relação entre as características avaliadas e com isso auxiliar o processo de seleção.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; correlação genética; produtividade.

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS E ANÁLISE DE TRILHA ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM GENÓTIPOS DE MILHO DESTINADOS A PRODUÇÃO DE SILAGEM

Jocarla Ambrosim Crevelari¹; Flávia Nicácio Viana²; Nayara Norrene Lacerda Durães³; Laila Cecília Ramos Bendia⁴; José Arantes Ferreira Júnior⁵; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves⁶; Messias Gonzaga Pereira⁷.

^{1,2,3,6,7,8}Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.

⁴Laboratório de Zootecnia (LZNA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ.

Email: ¹jcrevelari@yahoo.com.br

Os coeficientes de correlação, apesar de serem utilizados na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos não permitem conclusões sobre causa e efeito. A análise de trilha possibilita entender as associações entre caracteres e decompor a correlação existente entre esses efeitos através de uma variável principal e as variáveis explicativas. O objetivo deste trabalho foi estimar os coeficientes de correlações fenotípicas e os desdobramentos das correlações em efeitos diretos e indiretos pela análise de trilha entre caracteres agronômicos em genótipos de milho destinados a produção de silagem. Foram avaliados oito híbridos *topcrosses*, e sete testemunhas em delineamento experimental de blocos casualizados com seis repetições em dois ambientes, nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara - RJ, respectivamente no ano agrícola 2015/2016. Avaliaram-se os seguintes caracteres agronômicos: altura de plantas, altura de inserção da primeira espiga, diâmetro do colmo, número de espiga, produtividade de espiga com palha no ponto de silagem; produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem; produtividade de grãos no ponto de silagem, proporção de grãos na massa verde e produtividade de massa verde. As maiores estimativas de correlação fenotípica foram obtidas entre as variáveis produtividade de espiga sem palha e produtividade de grãos e entre produtividade de espiga com palha e produtividade de espiga sem palha com magnitudes de 0,93 e 0,92 respectivamente. O coeficiente de determinação foi elevado, indicando que os componentes avaliados explicam grande parte da variação existente na produtividade de massa verde. A análise de trilha demonstrou que o caráter com maior efeito direto sobre produtividade de massa verde foi produtividade de espiga com palha no ponto de silagem, associada à alta correlação ($r=0,90$) e a produtividade de grãos no ponto de silagem com ($r=0,63$). A produtividade de espiga com palha e a produtividade de grãos apresentaram maior contribuição para produtividade de massa verde, demonstrando a possibilidade de se obterem ganhos significativos por meio da seleção indireta.

Palavras-chave: *topcrosses*; produtividade; híbridos.

Agradecimentos: UENF e FAPERJ

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE ARROZ

Gabriel Mendes Villela¹; Isabela Pereira de Lima¹; Rucyan Walace Pereira¹; Reinaldo Soares Cazassa¹; Amanda Mendes de Moura¹; Adriano Pereira de Castro²; Flávia Barbosa Silva Botelho¹

¹Universidade Federal de Lavras (UFLA). ²Embrapa Arroz e Feijão.
*gabrielmendesagro@gmail.com.

O arroz é um cereal de grande importância para uma parcela da população mundial e desempenha um papel econômico e estratégico em alguns países. A correlação entre caracteres é útil no melhoramento de plantas, pois pelos coeficientes é possível obter respostas genéticas ou não, entre dois ou mais caracteres de forma direta ou indireta. Dessa forma objetivou-se estudar as correlações fenotípicas entre os caracteres considerados como componentes de produção do arroz de terras altas com produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) propriamente dita. Os experimentos foram realizados na safra 2014/2015 em dois locais, Lavras/MG e Lambari/MG. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com três repetições e 34 linhagens do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras em convênio com a Embrapa. Cada parcela era constituída por $4,2\text{m}^2$. De cada parcela foram aleatorizadas dez panículas com o objetivo de estimar os componentes de produção. As variáveis avaliadas foram números de espiguetas por panículas, espiguetas cheias (%), números de panículas/ m^2 e produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). Realizou-se ANAVA conjunta para cada caráter, com médias ajustadas, obedecendo a um modelo linear de efeitos fixos para local, linhagem e a interação. As variáveis foram submetidas à análise de correlação de Spearman, com base em dados médios provenientes da análise conjunta. A significância dos coeficientes foi avaliada pelo teste t. As análises estatísticas foram realizadas com o programa GENES. O resumo da ANAVA conjunta demonstrou que os tratamentos diferenciaram-se, significativamente, para todos os caracteres, ou seja, há variabilidade genética entre as linhagens avaliadas. Dentre as correlações fenotípicas estimadas destaca-se a obtida entre os caracteres panículas/ m^2 e número de espiguetas/panícula, de $-0,48$ demonstrando que ao aumentar o número de panículas há uma possível diminuição do número total de espiguetas em cada panícula. Já a correlação entre produtividade ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e espiguetas cheias (%), apresentou, como esperado, estimativa significativa e positiva no valor de $0,54$ demonstrando que a esterilidade em arroz de terras altas é um fator que afeta fortemente a produtividade de grãos. Assim, o melhorista deve adotar a estratégia de seleção de linhagens visando a redução da porcentagem de espiguetas estéreis, vislumbrando o aumento de produtividade de grãos na cultura do arroz.

Palavras-chave: Arroz; Correlação fenotípica; Componentes de produção.

Agradecimento: Capes, CNPq e Fapemig.

CRUZAMENTO E AVALIAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO-CAUPI COM ALTOS TEORES DE FERRO E ZINCO, VISANDO IDENTIFICAR GENÓTIPOS POTENCIAIS PARA FUTUROS CRUZAMENTOS

Bárbara Almeida Gomes¹; Fábio Ribeiro Barros²; Layon Miguel Ramalho Lira³; Alane Brito Rodrigues⁴

¹ Graduanda Agronomia – UEMA/CESBA Balsas-MA/Brasil. *barbaralmeiidaa@hotmail.com. ²Professor Adjunto I - UEMA/CESBA Balsas - MA. ³Graduando Agronomia – UEMA/CESBA Balsas-MA/Brasil. ⁴Graduanda Agronomia – UEMA/CESBA Balsas

O feijão-caupi, feijão-de-corda ou feijão-macassar (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) possui extrema importância sócio-econômica no Brasil, por ser bastante cultivado, principalmente por agricultores familiares. O problema da fome e da baixa qualidade alimentar é bastante acentuado nas populações das regiões Norte e Nordeste do Brasil. O melhoramento genético de plantas é uma técnica que possibilita melhorias na qualidade nutricional do feijão-caupi, através da seleção de plantas, que possuem capacidade de produzir grão com altos teores de proteínas e de micronutrientes importantes (ferro e zinco) para a alimentação humana, beneficiando um grande número de pessoas. O presente trabalho objetiva realizar a seleção de plantas com características agricultáveis e biofortificadas, através do cruzamento entre genótipos. O experimento foi desenvolvido na cidade de Balsas- MA, em duas etapas: a primeira etapa consistiu em realizar cruzamentos entre os genitores MNC04-769F-55, MNC04-782F-108, MNC04-774F-78, MNC04 - 774F-90, BRS TUMUCUMAQUE com altos níveis de ferro e zinco, em casa de vegetação. E a segunda etapa consistiu em avaliar as progênies obtidas nos cruzamentos dos genitores, quanto aos descritores morfológicos e os níveis de ferro e zinco em campo, através das seguintes características: NRL - Numero de Ramos Laterais; NPV - Número de Pedúnculo com Vagem; ALTP - Altura de Planta (cm); NDIF - Número de Dias para Início da Floração; COM5V - Comprimento de Cinco Vagens (cm); P5V - Peso de Cinco Vagens (g); PG5V - Peso de Grãos de Cinco Vagens (g) e NG5V – Número de Grãos de Cinco Vagens. De onde se estimou os componentes: teste de média, coeficiente de variação e a herdabilidade, entre os caracteres, utilizado o teste f a 1 % de probabilidade. Os genótipos apresentam variabilidade genética para a maioria das características em estudo, sendo que apenas a característica Altura de Planta (ALTP) não apresentou diferença estatística significativa, fato condicionado pela herança dos progenitores que apresentavam porte ereto. No referido trabalho concluiu-se que as progênies em estudo apresentam potencial genético para a obtenção de linhagens próprias para qualidade de grãos arquitetura de planta e produtividade e que as estimativas de herdabilidade foram consideradas elevadas para as características NRL, NPV, NDIF, PG5V, NG5V.

Palavras chave: Biofortificação; Melhoramento Genético; *Vigna unguiculata* (L) Walp.

Agradecimentos: PIBIC/UEMA

CRUZAMENTOS TOPCROSSES EM MILHO: AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS E DESEMPENHO DOS HÍBRIDOS

Angelita Lorrayne Soares Lima Ragagnin¹, Andreia Somera¹, Maraiza Lima Costa¹, Willame dos Santos Candido², Edésio Fialho dos Reis^{*3}

¹ Graduanda em Agronomia - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

² Bolsista PNPd/CAPES - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

³ Professor Associado - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.
edesiofr7@gmail.com

Em programas de melhoramento de plantas, a seleção de progênies potenciais em gerações precoces de endogamia, é uma etapa importante para o sucesso dos programas de melhoramento. Diante disso, o emprego de cruzamentos topcrosses auxilia o melhorista na seleção de linhagens com potencial para gerar híbridos. Logo, objetivou-se com o presente trabalho, avaliar o comportamento de progênies S₂ de milho em topcrosses, avaliar o desempenho dos híbridos e estabelecer novas populações. Assim, foram gerados 75 híbridos topcrosses do cruzamento entre 75 linhagens S₂ (população MPA) com a geração F₂ do híbrido comercial AG 6040. Os 75 híbridos foram plantados em campo, juntamente com dois híbridos comerciais (AG 7098 PRO e SHS 5050) em delineamento em blocos ao acaso com 4 repetições e em parcelas de 4 metros. Foram analisados os caracteres: florescimento masculino e feminino, altura de planta e de espiga, diâmetro e comprimento de espigas, peso de espiga e de grãos. Foi feita a análise de variância, estimado a capacidade de combinação e a partir das médias foi feito o teste de Scott e Knott. Na fase seguinte, foram selecionados 14 híbridos topcrosses que se destacaram em produtividade, altura relativa da espiga ou resistência a doenças, esses híbridos foram recombinados gerando 14 populações híbridas e três sintéticos, cada um, composto por cinco famílias parcialmente endogâmicas (para maior produtividade, para melhor desempenho em relação a posição relativa da espiga e para maior resistência múltipla a doenças) e três testemunhas (Híbridos 30S31H, AG1051 e variedade AL-Bandeirantes). Estas populações foram plantadas em campo, em delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições em quatro linhas, de 4 metros cada, espaçadas de 90 cm, sendo utilizadas, como área útil, as duas linhas centrais. Avaliaram-se todos os caracteres da etapa anterior e o número de linhas na espiga e de grãos por linha. Para a primeira etapa do trabalho, os híbridos topcrosses que se destacaram para produtividade de grãos foram os compostos pelas linhagens 67, 14, 44 e 69 apresentando elevada CGC, indicando, assim, bom potencial para produção de sintético. Para a segunda etapa, os genótipos apresentaram diferenças em todas as características avaliadas, assim, as populações recomendadas para seguir no programa de melhoramento são as codificadas como: 3; 7; 8; 10; 14; 16 e 17.

Palavras-chave: melhoramento de milho; sintético; linhagem

Agradecimentos: FAPEG pelo aporte financeiro

CULTIVARES DE FEIJOEIRO-COMUM COM ALTOS TEORES DE FERRO, ZINCO E PROTEÍNA

Poliana Di Prado^{1*}; Luís Faria²; Válter Almeida³; Carlos Melo⁴; Antônio Costa⁵; Hélio Carvalho⁶; Maurício Martins⁷; Israel Pereira Filho⁸; Thiago Souza²; Patrícia Melo¹; Leonardo Melo²; Helton Pereira^{2**}

¹UFG. ²Embrapa Arroz e Feijão. ³Empaer-MT. ⁴Embrapa Soja. ⁵IPA. ⁶Embrapa Tabuleiros Costeiros. ⁷UFU. ⁸Embrapa Milho e Sorgo. *polianacarlioni@gmail.com
**Orientador.

Os objetivos deste trabalho foram: verificar a existência de variabilidade genética entre genótipos elite de feijoeiro-comum para teores de ferro (TFe), zinco (TZn) e proteína (TPt); e identificar genótipos que associem alto potencial para estes caracteres. Foram avaliados 34 genótipos, entre linhagens pré-comerciais, cultivares e cinco testemunhas, com diferentes tipos de grãos. Foram realizados 19 ensaios, nos Estados de GO, MT, MS, MS, PR, PE e SE e no DF, entre 2012 e 2014, nas épocas da seca, inverno e águas. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com duas repetições. Foram avaliados o TFe e TZn em 19 ambientes e o TPt em cinco ambientes. Foram realizadas análises de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott Knott, a 10% de probabilidade. Houve diferenças significativas entre os genótipos para os três caracteres na análise conjunta, o que indica a presença de variabilidade genética e que pode ser feita seleção dos melhores. As médias de TFe variaram de 51,9 mg kg⁻¹ (BRS Estilo) a 67,5 mg kg⁻¹ (Piratã 1). O grupo com os maiores TFe foi formado por 11 genótipos, dentre estes, quatro testemunhas (Piratã 1, Brasil 0001, G 6492 e Xamego). As médias de TZn variaram de 27,7 mg kg⁻¹ (IAC Diplomata) a 35,7 mg kg⁻¹ (Brasil 0001). A testemunha Brasil 0001 obteve o maior TZn, seguida de duas testemunhas (Xamego e Piratã 1). Um terceiro grupo foi formado por nove genótipos, considerados com bons TZn. As médias de TPt variaram de 23,4% (IPR Tuiuiu) a 30,3% (Brasil 0001). A testemunha Brasil 0001 obteve o maior TPt, seguida pelo grupo formado por 20 genótipos, considerados com bons TPt. A testemunha Brasil 0001 apresentou os maiores TFe, TZn e TPt, porém possui grãos marrons, que não são aceitos pelo mercado consumidor brasileiro. As testemunhas Piratã 1 (mulatinho), G 6492 e Xamego (pretos) também se destacaram pelos maiores TFe e bons TZn e TPt. Os genótipos que reuniram bons TFe, TZn e TPt foram: BRS Supremo (TFe=64,4 mg kg⁻¹, TZn=31,7 mg kg⁻¹ e TPt=25,6%) e CNFP 11995 (TFe=63,9 mg kg⁻¹, TZn=30,8 mg kg⁻¹ e TPt=24,6%), ambas com grãos pretos; e BRS Sublime (TFe=63,4 mg kg⁻¹, TZn=30,9 mg kg⁻¹ e TPt=25,6%), BRS FC402 (TFe=61,8 mg kg⁻¹, TZn=30,8 mg kg⁻¹ e TPt=26,7%) e BRS Cometa (TFe=64,2 mg kg⁻¹, TZn=30,7 mg kg⁻¹ e TPt=26,0%), com grãos do tipo carioca.

Palavras-chave: biofortificação; deficiência nutricional.

DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA E DESEMPENHO DE PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO COM POTENCIAL PARA PROLIFICIDADE

Andreia Somera¹ Angelita Lorrayne Soares Lima Ragagnin¹, Maraiza Lima Costa¹, Willame dos Santos Candido², Edésio Fialho dos Reis^{*3}

¹ Graduanda em Agronomia - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

² Bolsista PNPD/CAPES - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

³ Professor Associado - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí. edesiofr7@gmail.com

Em programa de melhoramento de milho, a endogamia é um fenômeno importante no processo de geração de linhagens assim como a avaliação do desempenho de progênies por meio de cruzamentos topcrosses. Logo, objetivou-se avaliar o efeito da endogamia em uma população de milho denominada TG-02 (potencial para prolificidade) originada de um ciclo de seleção recorrente na população original para a produção de grãos e avaliar o desempenho de híbridos topcrosses de milho, obtidos a partir do cruzamento de linhagens parcialmente endogâmicas (S_2). Na primeira etapa, foram autofecundadas plantas da população TG-02 e geradas 110 famílias S_1 , as quais foram conduzidas em campo juntamente com famílias da população original. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso com três repetições e parcelas de 3,0 metros com 15 plantas por parcela. Foram avaliados os seguintes caracteres: florescimento masculino e feminino, altura da planta e da espiga, comprimento e diâmetro da espiga, peso de espigas e grãos. Para todos os caracteres foi estimada a depressão por endogamia, as médias esperadas das linhagens totalmente endogâmicas e o efeito geral dos desvios da dominância. Na segunda etapa, 69 linhagens (S_2) de milho, que apresentaram baixa depressão por endogamia, foram avaliadas em esquemas topcross utilizando o híbrido comercial AG 6040, de base genética ampla, como testador. Os híbridos topcrosses foram avaliados na safrinha 2015/2016. O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com 4 repetições, e como testemunha foi utilizado o híbrido AG 1051. A parcela experimental foi constituída de 1 linha de 5 metros. Verificou-se, na primeira etapa, maior depressão por endogamia nos caracteres relacionados à produção o que indica que nestes caracteres foi mais expressivo a contribuição dos locos em heterozigose, sendo os efeitos aditivos menos importante do que os desvios de dominância. Na segunda etapa, o resultado da análise de variância indicou diferenças significativas em todos os caracteres a 1% de probabilidade, exceto para comprimento de espigas. As melhores estimativas da CGC para peso de grãos foram observadas nas progênies 51, 33, 17, 9, 3 e 67 apresentando-se com boa performance e perspectivas favoráveis para uso em programa de melhoramento.

Palavras-chave: híbrido; linhagem S_2 ; variedade sintética

Agradecimentos: FAPEG pelo aporte financeiro

DESEMPENHO AGRONÔMICO CULTIVARES DE SOJA COM AS TECNOLOGIAS RR E IPRO NO CERRADO BRASILEIRO

Andrei Daniel Zdziarski^{1*}; Ana Claudia Rosa¹; Matheus Giovane Stoco¹;
Ricardo Antônio Lucion¹; Thiago Duarte¹; Rodrigo Zanella¹; Giovani Benin¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, Campus Pato Branco - PR.

*dz_andrei@hotmail.com

A soja é a cultura agrícola de maior importância econômica no Brasil. Cultivares modernas de soja, em sua maioria, contêm a tecnologia RR (*Roundup Ready*) ou IPRO (*Intacta RR2 Pro*). O objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho agrônomo de 13 cultivares de soja RR e 13 IPRO no cerrado brasileiro. O experimento foi conduzido pela GDM Genética do Brasil, em ensaios de VCU, nas safras 2014/15 e 2015/16 na macrorregião sojícola 4, em 12 locais de cultivo. O delineamento utilizado foi de blocos completos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas de 4 linhas com 5 metros de comprimento, onde foram colhidas as duas linhas centrais. O peso foi corrigido para 13% de umidade e os resultados extrapolados para kg ha⁻¹. Os dados foram avaliados pelo *software* GGEbiplot, via análise biplot para genótipo ideal em termos de alta produtividade de grãos e estabilidade fenotípica. Os dados faltantes foram estimados no GGEbiplot via decomposição singular de valores. A análise da ANOVA revelou interação genótipo ambiente significativa a 1% de significância. A significância da distância euclidiana dos cultivares no biplot foi testada de acordo com as médias/LSD5%, na classe 5%, para valores preditos baseados em PC1 com IR > 1. As análises de genótipo ideal revelaram que os cultivares não apresentaram a mesma disposição no biplot nos dois anos de teste, alterando seu ranqueamento. Assim, em 2014/15 o cultivar M8210IPRO foi o mais próximo ao ideal. Em 2015/16 o cultivar NS 7901 foi o mais próximo ao ideal. Os demais cultivares alteraram o ranqueamento no biplot entre anos, não havendo um desempenho superior de cultivares RR ou IPRO. Na safra 2014/15 os cultivares M8210IPRO, M8372IPRO, 75177RSF IPRO, 8579RSF IPRO, P98Y30 e TMG 2181IPRO não diferiram estatisticamente a um nível de 5% de significância, e todos apresentaram desempenho superior nesse conjunto de locais e ano. Já em 2015/16, os cultivares NS 7901, 8579RSF IPRO, TMG 2181IPRO, 8576RSF, M8210IPRO, M8372IPRO, M7739IPRO, P98Y30 e 8077 RSF não diferiram estatisticamente a um nível de 5% de significância, com desempenho superior para o conjunto de locais de teste e ano. Desta forma não há um consenso sobre a superioridade de cultivares com uma tecnologia sobre a outra. Destaca-se que os cultivares 8579RSF IPRO, M8210IPRO, M8372IPRO, P98Y30 e TMG 2181IPRO apresentaram desempenho superior em ambos os anos de teste. Conclui-se que as cultivares não diferem seu potencial produtivo em função das tecnologias RR e IPRO, com representantes de elevado desempenho em ambos os eventos.

Palavras-chave: GGEbiplot; *Roundup Ready*; *Intacta RR2 Pro*

DESEMPENHO AGRONÔMICO DAS FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MILHO NA REGIÃO NORTE CAPIXABA

Luis Eduardo Gottardo¹; Ariane Martins¹; Ana Paula C. G. Berilli²; Amós Leite¹; Vinícius de Souza Oliveira¹; Chayenne Bitencourte¹; Diego Pereira do Couto¹; Carlos Eduardo B. Groner³

¹Graduando em Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil. E-mail: arianemsg@mail.com; ²Professora do curso de Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil; ³Técnico de laboratório IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil

No Espírito Santo a produtividade de milho é considerada baixa, em torno de 2,91 Kg.ha⁻¹, basicamente, seu cultivo é caracterizado pela agricultura familiar e uma das maneiras de aumentar o volume de produção é o desenvolvimento de novas variedades adaptadas às condições edafoclimáticas do estado. O objetivo desse estudo é avaliar o desempenho agrônomo das famílias de irmãos completos oriundas do cruzamento entre as populações CIMMYT e Piranão por meio da estimação dos seus parâmetros genéticos e de suas médias. Para tanto, foram avaliadas 120 famílias em delineamento de blocos ao acaso com arranjo distribuídos em oito 'sets' em Colatina (norte do estado). Cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 5 m de comprimento, espaçadas de 1 m entre fileiras, e 0,2 m entre covas. Foram avaliadas as seguintes características: produção; altura de planta; altura de espiga; 'stand'; plantas quebradas (NPQ); plantas acamadas (NPA); empalhamento; número de espigas; número de espigas doentes (NED); peso de espiga; número de espigas atacadas por pragas (NEP); peso de grãos e peso de 100 grãos. Para as características NPQ, NPA, empalhamento, NED e NEP os valores de coeficiente de variação ficaram altos, 49,93%; 41,77%; 38,05%; 41,91% e 61,32%, respectivamente, no entanto os valores elevados dos CV para essas características estão de acordo com os encontrados na literatura para milho comum. Para as características mais importantes, houve presença de variabilidade genética entre os genótipos, o que é de fundamental importância para obtenção de ganhos genéticos em programas de melhoramento. Em relação à característica de produtividade, houve uma alta amplitude de variação entre as médias das famílias, variando de 1.066 até 10.437 kg/ha, demonstrando uma alta possibilidade de identificação de genótipos superiores, pois apresentaram significância pela análise de variância (P<0,01), alta herdabilidade (75,19%) e CV genético considerável (2,27). Para tanto das 120 famílias de irmãos completos avaliadas priorizou-se a seleção das 40 famílias mais produtivas e que possuíssem uma menor média de características consideradas indesejáveis como NPQ, NPA, empalhamento, NED e NEP obtendo um ganho de 14,78% para a característica produção.

Palavras-chave: Agricultura familiar; seleção recorrente recíproca; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: A FAPES pelo apoio financeiro ao projeto, ao IFES Campus Itapina e ao CNPq pelo apoio financeiro ao bolsista.

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE SOJA

Julia Carvalho Costa^{1*}; Adriano Teodoro Bruzi²; Lígia de Oliveira Amaral¹;
Sérgio Hebrón Maia Godinho¹; João Vitor Rodrigues Belo¹; Rodrigo Augusto
Fernandes Lopes¹

¹Universidade Federal de Lavras. ²Universidade Federal de Lavras. *juliacarvalho-123@hotmail.com

A cultura da soja (*Glycine max*) apresenta elevada importância econômica no setor agrícola, mantendo assim o superávit na balança comercial atual. Um dos fatores que tem contribuído com a alta produtividade são os estudos realizados nas áreas de genética e melhoramento de plantas, visando obter cultivares mais adaptadas às diversas regiões. Objetivou-se com o presente trabalho avaliar a adaptabilidade de diferentes cultivares na região de Lavras- MG. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos casualizados completos com duas repetições e vinte e duas cultivares de diferentes procedências. O experimento foi conduzido no município de Lavras sob sistema de plantio direto. As parcelas foram compostas por quatro linhas de cinco metros, espaçadas de 0,5 metros entre linhas. As avaliações foram realizadas na plena maturação fisiológica da cultura, obtendo a produtividade, a altura de plantas, a inserção da primeira vagem e o acamamento. Os dados foram submetidos a análise de variância com o auxílio do pacote SISVAR, sendo os efeitos avaliados pelo teste F e Scott Knott, ao nível de 5% de probabilidade. As cultivares não apresentaram acamamento. As maiores alturas foram obtidas pelas cultivares ANTA RR, TEC 7849 IPRO, M 6972 IPRO, SYN 1359 IPRO e AS 3730 IPRO. Para a inserção da primeira vagem as cultivares P 95R51 e BMX APOLLO RR apresentaram menor altura, com a média de 8,30 e 9,30 cm, respectivamente. Mesmo apresentando diferenças em produtividades (78,18 e 33,95 sacas por hectare), esta não foi significativa pelo teste de médias.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Produtividade; Cultivares

Agradecimentos: Universidade Federal de Lavras, Embrapa Soja, FAPEMIG, CNPq.

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE SOJA EM SETE LAGOAS - MG

Fernanda Kelly Costa Oliveira^{1*}; Gilberto Pereira Lopes¹; Luís Artur Batista de Andrade¹; Amilton Ferreira da Silva¹; Nádia Nardely Lacerda Durães Parrela¹.

¹Universidade Federal de São João del-Rei UFSJ, Campus de Sete Lagoas.
*fernandaoliveira552@yahoo.com.br

A soja brasileira na safra de 2016/2017 ocupou área equivalente a 33.856,0 milhões de hectares com produção estimada de 113.013,4 milhões de toneladas, o que posiciona o Brasil como o segundo maior produtor mundial dessa oleaginosa. Sabe-se que o fotoperíodo e a temperatura, exercem influência direta na produtividade da cultura. Em Sete Lagoas são escassos estudos sobre o desempenho agronômico de cultivares de soja, portanto é de elevada importância o conhecimento da adaptabilidade de cultivares para esse local. O trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho de cultivares nas condições edafoclimáticas de Sete Lagoas - MG e identificar as cultivares que melhor se adaptam. O estudo foi realizado no campus de Sete Lagoas-MG na Universidade Federal de São João del-Rei, onde foi utilizado oito cultivares oriundas de diferentes instituições, visando maior variabilidade de características agronômicas distintas. O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso com quatro repetições e oito tratamentos (TMG 7262RR, ANATA 82RR, TMG 2158IPRO, TMG 7062IPRO, M 8210IPRO, M 6210IPRO, RK 6813RR e RK 5813RR). As parcelas foram constituídas de seis linhas de 3 m de comprimento e espaçamento de 0,5 m entre linhas. Os dados foram submetidos à análise estatística e as médias comparadas pelo teste Scott-Knott com auxílio do programa Sisvar. As variáveis avaliadas foram número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGVG), massa de 100 grãos (M100G) e produtividade (PG). De acordo com os resultados obtidos foi possível observar que as cultivares M 8210IPRO e RK 6813 RR obtiveram número de vagens por planta significativamente maior que as demais e esse parâmetro têm correlação direta com a produtividade, uma vez que ambas cultivares obtiveram maior produtividade em relação às demais. Entretanto, nota-se que a massa de 100 grãos não apresentou a mesma correlação com a produtividade que o número de vagens por planta, pois as cultivares que apresentaram maior peso de 100 grãos (TMG 7262 RR e TMG 7062 IPRO) não resultaram em produtividades superiores e para o parâmetro número de grãos por vagem não houve diferença estatística significativa entre as cultivares, pois trata-se de um componente de produção com pouco influência do ambiente. As cultivares que apresentaram melhor desempenho agronômico, resultando em maior produtividade em Sete Lagoas-MG foia M 8210 IPRO (4.920 kg ha⁻¹) e RK 6813 RR (4.356 kg ha⁻¹).

Palavras-chave: *Glycinemax*; componentes de produção; adaptabilidade

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo apoio financeiro.

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE DIFERENTES POPULAÇÕES DE MILHO SOB CONDIÇÃO DE ESTRESSE HÍDRICO

Carlos Eduardo B. Groner¹; Amos Leite¹; Luis Eduardo Gottardo¹; Rafael Nunes² Monique M. Moulin³; Ana Paula C. Gabriel Berilli⁴.

¹Graduando em Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil; ²Mestrando em Agroecologia IFES Campus Alegre/Alegre-ES/Brasil; ³Professora do curso de Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas – IFES Campus Alegre/Alegre-ES/Brasil; ⁴Professora do curso de Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil. carlos.groner@ifes.edu.br.

A seca é um dos principais problemas responsáveis pela redução na produtividade do milho nas condições tropicais. Portanto, a utilização de genótipos tolerantes à seca é uma estratégia eficiente para o aumento da produtividade e redução dos riscos de produção em áreas sujeitas à déficits hídricos. Neste contexto, a seleção de populações adaptadas e portadoras de atributos agronômicos desejáveis em condições de seca reveste-se de grande importância para o estado do Espírito Santo, onde além da agricultura ser de base familiar, alguns municípios da região Norte e Noroeste Capixaba tem seu clima classificado como semiárido. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agronômico de diferentes populações de milho sob condição de estresse hídrico desde o plantio até sua colheita. O experimento foi conduzido no Ifes Campus Itapina, município de Colatina – ES. Foi avaliado o potencial agronômico de 21 acessos de milho crioulo e de populações já melhoradas que fazem parte do banco de germoplasma do Ifes a partir de um ensaio de competição, constituído por um delineamento em blocos casualizados, com cinco repetições e cada parcela foi constituída por fileiras de três metros, espaçadas entre si com 1,0 metro e 0,20 m entre plantas (16 plantas/parcela) e para tanto foram avaliadas 13 características morfoagronômicas. O caráter peso de grão, considerado o caráter de maior importância nesse trabalho, evidenciou a possibilidade de identificação de genótipos superiores, pois apresentaram significância pela análise de variância. Os valores decrescentes alcançados para peso de grãos entre as diferentes populações foram: Padrinho (1715 kg); ES 001 (1337kg); Piranão 14 (1328 kg); Cimmyt 11 (1326 kg); Piranão 11 (1273 kg); Palha Roxa IF 17 (1266 kg); Aliança (1224 kg); Diamantina (1203 kg); Sertanejo (1168 kg); MA 008 (1119 kg); Palha Roxa IF 27 (1091 kg); Encapa 203 (1070); Cimmyt 14 (1010 kg); Alto Ribeirão (956 g); Incaper (880 g); Milho Branco IF 22 (862 g) e Perin (799 g). Portanto, as populações avaliadas nesta pesquisa demonstram a presença de variabilidade genética, abrindo assim uma oportunidade de escolha de caracteres favoráveis para se trabalhar em um programa de melhoramento genético visando tolerância a seca. Baseando-se nas médias de peso de grãos obtidas pode-se inferir que as populações “Padrinho”, “ES 001”, “Piranão 14” e “Cimmyt 11” mostraram ser acessos valiosos e podem ser utilizados em programas de melhoramento que visem desempenho superior em condições de seca.

Palavras-chave: milho crioulo; desenvolvimento sustentável; recursos hídricos.

Agradecimento: FAPES, IFES e CNPq

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE POPULAÇÕES CRIOULAS DE FEIJÃO PRETO COMUM

Vitor de Quadros^{1*}; Ivan Ricardo Carvalho²; Gustavo Henrique Demari²; Vinícius Jardel Szareski²; Alan Junior de Pelegrin²; Mauricio Horbach Barbosa³; Velci Queiróz de Souza⁴

¹Sociedade Educacional Três de Maio - Setrem. ²Universidade Federal de Pelotas. ³Universidade Federal de Santa Maria - Campus Frederico Wesphalen. ⁴Universidade Federal do Pampa *vitorquadrosde@gmail.com.

O feijão preto comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos principais alimentos consumidos no Brasil, apresenta uma grande importância social, agrícola, nutricional e econômica. A variabilidade genética disponível para esta cultura possibilita ganhos genéticos pronunciáveis aos caracteres de interesse agrônomo. Desta forma o objetivo deste trabalho foi revelar a variabilidade genética de populações crioulas de feijão preto comum e sua potencialidade para extrair famílias promissoras, o delineamento experimental utilizado foi de blocos aumentados onde os tratamentos foram compostos por 27 populações crioulas de feijão preto comum, sendo estas oriundas do Rio Grande do Sul, e os tratamentos testemunhas foram compostos pelas cultivares BRS Estilo, IAC Formoso, IAC Imperador, Pérola, IPR Tangará e IPR Uirapuru, dispostas em três repetições. Cada população crioula foi composta por 100 plantas, para obtenção das mensurações médias dos caracteres utilizou-se 20 plantas por genótipo, os caracteres mensurados foram: Dias para o florescimento, altura na maturação, altura no florescimento, número de legumes por planta, massa de grãos por legume, massa total de grãos por legume, dias para maturação, altura de inserção do primeiro legume, número de grãos por legume, número de ramificações por planta. As análises foram realizadas utilizando o método de Tocher, dissimilaridade genética pela distância Euclidiana média, contribuição relativa de Singh (1981) e componentes principais. Os genótipos estudados compuseram 7 grupos pelo método de Tocher, revelando uma grande variabilidade entre os genótipos mensurados, a altura de planta na maturação foi o caráter que mais contribuiu para diferenciar os genótipos. A dissimilaridade genética revelou que os genótipos 6 Campos Borges e 13 Palmeira das Missões e 25 Santa Rosa são os genótipos mais distantes geneticamente. Os componentes principais revelaram uma elevada dispersão das populações de feijão preto comum, estes resultados indicam a presença de variabilidade genética entre as populações crioulas, onde alguns genótipos apresentam ideótipo agrônomo similar as cultivares testemunhas utilizadas, portanto, há potencial de extrair famílias promissoras para comporem as próximas gerações de melhoramento genético para a cultura.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., melhoramento, técnicas multivariadas

DESEMPENHO AGRONÔMICO E ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM HÍBRIDOS DE MAMONA

Leandro S. Peixoto^{1*}; Yslai S. Peixoto¹; Elismar P. de Oliveira¹; Alexandro dos S. Brito¹; Gisella M. S. S. dos santos¹; Conceição A. da S. Donato¹

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor para correspondência: leandro.peixoto@ifbaiano.edu.br

A mamoneira (*Ricinus communis* L.), é uma oleaginosa que apresenta resistência à seca, rusticidade, e importante produtora de óleo, especialmente para a produção de biodiesel. A produtividade do Semiárido é extremamente baixa quando comparada com a da região Sudeste e outros países. Essa baixa produtividade é devido a vários fatores (estresses bióticos e abióticos) limitantes à produção da mamona. Sendo que um dos principais fatores limitantes é a falta de material genético recomendado para a região. Sendo assim, este trabalho objetivou avaliar o comportamento de cinco híbridos de mamoneira no semiárido Baiano. O experimento foi conduzido na quadra experimental do IF Baiano *campus* Guanambi, localizada no distrito de Ceraíma, Guanambi, Sudoeste da Bahia e no complexo de laboratórios do *campus*. Os híbridos foram obtidos via cruzamentos manuais entre as cultivares IAC 2028, IAC 226, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia com a cultivar EBDA MPA11, gerando 5 híbridos. O experimento de avaliação foi montado no ano de 2015/2016 em blocos casualizados com três repetições, parcelas de 4 plantas e espaçamento de 1m x 1m, com bordadura interna. Os tratos culturais seguiram as recomendações para a cultura e houve complementação de água via gotejamento. As variáveis coletadas foram Dias para o florescimento (DPF), número de sementes (NS) e peso das sementes (PS) do racemo primário, Altura da planta (ALT), altura da inserção do racemo primário (ALTRAC) e Teor de óleo na semente (TO). Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos e fenotípicos: herdabilidade (h^2), variância genética (V_g), variância residual (V_e), coeficiente de variação (CV), relação CV_g/CV_e e Acurácia. As análises estatísticas foram realizadas por meio do software R, com o auxílio do programa Rbio. Ao realizar a análise de variância verificou-se que o efeito de bloco foi não significativo para todos os caracteres avaliados. Houve significância dos efeitos de híbridos para os caracteres NS, ALT e ALTRAC a 1% de probabilidade, para OS a 5% e não significativo para DPF e TO. Todos os caracteres avaliados apresentaram valores acima da unidade para a razão CV_g/CV_e , indicando que predominância dos efeitos genéticos. As h^2 se mostraram de valores acima de 0,76, indicando boa precisão na seleção. Os híbridos que se destacaram foram os provenientes dos cruzamentos IAC 2028 x EBDA MPA11 para os caracteres de produção ($1,03 \text{ Mg ha}^{-1}$) e o BRS Energia x EBDA MPA11 para ALT (1,65 m), ALTRAC (0,59 m) e DPF (53 dias).

Palavras-chave: *Ricinus communis* L; Semiárido Baiano; PNPB

Agradecimentos: Ao CNPq e ao IF Baiano

DESEMPENHO DE CLONES DE BATATAS DE TUBÉRCULOS VERMELHOS

Silvia Regina Rodrigues de Paula Ribeiro¹; Rafaela Pereira Carvalho^{1*}; Márcio Lisboa Guedes¹; Tiago da Silva Brandão¹; Mário Henrique Murad Leite Andrade¹; César Augusto Brasil Pereira Pinto¹.

¹Universidade Federal de Lavras. *rafaelacrvlh03@gmail.com

O mercado brasileiro da batata conta com quatro ou cinco cultivares que representam mais de 80% da área cultivada com esta cultura. Dentre elas, a cultivar Asterix, que possui periderme avermelhada e tem ótima aceitação na indústria de pré-fritas congeladas e também no mercado *in natura*. A cor da periderme associada ao alto teor de matéria seca dos tubérculos são características de destaque desta cultivar. Por outro lado, ela também apresenta alguns problemas ou desvantagens, como a não tolerância a temperaturas mais elevadas e suscetibilidade a doenças. Para o uso industrial, é necessário que algumas características estejam presentes como olhos rasos, formato alongado, maiores teores de matéria seca, conferindo uma melhor qualidade de fritura e altas produtividades. Além disso, é importante conhecer o comportamento dos clones em locais diferentes. O objetivo do presente trabalho foi selecionar clones de batata que superem a cultivar Asterix, em aparência geral, produtividade e qualidade de tubérculos e que sejam estáveis. Um experimento foi conduzido no Campus da UFLA, em 2014, e um segundo foi conduzido na área experimental EPAMIG em Lambari-MG, no ano de 2016, ambos na safra de inverno. Foram avaliados nove clones do programa de melhoramento genético de batata da UFLA e como testemunhas foram utilizadas duas cultivares de pele vermelha, Asterix e BRS-Ana. O delineamento foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas contendo cinco ou dez plantas. Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e realizado agrupamento de médias por Scott & Knott (5% de probabilidade). Houve diferenças significativas entre os clones para produtividade de tubérculos graúdos, peso específico, formato e profundidade dos olhos. Os resultados mostraram que a interação clones x locais, foi significativa para as características peso específico de tubérculos, formato e cor da fritura. O clone CBM 08-20 apresentou alta produtividade de tubérculos graúdos, formato alongado, o que é importante para indústria de pré-fritas e mercado *in natura*, olhos não muito profundos além de possuir elevado peso específico. Para a aspereza da pele e aparência geral de tubérculos este clone foi semelhante às testemunhas, além de apresentar boa cor de fritura. Este clone também apresenta tolerância ao calor, como demonstrado em outros estudos.

Palavras-chave: Melhoramento Genético; Mercado; Matéria seca.

Agradecimentos: Capes, CNPq e FAPEMIG.

DESEMPENHO DE CULTIVARES DE MILHO DE BAIXO CUSTO DE SEMENTES NO ANO AGRÍCOLA 2015/16

Karla J da Silva¹; Lauro J M Guimarães^{2*}; Roberto S Trindade²; Silvimar A Guimarães²; Bruna L Mariz²; Paulo Evaristo O Guimarães²; Walter F Meirelles²; Adelmo R da Silva²; *Flávio D Tardin*²; Jane R A Machado²

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Embrapa Milho e Sorgo. *Autor correspondente: lauro.guimaraes@embrapa.br

Para o desenvolvimento de cultivares de milho no Brasil é necessário considerar diferentes regiões, manejo e épocas de cultivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de cultivares de milho, de baixo custo de sementes, em ambientes de médio a alto potencial de produção, na safra 2015/16. Foram avaliadas 28 cultivares, sendo um híbrido simples (HS), um triplo e um duplo (testemunhas), 17 variedades e 8 híbridos topcrosses (HTCs). As cultivares foram avaliadas em 24 ambientes, com média geral de produtividade de grãos de 5,5 t ha⁻¹, entretanto, para este trabalho foram analisados somente os dados dos ambientes favoráveis (produtividade acima da média geral), abrangendo 14 ensaios: Sete Lagoas, MG; Planaltina, safra e safrinha, DF; Goiânia, GO; Sinop, MT; Manaus, AM; Viçosa, MG; Teresina, PI; São Raimundo das Mangabeiras, MA; Altamira, Paragominas, Belterra, PA; e Londrina safra e safrinha, PR. Foram utilizadas parcelas de 2 linhas de 4 m, espaçadas de 0,8 m entre si, em delineamento de blocos ao acaso, com 2 repetições. Foi avaliada a produtividade de grãos, em t ha⁻¹, a 13% de umidade. Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e ao teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade, utilizando-se o programa Genes. O coeficiente de variação na análise conjunta foi de 12,4%, demonstrando adequada precisão experimental. Houve significância para os efeitos de genótipos (G), ambientes (A) e para a interação G x A (p<0,01), indicando que existe variabilidade entre as cultivares, que os ambientes foram distintos entre si e que o desempenho das cultivares não foi coincidente entre ambientes. Os 14 ambientes apresentaram média geral de 6,73 t ha⁻¹, acima da média nacional (4,18 t ha⁻¹ na safra 2015/16). Foram formados 6 grupos pelo teste de Scott-Knott, na análise conjunta, sendo que o BRS1055 se isolou no primeiro grupo e o HTC707 (experimental) no segundo grupo, com médias de 8,65 e 7,88 t ha⁻¹, respectivamente. Três HTCs experimentais (HTC771, HTC795 e HTC717) também se destacaram com médias entre 7,49 e 7,41 t ha⁻¹, superando os demais híbridos e as variedades comerciais. As variedades de polinização aberta com melhor desempenho foram AL Paraguaçu, AL Avaré, Sin10697 e Sint10717, com médias entre 6,97 e 6,73 t ha⁻¹, sobressaindo-se em relação às testemunhas comerciais BR106 e Eldorado. Estes resultados possibilitaram a identificação de cultivares experimentais de baixo custo de sementes e com alto potencial produtivo.

Palavras-chave: *Zea mays*; variedades; híbridos.

Agradecimentos: À Embrapa Milho e Sorgo; à Fapemig e ao CNPq.

DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO NA REGIÃO DE LAVRAS-MG

Murilo Cândido Ruy^{1*}; Gustavo Andrade Cardoso¹; Názila Nayara Silva de Oliveira¹; Maria Beatriz Pereira da Silva¹; João Cândido de Souza¹

¹Universidade Federal de Lavras. *E-mail: murilocrui@hotmail.com

A recomendação de um híbrido para uma determinada região deve ser feita de maneira cuidadosa pois o desempenho do mesmo pode variar de acordo com a região, e caso ocorra um erro no momento da recomendação o desempenho do híbrido não será o esperado. Dessa forma o objetivo deste trabalho foi estimar a interação genótipos x ambientes e a estabilidade com base na produtividade dos híbridos obtidos em um dialelo completo, utilizando a modelagem via GGE Biplot. Foram avaliados 11 híbridos e os respectivos cruzamentos dois a dois. Os experimentos de avaliação foram conduzidos em três ambientes, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da Universidade Federal de Lavras (UFLA), contendo 61 tratamentos, na fazenda experimental da EPAMIG (Lambari-MG), contendo 57 tratamentos, ambos no ano agrícola de 2013/14. Na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, foram avaliados 52 tratamentos, no ano agrícola de 2014/15. Os tratamentos foram avaliados utilizando-se delineamento de blocos casualizados. A análise de variância constatou significância para o efeito de tratamento e pelo teste de Scott Knott (1974) foram formadas duas classes para os locais Lambari e Vitorinha, e três classes para UFLA. As médias variaram de 6657kg/há a 10253 kg/ha considerando os três ambientes. O agrupamento das médias dos tratamentos mostrou a existência de híbridos com médias iguais ou superiores a média de seus genitores (9021.3 Kg/ha). Dentre os 13 melhores híbridos, os de melhor produtividade foram de 10253.55, 9852.56, 9697.70 kg/ha, mostrando potencial para recomendação na região. A interação genótipo x ambiente foi significativa e para melhor entendimento foram utilizados gráficos construídos a partir da metodologia de análise multivariada (GGE Biplot). O gráfico “Médias vs Estabilidade” classifica os melhores híbridos de acordo com sua produção média e estabilidade de produção, observa-se aqui que o híbrido com melhor relação produtividade/estabilidade foi o híbrido 6, que representa o cruzamento 1x7. O modelo explicou 84% da variação total, com base nos dois componentes principais. O gráfico “Discriminativo vs Representativos” é usado para classificar ambientes com melhor capacidade de discriminar e representar os demais ambientes de testes quanto a característica analisada, neste caso a produtividade de grãos. Nesse gráfico ficou evidente que o ambiente com melhor capacidade discriminativa e representativa foi o Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária, mostrando assim seu grande potencial como ambiente para avaliação.

Agradecimentos: Agradeço a FAPEMIG, Cnpq e CAPES, pelo apoio fornecido aos estudantes.

Palavras-chave: GGE Biplot; Dialelo

DESEMPENHO E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO EM TRÊS AMBIENTES NA SAFRINHA 2016

Silvimar Alves Guimarães¹, Roberto S. Trindade^{*2}, Lauro J.M. Guimarães², Paulo E. O. Guimarães², Walter F. Meirelles², Flávio D. Tardin², Cleso A.P. Pacheco², Jane R.A. Machado², Adelmo R. Silva², Ana C.A. Silva¹, Bruna L. Mariz¹.

¹Graduando em Agronomia – UFSJ/Sete Lagoas-MG - Estagiário da Embrapa Milho e Sorgo. ²Pesquisador - Embrapa Milho e Sorgo – Sete Lagoas - MG – *Autor correspondente: roberto.trindade@embrapa.br.

O milho safrinha é cultivado em sequeiro extemporaneamente, de janeiro a abril, quase sempre depois da soja, na região Centro-Sul. Para esta condição de cultivo, é fundamental a seleção de cultivares adaptadas e com boa estabilidade de produção. Neste trabalho, avaliou-se o desempenho produtivo de híbridos de milho em três ambientes de safrinha via modelos mistos. Para tanto, na safrinha de 2016, 63 híbridos de milho (51 híbridos experimentais e 12 testemunhas) foram avaliados em Sete Lagoas-MG; Sinop-MT e Londrina-PR. O delineamento experimental adotado em todos os locais foi o de blocos aumentados, com testemunhas comuns. A parcela experimental foi de duas linhas de 4,2m, espaçadas de 0,7m, com plantio de 5 sementes/metro linear. O plantio foi feito de forma mecanizada, e os tratos culturais e a condução do experimento seguiram as recomendações preconizadas para a cultura do milho. A colheita foi efetuada com o uso de colheitadeira de parcelas, com aferição de peso e umidade. Para análise estatística dos dados, converteu-se o peso de grãos por parcela para kg/há a 13% de umidade. Todas as análises foram efetuadas com auxílio do software Selegen-Reml-Blup, procedendo-se a análise de Deviance, a estimativa dos componentes de variância, da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG), dos valores genéticos preditos (VG), da média fenotípica e do intervalo de confiança para os dados obtidos. A análise de deviance indicou ocorrência de interação genótipo x ambientes, denotando que o ranqueamento dos genótipos não foi coincidente para os três ambientes. A testemunha DKB 310VTPRO2 apresentou a maior estabilidade de produção (índice MHVG), contudo, identificaram-se também híbridos experimentais de bom desempenho, se destacando os tratamentos 91501762, 91501759, 91500180-8 e 91501756, os quais apresentaram elevados MHVG e VG, produtividade dentro do intervalo de confiança estabelecido para o híbrido DKB 310VTPRO2, denotando equivalência desses materiais com a melhor testemunha. A metodologia MHVG, processada no contexto de modelos mistos, foi eficiente para comparação do desempenho dos genótipos estudados em ensaios desbalanceados e possibilitou identificar híbridos superiores nos ambientes de avaliação.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; desenvolvimento de cultivares; Interação genótipo x ambiente.

Agradecimentos: A FAPEMIG e a UFSJ, pelo apoio a participação no evento, e à Embrapa Milho e Sorgo, pela infraestrutura para este trabalho.

DESEMPENHO PRODUTIVO DE LINHAGENS DE MAMONA EM DOIS AMBIENTES E EM DUAS ÉPOCAS DE SEMEADURA

Maria Márcia Pereira Sartori^{1*}; Jackson da Silva¹; Andréia Rodrigues Ramos¹;
Maurício Dutra Zanotto¹

¹Departamento de Produção e Melhoramento Vegetal, Faculdade de Ciências Agrônomicas UNESP/Botucatu. *E-mail: mmportsartori@fca.unesp.br.

A mamona (*Ricinus communis* L.) é uma importante cultura para o país, pois o seu óleo é empregado de várias formas na indústria na produção de lubrificantes, tintas, vernizes e polímeros. No entanto, a cultura apresenta baixa produtividade em alguns municípios, tendo como alternativa o desenvolvimento de linhagens superiores para cada região. Nesse contexto, objetivou-se com o presente trabalho avaliar o desempenho produtivo de linhagens de mamona em diferentes ambientes e épocas de semeadura. Os experimentos foram desenvolvidos em novembro de 2015 (primavera-verão) e em março 2016 (outono-inverno), nos municípios Araçatuba-SP e Penápolis-SP que são tradicionalmente produtores dessa cultura. Os tratamentos consistiram em 20 linhagens obtidas da população FCA porte baixo de mamona desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Mamona do Departamento de Produção Vegetal FCA/UNESP, em dois locais e em duas épocas de semeadura primavera-verão e outono-inverno, sendo o delineamento experimental um fatorial triplo em blocos ao acaso com três repetições. A parcela experimental constitui-se de três linhas de 10 m de comprimento, com espaçamento entre linhas e entre plantas de 1,0 m, sendo a área útil da parcela de 8 m². A colheita foi realizada aos 8 meses, onde os dados de produtividade de grão, foram avaliados pela análise de variância e, completada pelo teste de Scott-Knott, considerou-se significativo quando $p < 0,05$. Pode-se observar influência ($p < 0,01$) na produtividade para os três fatores (linhagens, locais e épocas de semeadura). As linhagens 8, 9, 15 e 16 foram mais produtivas quando semeadas na primavera-verão, sendo de 3615, 3296, 3106 e 4306 kg.ha⁻¹ respectivamente, para o município de Araçatuba e de 3904, 2315, 2870 e 3121 kg.ha⁻¹ respectivamente, para Penápolis. Já para a época de semeadura de outono-inverno, as linhagens 4, 7, 10 e 15 foram mais produtivas para Araçatuba, sendo de 1235, 1553, 1447 e 1415 kg.ha⁻¹ respectivamente, e de 1131, 1117, 1131 e 1264 kg.ha⁻¹ para o município de Penápolis. Pode-se concluir que a linhagem 15 foi a que apresentou maior adaptabilidade em função da época de semeadura e dos diferentes ambientes.

Palavras-chave: melhoramento vegetal; *Ricinus communis* L.; produtividade de grãos

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo auxílio financeiro (processo nº 310794/2015-3) e bolsa (processo nº 134541/2016-2).

DESENVOLVIMENTO DE PLANTAS DE SORGO SACARINO EM OITO ÉPOCAS DE COLHEITA

Nádia Nardely Lacerda Durães Parrella¹; José Francisco Braga Neto¹; Caio Abrantes Bertoli¹; Raphael Ferreira Alves¹ Dalila Dominique Duarte Rocha¹; Rafael Augusto da Costa Parrella²

¹Universidade Federal de São João Del Rei-UFSJ. ²Embrapa Milho e Sorgo. *daliladominik@hotmail.com

O sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] se destaca como cultura complementar à cana-de-açúcar *Saccharum* spp. na produção de etanol, uma vez que este possui colmos suculentos com presença de açúcares diretamente fermentescíveis. O caráter altura de plantas torna-se especialmente importante, quando se avalia cultivares de sorgo sacarino visando à produção de etanol, pois é correlacionada a produção de colmos que é um dos componentes primários da produção de biomassa. Correlações extremamente importantes também já foram identificadas entre altura de planta e produção de açúcares em cultivares de sorgo sacarino, reforçando a importância deste caráter no melhoramento de cultivares para produção de etanol. O objetivo o desenvolvimento de sorgo sacarino colhidas em oito épocas diferentes quanto à altura de plantas e diâmetro de colmos. O experimento foi instalado na UFSJ *campus* Sete Lagoas - MG utilizando dez genótipos de sorgo sacarino. A colheita foi realizada em oito épocas, 95, 102, 109, 116, 123, 130, 137 e 144 dias após a semeadura (DAS). Após cada colheita foram avaliadas as características altura e diâmetro de colmos. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste Scott-Knot a 5% de probabilidade. Observou-se diferença significativa para genótipos e épocas de colheita para as duas características analisadas, demonstrando as diferenças genéticas entre as cultivares e alterações devido aos diferentes estágios de desenvolvimento fisiológico das plantas ao longo das avaliações. Verificou-se interação genótipo x época de colheita significativa ($p \leq 0,05$) tanto para a altura quanto para diâmetro de colmos, evidenciando o comportamento diferencial dos genótipos ao longo das épocas de colheita. Para a característica altura de plantas não houve incremento ao longo das épocas de colheita para quase todos os genótipos avaliados, exceto para o genótipo B081 e o B095. Já para a característica diâmetro de colmos, houve incremento ao longo das épocas de colheita para quase todos os genótipos avaliados, exceto para os genótipos BRS 508, CV 198 e B033.

Palavras-chave: Altura; diâmetro de colmos; *Sorghum bicolor*.

Agradecimentos: A FAPEMIG pelo recurso financeiro.

DETERMINAÇÃO DO ÍNDICE DE COLHEITA DE LINHAGENS DE FEIJÃO

Ricardo Andrade Pinto Júnior¹; Magno Antonio Patto Ramalho¹; Ângela de Fátima Barbosa Abrel²; Emanuel Sanches Martins³

¹Universidade Federal de Lavras. ²EMBRAPA – Arroz e Feijão. ³Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. e-mail: ricardoapj@gmail.com

O índice de colheita (IC) isto é, a proporção de matéria seca dos grãos e da matéria seca total da planta, é uma medida de eficiência biológica, em que é calculada a proporção dos fotoassimilados que foi direcionada aos grãos. Esse índice é influenciado por inúmeros fatores, mas espera-se que ele seja maior nas cultivares mais recentemente obtidas. Esse trabalho teve como objetivo verificar se o índice de colheita das plantas de feijão é maior nas linhagens mais modernas, se sua estimativa varia com o ciclo da planta, e com as condições ambientais e obter informações a respeito do controle genético do IC, por meio de cruzamento dialélico. Para isso seis linhagens foram cruzadas duas a duas totalizando 21 tratamentos. As avaliações foram realizadas em três safras/gerações - F₂, F₃ e F₄. O delineamento experimental utilizado foi o blocos casualizados com quatro repetições. A parcela era constituída de 3 linhas com 4 m. Logo após a germinação do feijoeiro foi colocado na linha central da parcela um receptáculo para coletar as folhas, vagens e outras partes da planta que caíam antes da colheita, eram realizadas coletas da matéria seca em intervalos de três dias, em cada coleta, o material vegetativo era levado ao laboratório para obtenção da matéria seca. Análise dialélica foi realizada utilizando o método II de Griffing, (1956). Constatou – se que o IC foi maior nas cultivares modernas e também na safra cuja semeadura foi realizada em fevereiro, o IC não foi afetado pelo ciclo. A heterose foi negativa permitindo inferir que ocorre dominância no sentido de reduzir a expressão do caráter. Os genitores diferiram na capacidade geral de combinação (CGC). As cultivares mais modernas estiveram entre as de maior CGC.

Palavras-chave: Melhoramento de Plantas, Genética Quantitativa, Eficiência Fisiológica

Agradecimentos: FAPEMIG e CAPES

DIALELO PARCIAL DE LINHAGENS S₅ DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE MASSA SECA E DIGESTIBILIDADE DA FORRAGEM

Emanuel Gava^{1*}; Amanda Paola Costa²; Elida Auxiliadora Peralta Paiva³; Jocimar Costa Rosa¹; Diego Fernando De Marck⁵; Marcos Ventura Faria⁶.

¹Mestrando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ²Graduando em Agronomia – UNICENTRO (ICV), Guarapuava-PR; ³Doutoranda em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ⁵Fertizan, Guaraniaçu-PR. ⁶Professor Associado Departamento de Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR.
*emanuel_gava2@hotmail.com.

No melhoramento do milho os delineamentos dialélicos são utilizados para a seleção de linhagens e híbridos devido à facilidade na obtenção dos cruzamentos, permitindo a escolha de genitores a partir das estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC). O objetivo do presente é avaliar o potencial genético de linhagens S₅ de milho e os respectivos híbridos do programa de melhoramento da UNICENTRO para produtividade de massa e digestibilidade da forragem. Os cruzamentos do dialelo parcial foram obtidos a partir de seis linhagens do grupo I (da pop.30, derivadas do cruzamento entre os híbridos comerciais P30P70 e Dow 8460) e cinco linhagens do grupo II (da pop.29, provenientes do cruzamento entre os híbridos comerciais Penta e P30F53). O experimento foi conduzido em Guarapuava-PR nas safras 2014/15 e 2015/16 e em Rio Bonito do Iguçu-PR na safra 2014/15. O delineamento experimental foi em blocos com os tratamentos casualizados, sendo avaliados os híbridos experimentais juntamente com as linhagens genitoras. Foram avaliadas a produtividade de massa seca (PMS) e a digestibilidade (DIG) da forragem no ponto de ensilagem. Os dados obtidos foram submetidos à análise dialélica parcial, por meio do software estatístico GENES. Foram verificados efeitos significativos ($p < 0,01$), tanto para CGC quanto CEC para PMS e DIG. Com relação a CGC da DIG se destacaram as linhagens 30-77, 30-160 e 29-109, e da CGC da PMS as linhagens 30-122 e 29-35. A linhagem 30-160 se destacou quanto à DIG e apresentou valor positivo para PMS. Quanto a CEC, o híbrido experimental 19-14x30-160 se destacou dos demais com valor positivo de 11,9% para a DIG; já para PMS os híbridos experimentais que mais se destacaram positivamente foram 29-44x30-08, 29-109x30-08, 29-154x30-08, 29-35x30-122 e 29-35x30-160. A linhagem 30-160 se destacou das demais por apresentar CGC positiva para DIG e PMS, e o híbrido 29-14x30-160 apresentou CEC elevada para DIG. Os genótipos que se destacaram vão prosseguir no programa de melhoramento de milho forrageiro da UNICENTRO.

Palavras-chave: *Zea mays*, melhoramento genético, capacidade de combinação.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária.

DIALELO PARCIAL DE POPULAÇÕES F₂ DE TRIGO EM CONDIÇÕES DE SECA

Calil Gibran Iraioire Carvalho¹; Aurinelza Batista Teixeira Condé^{2*}; Kerully Isabel Ferreira³; Alex Teixeira Andrade¹

¹UFLA (Universidade Federal de Lavras), Bolsista Capes; Epamig (Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais), Bolsista Fapemig²; UFLA (Universidade Federal de Lavras), Bolsista Fapemig³. *aurinelza@epamig.br

O trabalho buscou verificar o efeito do estresse hídrico sobre a cultura do trigo de modo a identificar populações promissoras, para obtenção de linhagens adaptadas às condições de sequeiro em Minas Gerais. O ensaio foi instalado nas áreas experimentais da Epamig, utilizado o esquema de cruzamento de dialelo parcial, obtendo-se 16 combinações híbridas. Foram utilizados os seguintes genitores de trigo escolhidos com base no seu comportamento em relação às características genéticas e morfoagronômicas divergentes sendo quatro cultivares com bom desempenho em cultivo de sequeiro: MGS1 Aliança, MGS Brilhante, BRS 264 e CD 108 e quatro linhagens do programa de melhoramento genético da Epamig com notável característica de resistência a seca: EP 63134, EP 64021, EP 63053 e EP 06066. Todas as espigas de cada combinação híbrida foram colhidas de maneira a obter sementes F₂ para instalar ensaios de avaliação de eficiência no uso da água. As análises de variância apresentaram significância para todas as características avaliadas, especialmente produtividade. Houve efeito significativo nos dois grupos de genitores, demonstrando a diferença em relação a número de alelos favoráveis para cultivo em sequeiro. Isso decorre de ter duas cultivares, embora não tão produtivas, mas extremamente tolerante a seca (MGS1 Aliança e MGS Brilhante) e de linhagens elites, em fase final de avaliação que demonstra comportamento similar em relação à seca. A CGC foi significativa para a produtividade, indicando a existência de genes e/ou poligenes com ação gênica aditiva, o que é desejado em genitores a serem utilizados em programas de melhoramento de espécies autóгамas. A CEC foi significativa sugerindo a complementação entre os genitores em relação às frequências dos alelos nos loci com ação gênica não aditiva, e evidenciando a capacidade de formar híbridos específicos para este caráter, ocorrendo efeito gênico de dominância. Ao considerar a geração F₁ apenas o genitor BRS 264 apresentou CGC positiva, mas o resultado não foi semelhante ao comparar com a geração F₂. No grupo II o genitor EP 063134 apresentou resultados elevados em ambas as gerações se revelando mais interessante para contribuir para elevar a qualidade da produtividade em condições de estresse a seca, para a cultura de trigo em programas de melhoramento. Sendo necessária a análise de gerações mais avançadas para confirmar a utilização desses progenitores.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L., Estresse hídrico, Melhoramento de Plantas.

Agradecimentos: CNPq e Fapemig.

DIALLEL ANALYSIS OF MAIZE YIELD STABILITY AND ADAPTABILITY

Otávio Luiz Gomes Carneiro^{1*}; Cláudio Lopes de Souza Junior¹

¹University of Sao Paulo; College of Agriculture “Luiz de Queiroz”; Department of Genetics. *Corresponding Author: otaviogc@usp.br

Maize breeding programs aim to select single-crosses with better performance, stability and adaptability than the current ones in use by farmers. Although stability and adaptability are important for releasing them as cultivars, little is known about their genetic basis, i.e., the relative importance of the additive and non-additive genetic effects on their inheritance. Thus, the present study was carried out to assess the genetic effects of the adaptability and stability in a set of maize single-crosses for grain yield (GY). Eight and six inbred lines, developed from two synthetic populations, were crossed following the partial diallel mating design. Forty-eight experimental plus a commercial single-cross were evaluated in 28 environments, resulting from the combination of agricultural year x sowing date x location x cover fertilization x bacteria inoculation. The experimental design was a lattice 7 x 7 with two replications per environment. The Eberhart and Russell (1966) regression model was used in order to compute the adaptability ($\hat{\beta}_1$) and stability ($\hat{\sigma}_{\delta}$) figures for each single-cross. The figures of these parameters were subsequently analyzed following the Griffing's method IV of the partial diallel. Notice that the stability was analyzed as the square root of the stability parameter ($\hat{\sigma}_{\delta}^2$) in order to have it in the same unity as for GY. Thirty (61.23%) of the experimental single-crosses did not differ from the mean of the commercial single-crosses; and fifteen (30.61%) of them also presented wide adaptation and high stability. The diallel analysis showed that the additive (general combining ability) and non-additive genetic effects (dominance and epistatic – specific combining ability) were both present in the control of the parameters of adaptability ($\hat{\beta}_1$) and stability ($\hat{\sigma}_{\delta}$). For adaptability, the contribution of the additive effects was similar to the contribution of the non-additive effects (43.17% vs. 56.83%, respectively), whereas for stability the contribution of the non-additive effects (74.91%) was higher than the contribution of the additive effects (25.09%) on the single-crosses variation. Therefore, these results showed that are different gene actions underlying the two parameters related to stability and adaptability in maize hybrids, since for adaptability both effects presented similar contribution, while for stability non-additive effects were about three fold as much as important than additive effects. In conclusion, this study allowed assessing that the stability and adaptability parameters were both genetically controlled and that the type of gene action underlying these parameters differed considerably.

Keywords: breeding; hybrids; gene action.

Acknowledgments: CAPES and CNPq.

DISSIMILARITY BETWEEN OPEN-POLLINATED VARIETIES OF MAIZE USING PRODUCTION COMPONENTS

Camila Baptista do Amaral¹; Kian Eghrari¹; Gustavo Vitti M^oro¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP. *E-mail for correspondence: camila.agro07@gmail.com.

Open-pollinated varieties of maize have a complex genetic structure, thus allowing its use as source of variability for obtaining inbred lines or as parental for intervarietal hybrids. In both cases, the determination of genetic dissimilarity contributes to improve the breeding process because it allows to explore the heterotic effect. Therefore, the aim of this study was to estimate the genetic dissimilarity between open-pollinated varieties of maize using production components. Two experiments were conducted at Jaboticabal, São Paulo, Brazil, in 2016/2017 agricultural year, and the experimental design used was randomized block, with 14 treatments and five replications. The treatments were constituted by 12 experimental open-pollinated varieties of maize and two controls, (AL Avaré and Ipanema). The plots were represented by two rows of 5 m, containing 14 plants each. Five ears of each plot were harvested to determine ear length, ear diameter, number of rows per ear, number of kernels per row and five hundred-grain weight. Grain yield was also determined by harvesting all ears from the plot, and the value was adjusted to 13% grain moisture and corrected by covariance of ideal stand for 56,000 plants ha⁻¹. The data were also submitted to multivariate class analysis to obtain the dissimilarity matrix using Euclidean distance, and later processed to the cluster analysis using Ward's method. The cut-off point for the formation of the groups was calculated based on the average distance between the varieties, standard deviation and the coefficient K, fixed as 1.25. The cophenetic correlation coefficient was also estimated. The analyses of variance for varieties was significant for all traits, indicating the presence of variability between the varieties. There was no interaction between varieties and experiments, suggesting that the behavior of one factor is independent of variation of other factor for the evaluated traits, and the response of the varieties is similar among the experiments. Considering the cut-off point, the clustering analyses provided the formation of two groups, one with five varieties and both controls and other with the remaining varieties. Within the group one, three sub-groups were formed, with two, one and four varieties. Within the group two, also three sub-groups were formed, allocating two, three and two varieties each. The cophenetic correlation coefficient estimated was 0.90, indicating low information distortion in the construction of the dendrogram. Thus, it is possible to conclude that there is variability between the varieties studied, which can be allocated in two groups with three sub-groups each.

Key-words: *Zea mays*; genetic diversity; cluster analysis.

Acknowledgements: We thank CAPES for the scholarship to the first author and FCAV for the support.

DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES E LINHAGENS DE AVEIA BRANCA

Evandro Ehlert Venske¹; Airton da Silva Rosa¹; Anderson da Silva Rodrigues¹;
Cezar Augusto Verdi²; Vianeí Rother²; Liamara Thurow²; Antonio Costa de
Oliveira³

¹Graduando UFPEL ²Doutorando UFPEL ³Professor UFPEL
*evandrovenske@rocketmail.com

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é um cereal de inverno de múltiplos propósitos, sendo considerado um dos cereais com a maior diversificação no uso. Esta cultura se destaca quanto as características de seus grãos, a produção de forragem altamente nutritiva e também na forma de cobertura de solo. O objetivo desse trabalho foi observar o coeficiente de dissimilaridade entre os genótipos de aveia branca. Os ensaios foram conduzidos no ano de 2016 no Centro Agropecuário da Palma, localizado no município de Capão do Leão/RS, pertencente a Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), no campo experimental do Centro de Genômica e Fitomelhoramento (CGF). Os genótipos utilizados compreendem as linhagens e cultivares dos ensaios da Comissão Brasileira de Pesquisa de Aveia (CBPA), totalizando 54 genótipos. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com três repetições. Avaliou-se cinco caracteres: peso do hectolitro, ciclo, estatura, rendimento de grãos e rendimento industrial. Os dados foram submetidos à análise de variância, posteriormente procedeu-se análise da contribuição relativa dos caracteres para distância e em seguida a análise multivariada de dissimilaridade por variáveis canônicas. As análises foram realizadas através do software GENES. O caráter rendimento de grãos apresentou a maior contribuição relativa para a formação das distâncias, (40,03%). Certamente esta contribuição expressiva se deve a grande amplitude de valores observados genótipos. Na análise de dissimilaridade por variáveis canônicas, foi possível observar a formação de três grupos distintos, sendo dois com maior distância e um intermediário. Um grupo com os genótipos da UFRGS, o grupo intermediário com os genótipos da UFPel, e um grupo com os genótipos provenientes dos demais programas de melhoramento. Os genótipos em geral apresentam considerável distância genética, revelando assim, a presença de grande dissimilaridade entre as cultivares e as linhagens. Essa dissimilaridade evidencia a existência de variabilidade genética entre as linhagens do ensaio. A observação de genótipos distintos permite vislumbrar que a exploração da variabilidade pode permitir ao longo dos próximos anos, ganhos genéticos favoráveis, não sendo observada um estreitamento na base genética da cultura. Dessa forma, é possível concluir que, existe uma considerável dissimilaridade entre as cultivares e linhagens presentes nos ensaios da CBPA. A exploração da variabilidade disponível aumenta a chance de ganhos genéticos nos programas de melhoramento da aveia branca.

Palavras-chave: *Avena sativa*; dissimilaridade; base genética;

Agradecimentos: CNPQ, CAPES e FAPERGS.

DISTRIBUIÇÃO RADICULAR E HÁBITO DE CRESCIMENTO EM FEIJÃO

Rita Carolina de Melo^{1*}; João Pedro Fossa Bernardy¹; Nicole Trevisani¹; Édila de Lurdes Almeida¹; Matheus Gabriel Ferreira de Sousa¹; Altamir Frederico Guidolin¹; Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹

¹ Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) * E-mail do autor para correspondência: rita_carol_mel@hotmail.com

Estudos a respeito das alterações climáticas prevêem a ocorrência de estresse hídrico, associado à mobilidade limitada de fertilizantes nos sistemas agrícolas. A seleção de genótipos com sistema radicular profundo e bem distribuído pode contornar ou minimizar estes problemas. Além disso, determinadas associações entre a distribuição radicular e outros caracteres na cultura do feijão podem ocorrer permitindo a seleção de genótipos adaptados aos ambientes desfavoráveis, como por exemplo, a deficiência hídrica. O objetivo do trabalho foi relacionar e comparar a distribuição radicular com o hábito de crescimento em feijão. Foram avaliados 10 genótipos de feijão de distintos hábitos de crescimento, quanto ao caráter distribuição radicular em dois anos agrícolas (2014/15 e 2015/16). Os genótipos responderam na mesma proporção com relação ao caráter distribuição radicular ao longo dos anos agrícolas, não ocorrendo assim interação genótipos x anos. Diferentemente, os efeitos principais de genótipo e ano foram significativos realçando a variabilidade genética entre os genótipos de distintos hábitos de crescimento. Os genótipos de hábito determinado revelaram diferenças significativas com todos os demais genótipos (tipo II e III), fato este atribuído ao desempenho inferior dos mesmos na média dos anos agrícolas. Dentre eles, o Carioca precoce é o que apresenta maior distribuição radicular média ($\mu O = 0,34$) e também o que apresenta comportamento mais similar aos demais hábitos, podendo ser considerado um genótipo mais “plástico” em condições restritivas. Os contrastes revelaram diferenças entre os grupos de hábitos de crescimento I vs II e I vs III, com relação a distribuição radicular nos dois anos agrícolas, diferentemente para o caráter rendimento de grãos, onde as diferenças foram observadas apenas em 2014/15 (ano favorável ao desenvolvimento da cultura). Assim, plantas com hábito de crescimento indeterminado apresentam maior distribuição radicular comparativamente às plantas de hábito determinado independente das condições de ambiente. Sendo mais promissoras para utilização em blocos de cruzamentos, quando a finalidade é a seleção de cultivares adaptada a ambientes com estresse.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Estresses abióticos; Interação genótipos x ambientes.

Agradecimentos: À Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro no desenvolvimento deste trabalho.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO NA REGIÃO DE CÁCERES – MT

Gustavo Igor dos Santos Delforno¹; Bruno Wagner Zago¹; Robson Flores de Oliveira¹; Ronaldo Costa Lacerda¹; Paulo Henrique Moron Pereira Leite¹; Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia – Universidade do Estado de Mato Grosso, *Campus Cáceres* - MT. *E-mail do autor para correspondência: gustavodelforno@hotmail.com

No Brasil há uma ampla variabilidade genética de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), resultando em uma vasta diversidade de cultivares disponíveis para o cultivo. Essa cultura é um importante componente da dieta alimentar do brasileiro, devido ao seu alto teor de proteína e seu elevado valor nutricional. Portanto, o objetivo desse trabalho consiste em avaliar a divergência genética de cultivares de feijão por meio de análises de média e técnicas multivariadas, a partir de caracteres morfoagronômicos. O experimento foi realizado na unidade experimental pertencente à EMPAER, Cáceres – MT. Foram avaliadas 25 cultivares de feijão comum cedidas pela Embrapa Arroz e Feijão. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliados oito caracteres morfoagronômicos, sendo eles: número de dias para o florescimento; altura média da planta; altura média da inserção da primeira vagem; comprimento longitudinal médio das vagens; número médio de vagens por planta; número médio de sementes por vagem; peso médio de sementes e produção de grãos. As características avaliadas foram submetidas à análise de variância e comparados pelo teste de médias de Tukey. A divergência genética entre as cultivares foi avaliada através da análise multivariada, os cultivares foram agrupados utilizando-se o método de agrupamento hierárquico de UPGMA, baseado na distância generalizada de *Mahalanobis*. A distância de *Mahalanobis* mostrou que os cultivares Iraí e CNFC 10432 foram os mais dissimilares (D^2_{ij} : 586,90). O agrupamento de UPGMA segregou as cultivares em seis grupos, sendo eles: grupo I, formado pelos cultivares CNFC 10431, CNFC 10432, CNFC 10455, CNFC 10444 e CNFC 10438; grupo II, formado pelos cultivares Magnífico, CNFC 10429 e BRS Pontal; grupo III, formado pelos cultivares Carioca Pitoco, Carioca, CNFC 10408, Bambuí, CNFC 10410, Carioca Similar, e CNF 6911; grupo IV, formado pelos cultivares Pérola, CNFC 10470, IAPAR 81 e CNFC 10467; o grupo V, formado pelos cultivares Goiano Precoce e CNFM 7119 e o grupo VI, formado pelos cultivares Novo Jalo, Jalo Precoce, Iraí e BRS Radiante. Os resultados confirmam que as cultivares Goiano Precoce, Iraí e BRS Radiante são os cultivares mais precoces e a cultivar IAPAR 81 destacou-se por apresentar a maior produtividade com relação ao número de sementes por planta e maior peso médio de sementes, podendo, portanto, considerar esses acessos como potenciais progenitores em um programa de melhoramento de feijão.

Palavras-chave: Cultivares; Morfoagronômicos; *Phaseolus vulgaris*

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE GENITORES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Priscilla Neves de Santana¹; Ana Carolina Fagundes da Silva Martins¹;
Alexandre Siqueira Guedes Coelho¹; Américo José dos Santos Reis¹, Lázaro
José Chaves¹

¹Universidade Federal de Goiás. E-mail do autor para correspondência: pritneves@yahoo.com.br

A escolha adequada de genitores a serem cruzados para gerar variabilidade genética é condição essencial para aumentar a eficiência de um programa de melhoramento de cana-de-açúcar. A capacidade de combinação de genótipos em cruzamentos realizados e a divergência genética entre eles constituem uma medida de potencial genético em cruzamentos futuros. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético verificando a capacidade específica de combinação (CEC) de genitores de cana-de-açúcar com medidas de distância genética obtidas por genealogia e marcadores microssatélites. A variável básica usada para estimação da CEC foi a taxa de seleção de cruzamentos na fase inicial do programa de melhoramento genético da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucoenergético (PMGCA/RIDESA), resultante da seleção praticada avaliando variáveis primárias de importância para a espécie. A taxa de seleção média de cada cruzamento foi predita utilizando a metodologia BLUP. A análise dos dados foi realizada utilizando o método IV proposto por Griffing (1956), adaptado para o conjunto de cruzamentos disponível, detalhando os efeitos de Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC). Os efeitos preditos de CEC foram correlacionados com estimativas de similaridade genética obtidas usando o coeficiente de Dice a partir de marcadores SSR e com o coeficiente de parentesco de Malècot. A similaridade genética obtida pelo coeficiente de parentesco, mostrou uma correlação negativa e significativa ($r = -0,0591$), porém de baixa magnitude com CEC. Embora a correlação tenha sido de baixa magnitude, valores altos de CEC estiveram associados a baixo coeficiente de parentesco. Valores baixos de CEC ocorreram com diferentes níveis de parentesco entre genitores. Não houve significância para a correlação da distância genética estimada por marcadores e CEC ($r = -0,0821$). Concluiu-se que a divergência estimada por parentesco ou com marcadores não são bons preditores da capacidade de combinação de cruzamentos específicos. A taxa de seleção de cruzamentos realizados mostrou-se eficiente para estimar a capacidade de combinação de genitores.

Palavras-chave: *Saccharum*; melhoramento genético; variabilidade genética.

Agradecimentos: À Ridesa e ao Centro Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Cnpq).

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES EM SOJA TN, NO TOCANTINS

Aristoteles Capone*¹; Alex Sandro Dario¹; Mateus Zatt Menegon¹; Lucas Antonio Lampert Vicentino¹; Marony Pereira de Almeida Santos¹; Hélio Bandeira Barros¹

¹ Universidade Federal do Tocantins, * aristotelescapone@hotmail.com.br

A soja (*Glicine Max*) como alimento humano, apresenta vários benefícios à saúde humana, mas seu consumo encontra resistência pelos ocidentais, devido ao sabor adstringente os quais são proporcionados em grande parte pela presença das enzimas lipoxigenases. Os cultivares TN (triplo nulo, ausência de lipoxigenases) devido suas características não se adaptaram quando inseridos diretamente ao Estado do Tocantins. Diante desta problemática iniciou-se primeiro o estudo de divergência genética, com dezenove cultivares de soja convencional e TN, por meio de técnicas multivariadas, baseadas em caracteres fisiológicos e morfo-agronômicos; estes genótipos foram cultivados na várzea irrigada do Estado do Tocantins, local escolhido para expressão máxima de sua capacidade genética. O experimento foi conduzido no município de Formoso do Araguaia – TO, em cultivo de várzea irrigada na entressafra de 2012. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com quatro repetições. Sendo utilizados os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA. Foram formados cinco grupos de cultivares dissimilares em ambos os métodos de agrupamento. As características que mais contribuíram para a dissimilaridade foram florescimento e número de sementes por planta. Com base na divergência sugeriu-se cruzamentos entre os cultivares do Grupo III com Amaralina RR, para produção de grãos e do Grupo V com BRS216, para produção de grãos do tipo alimentação humana. O segundo estudo teve como objetivo identificar híbridos TN selecionados em uma população do quarto ciclo de autofecundação (F4) através de técnicas que utilizam marcadores moleculares. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal do Tocantins Campus de Gurupi – TO. Foram realizadas hibridações entre genótipos de soja adaptados e TN. Obteve-se a população F1 em casa de vegetação, F2, F3 e F4 foram a campo, sendo que na geração F4 foram selecionadas plantas superiores para análise de DNA, com a finalidade de identificar plantas com a característica ausência completa das LOX2 e 3. Foram selecionadas cento e setenta e uma plantas, de onde se obteve sucesso da extração de DNA de cento e quarenta e três. Fez-se PCR de todas as amostras de DNA. Concluiu que, é possível hibridação entre genótipos adaptados ao Estado do Tocantins e TN. O método de extração de DNA CTAB é eficiente. Os *primers* amplificadores das regiões LOX2 e 3 confirmaram como ferramenta essencial em programa de melhoramento genético de soja para alimentação humana. Foram identificados 34 híbridos com ausência completa de LOX2 e 3, confirmados com a técnica da PCR.

Palavras-chave: *Glicine max*; Diversidade; Melhor Sabor

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO CARIOCA

Ronaldo Costa Lacerda^{1*}; Valvenarg Pereira da Silva¹; Paulo Henrique Moron Pereira Leite¹; Marcello José Arruda¹; Gustavo Igor dos Santos Delforno¹, Aldair José Pereira do Nascimento; Marco Antonio Aparecido Barelli¹.

¹Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT – Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia – Campus de Cáceres. *E-mail: lacerda_rc@hotmail.com

O melhoramento genético brasileiro de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) baseia-se exclusivamente na exploração da variabilidade genética por meio de hibridações de cultivares e linhagens, visando à obtenção de gerações segregantes superiores. Desta maneira é imprescindível o estudo da dissimilaridade genética entre as cultivares. Neste contexto, a presente trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética entre cultivares de feijão comum do grupo carioca. A pesquisa foi realizada no Centro de Pesquisa e Extensão da Empresa Mato-grossense de Pesquisa e Extensão Rural (EMPAER), no município de Cáceres. Os 14 genótipos de feijão comum do grupo carioca avaliados foram: Pérola, Magnífico, BRS Pontal, Iapar 81, CNFC 10408, CNFC 10410, CNFC 10429, CNFC 10431, CNFC 10432, CNFC 10438, CNFC 10444, CNFC 10455, CNFC 10467, CNFC 10470. O experimento foi implantado em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, onde foram avaliados os seguintes caracteres agrônômicos: Número de dias para o florescimento (FLORESC), Ciclo da planta (CICLO), Altura média final das plantas (ALTP), Altura média da inserção da primeira vagem (ALTINS), Comprimento longitudinal médio das vagens (CLMV), Número médio de vagens por planta (NMVP), Número médio de sementes por planta (NMSP), Número médio de sementes por vagem (NMSV), Peso médio de sementes (PMS) e Produção de grão (PG). Os dados obtidos de cada característica foram submetidos à análise de variância e à divergência entre os genótipos, foi realizada com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis*. As análises foram realizadas utilizando o programa computacional Genes, versão 2013. A análise de variância mostrou diferença estatística entre os genótipos avaliados, ao nível de 1 % para os caracteres FLORESC, ALTP, ALTINS, CLMV e a 5 % para o caractere PMS e NMSV o que confirma a existência de variabilidade entre as cultivares avaliadas, para as características CICLO, NMVP, NMSP e PG não foram encontradas diferenças estatísticas entre os genótipos avaliados. Em relação à matriz de dissimilaridade, fundamentado pela distância generalizada de *Mahalanobis*, observa-se que os genótipos mais dissimilares foram CNFC 10432 e CNFC 10470, com (D^2_{ij}) 290,37, e os genótipos mais similares foram apresentados pelos acessos CNFC 10431 e CNFC 10444 em virtude do valor de (D^2_{ij}) 6,37. As cultivares avaliadas apresentaram divergência genética em relação aos caracteres avaliados, sendo potenciais fontes para futuros programas de melhoramento de feijão do tipo carioca.

Palavras-chave: Divergência genética; Feijão carioca; Distância Generalizada de *Mahalanobis*

Agradecimentos: Ao Centro de Pesquisa e Extensão da Empresa Mato-grossense de Pesquisa e Extensão Rural (EMPAER), pela disponibilização da área para a pesquisa.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS AVALIADAS PARA PRODUÇÃO DE MILHO VERDE

Maraiza Lima Costa*¹; Danielle Fabíola Pereira da Silva²; Gustavo Souza Lima¹
; Jefferson Fernando Naves Pinto³; Edésio Fialho dos Reis²

¹Graduando em Agronomia-Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, *maraiza-15@hotmail.com; gustavoagroufg@gmail.com; ²D.Sc., Universidade Federal de Goiás, Regional Jataí, daniellefpsilva@gmail.com; edesiofr7@gmail.com; ³ MSc. Técnico laboratório de recursos genéticos e biotecnologia.

O consumo de milho verde vem se tornando cada vez mais expressivo, sendo esse cereal, o segundo mais consumido no Brasil, compondo uma vasta gama de pratos doces e salgados. Porém, observa-se um reduzido número de cultivares disponíveis para este tipo de cultivo. Objetivou-se com o presente trabalho caracterizar a divergência genética entre famílias de meios-irmãos originadas de uma população com potencial para produção de milho verde. O experimento foi realizado na Universidade Federal de Goiás-Regional Jataí, com 86 famílias de meios-irmãos provenientes da população TG02-R2, obtida de 2 ciclos de seleção recorrente com recombinação das melhores famílias com foco no tamanho da espiga e profundidade do grão, a população que deu origem às famílias também foi inserida no experimento (TG02-R2). Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso com três repetições, com parcelas representadas por linhas de cinco metros espaçadas 0,9m e, 0,2m entre plantas, resultando em 25 plantas por parcela. A cada dez parcelas foi utilizado o híbrido comercial (AG1051) recomendado para produção de milho verde. Foram identificadas cinco plantas por parcela, em período anterior ao florescimento, sendo essas plantas avaliadas para os seguintes caracteres: FM-florescimento masculino e FF-florescimento feminino (dias), EP-empalhamento das espigas, PU-peso útil (Kg), DE-diâmetro de espiga e CE-comprimento de espiga (cm), FRM-formato das espigas, AL-alinhamento das fileiras na espiga, NF-número de fileiras da espiga e COR-cor dos grãos. Após a coleta dos dados efetuou-se a Análise de Variância e procedeu-se ao agrupamento pelo método de Tocher utilizando-se a matriz de distância generalizada de Mahalanobis. Com base nos resultados pode-se evidenciar a variabilidade contida no material o qual foi agrupado em 18 diferentes grupos pelo método Tocher, sendo o híbrido AG1051 compondo um grupo isoladamente, indicando divergência em relação às famílias avaliadas e a população base. Com base nos resultados, uma das alternativas para compor novas populações seria o cruzamento da população-base com o híbrido AG1051, pois os mesmos mostraram-se divergentes. Ainda a seleção de famílias de bom desempenho e divergente pode ser uma boa alternativa para recombinação e futuros trabalhos de seleção recorrente.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; agrupamento; variabilidade.

Agradecimentos: Aos órgãos de pesquisa CNPq, CAPES, FAPEG.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO SUPER DOCE POR MEIO DE MARCADORES MORFOAGRÔNICOS

Welton Luiz Zaluski^{1*}; Emanuel Gava²; Itaciano Junior Lepper Regente³; Jocimar Costa²; Diego Fernando de Marck⁴ e Marcos Ventura Faria⁵.

¹Doutorando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ²Mestrando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ³Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ⁴FERTIZAN, Guaraniaçu-PR; ⁵Professor Associado. do Departamento de Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. *weltonzalsuki@gmail.com.

Na literatura são poucos os trabalhos que utilizam estimativas de divergência genética entre genitores de milho super doce para orientação em cruzamentos. Neste sentido, o objetivo foi estimar a divergência genética entre diferentes genótipos de milho super doce por meio de marcadores agronômicos, com intuito de auxiliar na predição de possíveis combinações híbridas. Foram avaliadas 16 linhagens de milho superdoce pertencentes ao banco de germoplasma do programa de melhoramento da Universidade Estadual do Centro-Oeste do Paraná (UNICENTRO), sendo oito linhagens utilizadas como genitores femininos e oito linhagens masculinos, respectivamente, em esquema dialélico parcial 8x8, resultando em 64 híbridos experimentais, juntamente com dois híbridos comerciais. O experimento foi conduzido no campo experimental da UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil, na safra 2016/17. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com 3 repetições. Dez variáveis quantitativas foram selecionadas com base no diagnóstico de multicolinearidade para o estudo da divergência genética, a partir das estimativas da distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Foi estimada a importância relativa das variáveis para o estudo da divergência genética, de acordo com a metodologia proposta por Singh. O critério utilizado para escolha das características foi a presença de significância na análise de variância ($p < 0,05$) e um baixo valor de multicolinearidade. O valor final de multicolinearidade observado para as dez características foi considerado baixo (55,12) validando a análise de agrupamento. As variáveis com maior contribuição para o estudo de divergência genética foram altura de planta (20,9%), diâmetro de espiga (18,9%) e produtividade de espigas com palha (17,2%), respectivamente. A eficiência do método de agrupamento foi comprovada por meio do coeficiente de correlação cofenética, o qual apresentou um valor adequado (0,78). Os genótipos foram divididos em seis grupos. Os híbridos D5-41 x D3-39 e D5-42 x D2-74 tiveram a menor distância. O uso de caracteres agronômicos foi eficiente no estudo da divergência e no agrupamento dos genótipos, que podem auxiliar no estudo da variabilidade genética dentro dessa população direcionando cruzamentos futuros para obtenção de híbridos.

Palavras-chaves: dialelo, Mahalanobis, Singh.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO

Diego Gonçalves Caixeta¹; Wemerson Mendonça Rezende¹, Marcos Paulo Rosa¹; Leandro Tonello Zuffo¹; Mateus Cupertino Rodrigues¹; Rodrigo Oliveira DeLima¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

O objetivo principal de um programa de melhoramento de milho é obtenção de novos híbridos a partir de linhagens endogâmicas. Essas são rotineiramente extraídas de populações de base genética estreita provenientes do cruzamento entre híbridos comerciais ou da autofecundação desses. Além disso, é importante obter populações base de híbridos comerciais que se destacaram em condições de estresse de nutrientes no solo, e o nitrogênio (N) é o nutriente com maior importância para a cultura do milho. Assim, o objetivo desse trabalho foi estudar a divergência genética entre híbridos comerciais de milho avaliados em condições contrastantes de N. Para isso, 87 híbridos comerciais de milho, oriundos de diversas empresas de sementes, na safra 2015/16, foram avaliados em dois experimentos: um em baixo N (18 kg ha⁻¹ de N) e outro em alto N (198 kg ha⁻¹ de N). Os demais nutrientes e os tratamentos culturais foram os mesmos para dois experimentos. Os experimentos foram conduzidos no delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída por duas fileiras de quatro metros, espaçadas em 0,80 m. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), área foliar (AF, cm²), comprimento de entrenó (CN, cm), número de fileiras (NF), comprimento de espiga (CE, cm), profundidade de grãos (PfG, cm), peso de 1000 grãos (P1000, g), massa hectolitro (PHE, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Empregou-se a distância generalizada de *Mahalanobis* para estimar a matriz de distância entre os híbridos e utilizou o método de agrupamento de ligação média entre grupo para gerar um dendograma. Os híbridos apresentaram diferença significativa ($P < 0,05$) para todos os caracteres avaliados. Dentre os caracteres avaliados, os que mais contribuíram para a diversidade genética em AN foram AP (20,72%), NF (12,69%), AE (11,15%) e PG (11,41%) e, em BN, os que mais contribuíram foram AE (18,82%), NF (18,46%), AP (9,12%) e PG (5,24%). Os híbridos foram agrupados em 24 e 19 grupos divergentes, em BN e AN, respectivamente. Em ambos níveis de N, 34% dos genótipos avaliados, foram alocados no grupo. Entretanto, houve 10 grupos em baixo N e 7 em alto N que foram formados por um único híbrido cada. Conclui-se que os híbridos avaliados não possuem uma base genética tão estreita e que podem ser utilizados para obtenção de populações base para a extração de linhagens.

Palavras-chave: *Zea mays*; diversidade; agrupamento.

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo suporte financeiro.

DIVERSIDADE DE FEIJÃO PRETO CULTIVADOS NO ESPÍRITO SANTO

Marina Santos Carvalho¹; Matheus Alves Silva¹; Cíntia Machado de Oliveira Moulin Carias¹; Edson Fernando Braga da Silva¹; Sheila Cristiana Prucoli Posse²; Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira^{1*}

¹Universidade Federal do Espírito Santo. ²Instituto Capixaba de Pesquisa Assistência Técnica e Extensão Rural. *E-mail do autor para correspondência: adesioferreira@gmail.com.

O feijão preto é o segundo tipo comercial mais consumido no Brasil. No estado do Espírito Santo o cultivo de feijão é predominantemente realizado por pequenos agricultores em uma agricultura de subsistência. Os estoques locais de sementes existentes nas propriedades familiares representam um valor genético precioso para a manutenção da biodiversidade e segurança alimentar. O cultivo desses genótipos proporciona a conservação dos recursos genéticos do feijão. O conhecimento da diversidade genética permite a escolha do genótipo e do método de seleção adequado, em função dos recursos disponíveis. Com este trabalho objetivou-se avaliar a diversidade genética entre 43 genótipos de feijão preto coletados em feiras e propriedades rurais no estado do Espírito Santo, bem como acessos oriundos da coleção do INCAPER, utilizando dez marcadores microssatélites. Dentre os genótipos 31 foram crioulos, nove cultivares e três linhagens. Quarenta alelos foram amplificados variando de um a seis alelos por *locus*, com conteúdo de informação polimórfica médio de 0,391. Foi encontrado um baixo índice de heterozigosidade observada com de média 0,03. Os genótipos mais divergentes foram o FP14, FP25 e FP43. Também foi possível verificar a formação de três grupos. O primeiro grupo foi formado por todos os genótipos comerciais, duas linhagens e a maioria dos acessos crioulos (67,74%). Uma pequena porção de genótipos crioulos (19,35%) foram agrupados em um segundo grupo. O terceiro grupo foi composto por um genótipo crioulo e uma linhagem. Existe grande variabilidade genética entre acessos crioulos cultivados no Espírito Santo, tais genótipos podem ser utilizados em programas de melhoramento para a cultura.

Palavras-chave: feijão crioulo, microssatélites, *Phaseolus vulgaris* L.

Agradecimentos: UFES, FAPES, CAPES e ao CNPq.

DIVERSIDADE GENÉTICA BASEADA EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE MAMONEIRA

Ariana S. de Menezes¹; Gabriel dos S. Figueirêdo^{1*}; Gabriela R. Ayres¹; Marília I. F. Rocha¹; Yslai S. Peixoto¹; Leandro S. Peixoto¹

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor para correspondência: gabriel_pma07@hotmail.com

A mamoneira é cultivada em quase toda a Bahia, principalmente por pequenos agricultores. A análise da diversidade genética auxilia o melhoramento na busca por cruzamentos envolvendo genitores geneticamente diferentes, que são mais promissores para produzir alto efeito heterótico além de maior variabilidade genética em gerações segregantes. O objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética entre sete cultivares de mamona no Semiárido Baiano por meio de descritores morfológicos. O experimento foi conduzido no IF Baiano *campus* Guanambi, localizado no Sudoeste Baiano. Foram utilizadas as cultivares IAC 2028, IAC 226, IAC Guarani, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia e EBDA MPA11. O experimento foi montado em DBC com 9 plantas por parcela, 3 repetições e espaçamento de 2 m x 1 m. As variáveis coletadas foram: da planta a arquitetura; do caule o diâmetro, inserção no racemo primário, número de entrenós, cerosidade, coloração; da folha avaliou-se a face superior do limbo, pigmentação das nervuras, cerosidade da face superior do limbo, coloração da face superior do limbo; da inflorescência flores femininas no racemo e flores masculinas no racemo; do fruto avaliou-se densidade do racemo, forma do racemo, cerosidade, coloração, presença de acúleos, densidade dos acúleos e coloração dos acúleos. As distâncias genéticas entre os isolados foram avaliadas por meio de matriz de dissimilaridade, realizando o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA, construindo assim, um dendrograma e o coeficiente de correlação cofenético com o uso do Software R e o pacote *vegan*. Na matriz de dissimilaridade genética observou-se maior distância entre as cultivares IAC 2028 e BRS Paraguaçu de 0.44 e a menor entre as cultivares BRS Guarani e IAC 226 de 0.07. No dendrograma obteve-se dois grupos, sendo o primeiro formado pelas cultivares EBDA MPA11 e BRS Paraguacu, e as demais cultivares pertencem ao segundo grupo. O coeficiente de correlação cofenético foi $r=0.72$ apresentando magnitude significativa entre a matriz e o dendrograma. Este coeficiente é uma medida de concordância entre os valores originais de dissimilaridade e aqueles representados no dendrograma, conferindo maior confiança ao agrupamento apresentado. Com isto, pode-se inferir que na Região do Semiárido baiano a maioria das cultivares estudadas são similares, indicando que os cruzamentos mais promissores para formação de populações segregantes devem ser entre as cultivares IAC 2028 ou BRS Paraguaçu como um dos parentais em relação as demais cultivares estudadas.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L; Semiárido; Melhoramento vegetal

Agradecimentos: Ao IF Baiano pelo apoio.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM LINHAGENS DE MILHO COM USO DO MARCADOR AFLP

Nicholas Vieira de Sousa^{1*}; Willian Giordani¹, Luiz Júnior Perini¹; Douglas Mariani Zeffa²; Gustavo Henrique Freiria¹, Mayara Barbosa Silva², Leandro Simões Azeredo Gonçalves¹

¹Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, PR, Brazil.

²Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, PR.

* E-mail do autor para correspondência: nicholasvieira2011@gmail.com

O milho é a espécie que apresenta a maior diversidade genética entre os cereais, demonstrada por inúmeras cultivares adaptadas a diferentes regiões, climas e solos, e tolerância a vários estresses bióticos e abióticos. Conhecer e acessar essa variabilidade é essencial para o melhoramento da cultura. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética de linhagens de milho do banco de germoplasma da Universidade Estadual de Maringá (UEM) utilizando marcador AFLP. Foram avaliadas 145 linhagens de milho, sendo 77 de milho comum e 68 de milho-pipoca. Aproximadamente 30 dias após emergência foram coletadas as folhas de cada linhagem para extração de DNA. As reações de AFLP foram realizadas utilizando quatro combinações de *primers* (E-ACG e M-CAG, E-AGC e M-CAG, E-ACT e M-CTG, e E-AAG e M-CTG) e os produtos da amplificação foi submetido à eletroforese capilar em sistema automatizado. Por meio do coeficiente de similaridade de Jaccard foram estimadas as distâncias genéticas entre as linhagens e, posteriormente realizada a análise de agrupamento hierárquico Ward. Para a estimativa da estrutura populacional foi utilizada modelagem bayesiana, em modelo assumindo clusters mistos (admixture) e frequências alélicas correlacionadas. Foram geradas 1008 bandas, sendo 975 polimórficas, indicando uma alta variabilidade existente entre as linhagens. O agrupamento de Ward separou as linhagens em dois grandes grupos compostos predominantemente por linhagens classificadas como milho comum e pipoca. A partir das simulações geradas pelo Structure foi definido o número ótimo de grupos de $K=2$, sendo parcialmente concordante com o agrupamento de Ward. Vinte oito linhagens foram classificadas como admixture por possuírem coeficiente de adesão menor do que 0,7 para ambos os grupos, sugerindo que estes compartilhem locos comuns aos dois grupos. A separação dos genótipos de milho em dois subgrupos, conforme observado nesse trabalho permite um melhor entendimento da diversidade genética do banco de germoplasma da UEM, especialmente para milho-pipoca.

Key-words: *Zea mays* L.; Variabilidade Genética; Marcadores Moleculares

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL

Nathan Lamounier Lima¹; Maria Eduarda Jardim Silva¹; Andreia Schuster¹;
Wemerson Mendonça Rezende¹; Leandro Tonello Zuffo¹; Rodrigo Oliveira
DeLima^{1*}

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

Híbridos de milho são obtidos pelos cruzamentos entre linhagens endogâmicas que manifestam heterose. O objetivo desse trabalho foi estudar a diversidade genética entre linhagens de milho tropical do Banco Ativo de Germoplasma do Programa Milho, programa de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa. 186 linhagens de milho foram avaliadas fenotipicamente na segunda safra de 2016 quanto aos caracteres: plantas acamadas e quebradas (ACQ); comprimento de folha (CF, cm); largura de folha (LF, cm); área de folha (AF, cm²); prolificidade (PRL, espigas planta⁻¹); altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm); diâmetro do colmo (DC, mm); número de nós abaixo da espiga (NNBE) e acima da espiga (NNAE); número de fileiras da espiga (NF); profundidade de grão (PF, mm); comprimento de espiga (CE, cm); peso de 1000 grãos (P1000, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros, espaçadas em 0,8 m. Foi utilizado o delineamento experimental em blocos incompletos (alfa-látice 17x11), com duas repetições. Os valores genéticos foram preditos pela metodologia de modelos mistos. Empregou-se a distância Euclidiana Média para estimar a matriz de distância entre linhagens e método de agrupamento de ligação média entre grupo (UPGMA) para gerar um dendograma. A determinação do número de grupos foi estabelecido pelo Método de Mojema. A análise de diversidade genética alocou as linhagens em 21 grupos. O maior grupo consistiu cerca de 50% das linhagens. Seis grupos incluíram apenas uma linhagem em cada, o que indica a presença de grande dissimilaridade dessas em relação às demais. A distância média geral entre as linhagens foi de 1,37. As linhagens menos divergentes foram as VML050 e VML167 (distância genética = 0,41) e as mais divergentes foram VML039 e VML085 (distância genética = 3,02). Os pares de linhagens VML033 e VML025, VML015 e VML022, VML062 e VML033, VML108 e VML080, VML088 e VML111, e VML167 e VML050 se mostraram muito aparentados, com distância inferior a 0,50. Os pares VML085 e VML039, VML085 e VML040, VML144 e VML039, VML182 e VML097, VML 182 e VML099, e VML182 e VML144 se mostraram muito divergentes, com distância superior a 2,93. Conclui-se que há divergência genética entre as linhagens de milho tropical e cruzamentos entre linhagens de diferentes grupos podem ser realizados para obtenção de híbridos superiores.

Palavras-chave: grupos heteróticos; divergência; características morfológicas

EFEITO DA ÉPOCA DE CULTIVO E DO GERMOPLASMA NAS TAXAS DE INDUÇÃO E INIBIÇÃO DE HAPLOIDES GIMNOGENÉTICOS EM MILHO TROPICAL

Mayara Neves Cury^{1*}; Evellyn Giselly de Oliveira Couto¹; Roberto Fritsche-Neto¹

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”- USP, Departamento de Genética, Piracicaba, SP, Brasil. *Email: maya.cury@gmail.com.

Alcançar elevadas taxas de indução de haploides (TIH) é essencial para a adoção da tecnologia de duplo-haploides em programas de melhoramento. Além disso, para fazer a correta identificação de todas as sementes haploides, é necessário que haja também uma baixa taxa de inibição (TIN) do marcador fenotípico, o *R-navajo*. Neste contexto, há possíveis fatores relacionados à variação das TIH e TIN, como o germoplasma utilizado e o ambiente sazonal. Entretanto, estes ainda são pouco compreendidos e estudados. Nesse contexto, este trabalho investigou o efeito da época de cultivo e do germoplasma sobre a TIH e TIN em milho tropical. O experimento foi conduzido no Departamento de Genética da ESALQ/USP, Piracicaba-SP (22°42'30"S; 47°38'30"W). O indutor de haploidia giminogenético LI-ESALQ foi utilizado como doador de pólen em cruzamentos com três populações de milho tropical (ESALQ-DURO, ESALQ-DENTADO e IAC-IRAN) na primeira e segunda safra de 2016/2017. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado. Cada espiga foi considerada uma repetição. As sementes foram colhidas e separadas visualmente pela coloração do endosperma e embrião, sendo consideradas haploides as com endosperma roxo (marcador *R-navajo*) e embrião branco e com inibição do marcador as de endosperma amarelo e embrião branco. Os dados foram analisados considerando um modelo fixo, por meio do pacote ASREML-R. Em ambas características houve efeito significativo ($p < 0,05$) da fonte de germoplasma e da época de cultivo. Já a interação foi não-significativa. A segunda época apresentou a maior TIH, o que pode ser devido à origem temperada do indutor, a qual levaria a melhores desempenhos em temperaturas mais amenas. No entanto, este ambiente também aumentou a TIN. Em relação ao germoplasma, o dentado foi o que apresentou as maiores TIH. Por outro lado o duro apresentou as maiores TIN. Estes resultados são semelhantes ao relatado em estudos com milho temperado. O pior desempenho, considerando as duas características, foi do IAC-IRAN, por ser uma variedade de polinização aberta. Isto conduz a grande variação na composição das sementes e, conseqüentemente, nas TIH e TIN. Os coeficientes de determinação genotípico foram de 0,70 e 0,58 para TIN e TIH, respectivamente. Já a correlação entre estes foi de 0,01. Estes resultados indicam que as taxas de indução e inibição apresentam grande proporção de natureza genética. Além disso, por serem independentes, é possível fazer a seleção simultânea e obter ganhos em ambas as características.

Palavras-Chave: duplo-haploides; *R-navajo*; linhagens indutoras.

Agradecimentos: ESALQ-USP e CNPq pela bolsa de iniciação científica.

EFEITO DA INOCULAÇÃO DE *Azospirillum brasilense* NO FLORESCIMENTO DE GENÓTIPOS DE MILHO

Luiz Eduardo Tilhaqui Bertasello¹; Lucas Tadeu Mazza Revolti¹; Elcio Hissagy Samecima Junior¹; Kian Eghrari¹; Rodolfo Buzinaro¹; Gustavo Vitti Mõro^{1*}

¹Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal-SP. *eduardo_bertasello@hotmail.com

O nitrogênio (N) é um dos nutrientes com maior reposição no desempenho agrônomo do milho. É necessário buscar métodos alternativos que promovam o crescimento das plantas garantindo produtividade, eficiência, viabilidade econômica e conservação ambiental. O uso de inoculantes a partir de bactérias da espécie *Azospirillum brasilense* realizam fixação biológica de nitrogênio tornando-o disponível para a planta, favorecendo seu crescimento e desempenho. O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito da inoculação de *A. brasilense* no período de florescimento de genótipos de milho. Foram semeados, em fevereiro de 2017, 12 genótipos sendo entre eles duas testemunhas (AL Bandeirantes e DKB 390), em três condições ambientais em Jaboticabal. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições, em parcelas com duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 50 cm entre linhas e 33 cm entre plantas. Os ambientes foram os seguintes: 1) aplicação de 311 kg ha⁻¹ de ureia (45% N) e sem inoculação de *A. brasilense*; 2) sem cobertura de ureia e inoculação com *A. brasilense*, em dose de 0,6 ml ha⁻¹ e; 3) testemunha sem cobertura de ureia e sem inoculação com *A. brasilense*. A inoculação e a adubação de cobertura foram realizadas entre as linhas de plantio, quando as plantas estavam entre os estádios vegetativos V3 e V5. Foram avaliados o número de dias para o florescimento masculino (FM) e feminino (FF). A contabilização do FM foi realizada quando 50% das plantas da parcela apresentavam as inflorescências em estado de antese e, para FF, quando 50% das plantas apresentavam estilo-estigmas visíveis. Foi realizada análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os efeitos dos genótipos foram significativos apenas para FF, indicando que pelo menos um dos genótipos se difere dos demais, sendo o genótipo 7 o mais precoce que o genótipo 12 o mais tardio, com médias de FF de 61,11 e 64,55 dias, respectivamente. Os ambientes foram significativos a 5% de probabilidade, indicando que houve efeito da adubação no ciclo. Para o FM, o ambiente 1 foi mais precoce do que o ambiente 2. No FF, o ambiente 1 foi mais precoce que os ambientes 2 e 3. Conclui-se que, independentemente do ambiente, o genótipo 7 é mais precoce que o genótipo 12, e que os ambientes com adubação nitrogenada tornam os genótipos mais precoces do que ambientes sem aplicação de N, sendo mais promissores levando-se em consideração os caracteres avaliados.

Palavras-chave: *Zea mays*; fixação biológica; caracteres agrônômicos

Agradecimentos: CAPES, UNESP-FCAV, NEGEMM.

EFEITO DA TEMPERATURA E DA RESTRIÇÃO HÍDRICA NO CULTIVO DO FEIJOEIRO

João Guilherme Ribeiro Gonçalves^{1*}; Daiana Alves da Silva¹; Raquel Luiza de Moura dos Reis¹; Nathalia Barbosa Billa¹, Alisson Fernando Chiorato¹, Sérgio Augusto Morais Carbonell¹

¹Instituto Agronômico/IAC *joaogoncalves@iac.sp.gov.br

O objetivo do trabalho foi investigar os efeitos da alta temperatura e da restrição hídrica em doze genótipos de feijoeiro em ambiente controlado. O delineamento experimental foi blocos casualizados com três repetições em esquema fatorial 4x12, sendo os tratamentos: T1- irrigação plena, T2- déficit hídrico no período reprodutivo, T3- irrigação plena com elevação da temperatura e do potencial matricial do solo em relação ao T1 no período reprodutivo e T4- déficit hídrico no período reprodutivo com elevação da temperatura e do potencial matricial do solo em relação ao T2; e, cada parcela constituída por uma linha de 1,50m. Foram fornecidas duas irrigações diárias de seis minutos com vazão de 0,90 L h⁻¹, mantendo o potencial matricial do solo com valores abaixo de -40 kPa. No estágio de pré floração os tratamentos de déficit hídrico e alta temperatura foram iniciados, as irrigações do T2 e T4 foram suspensas e no T3 e T4 o aumento da temperatura do ar foi induzido com o fechamento das cortinas da estufa. Aos 25 dias de estresse hídrico e térmico, o potencial matricial do solo apresentou valores de 36,3kPa, 90,5kPa, 23,3kPa e 72,3kPa, respectivamente para T1, T2, T3 e T4, com elevação média na temperatura máxima de 7,2°C no T3 e T4. Nesse momento, T2 e T4 apresentaram sintomas acentuados de estresse (abscisão e senescência foliar), sendo realizadas as avaliações morfofisiológicas e, em seguida foi restabelecida a irrigação e a ventilação da estufa. Observou-se pela análise de variância a existência de efeito significativo de tratamentos para todas as características, ou seja, temperatura foliar, índice relativo de clorofila (IRC), condutância estomática, área foliar, número de vagens por planta (NVP), número de lóculos vazios por vagem (NLVV), massa de cem grãos (MCG) e produtividade de grãos (PG). Para genótipos, houve efeito significativo para IRC, NVP, NLVV, MCG e PG e, com relação a interação tratamentos x genótipos houve efeito significativo para IRC e MCG. Considerando a PG como critério de seleção de genótipos, houve diferença significativa entre os tratamentos, sendo que T3 apresentou a maior média de produção, no entanto, os tratamentos com aplicação de déficit hídrico (T2 e T4) não diferiram entre si e o genótipo SER 16 apresentou superioridade estatística para essas condições podendo ser incluso em programas de melhoramento visando a adaptação em ambientes desfavoráveis. Pode-se concluir pelos resultados obtidos que o efeito do fornecimento hídrico foi mais drástico na redução da PG quando comparado a alta temperatura.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; estresse abiótico; melhoramento de plantas

Agradecimentos: À CAPES pela bolsa e a FAPESP pelo apoio financeiro

EFEITO DO GENÓTIPO E AMBIENTE NA PRODUÇÃO DE HAPLOIDES PUTATIVOS SELECIONADOS PELA EXPRESSÃO DO MARCADOR FENOTÍPICO *R1-NAVAJO*

Hingrid Ariane da Silva¹; Alessandra Guedes Baleroni¹; Tereza Silva¹; Diego Ary Rizzardi¹; Maria Fernanda de Souza Dias¹; Renan Santos Uhdre¹; Jonas Cavichilo Dante¹.

¹Universidade Estadual de Maringá, Av Colombo, 5790, Campus Universitário, 87020-900 – Maringá - PR. E-mail do autor para correspondência:Teinhabio@yahoo.com.br

A seleção de haploides para duplicação cromossômica é uma etapa essencial para produção de linhagens duplo-haploides em milho (*Zea mays*). Neste sentido, o marcador fenotípico resultante da expressão do gene *R1-nj* como critério para separação de sementes haploides vem sendo utilizado. Este gene é dominante e promove a pigmentação por antocianina no endosperma e embrião em sementes diploides, provenientes dos cruzamentos com genótipos-fonte. Quando haploides são gerados, apenas a pigmentação arroxeadada no endosperma que é triploide é esperada, sendo o embrião não pigmentado, pois os genótipos-fonte não carregam esse gene em sua constituição. Considerando a importância da taxa de indução de haploidia bem como de haploides putativos na obtenção de duplo-haploides, o efeito do ambiente, da textura do endosperma, da base genética, do *pool* genético, do genótipo-fonte e ainda, da interação desses fatores tem sido estudado. Assim, o presente trabalho teve por objetivo reunir o maior número dos fatores citados acima, que tem ação sobre as taxas de haploides putativos e reais, de modo a avaliar seus respectivos efeitos sobre a produção de haploides putativos, selecionados por *R1-nj*. Para avaliar o efeito desses diversos fatores na proporção de haploides putativos, as sementes descendentes do cruzamento de indução de 41 genótipos-fonte com o indutor *KHI* (*Krasnodar Haploid Inducer*), obtidas em duas safras (verão ou inverno), foram classificadas conforme a expressão do gene *R1-nj* em haploides ou diploides. Os fatores textura do endosperma, base genética e *pool* genético (representado por empresas) do qual o genótipo-fonte faz parte, não interferiram nas taxas de sementes classificadas como haploides pela expressão de *R-Navajo*. Por outro lado, os fatores safra e genótipo-fonte afetaram a taxa de haploides putativos produzidas, sendo a safra de verão a mais eficiente em gerar haploides putativos que a safra de inverno, indicando que, em regiões tropicais, a condução de cruzamentos de indução durante o período de verão deve ser preferida.

Palavras-chave: *R1-nj*; indução de haploidia; *KHI*.

EFEITO DO NÚMERO DE DIAS PARA FLORESCIMENTO NO COMPORTAMENTO PRODUTIVO DE LINHAGENS DE ARROZ

Douglas Goulart Castro¹; Camila Soares Cardoso da Silva¹; Victoria Alves Ferreira¹; Isabela Pereira de Lima¹; Gabrielle Carvalho Pereira¹; Flávia Barbosa Silva Botelho¹

¹Universidade Federal de Lavras. douglasgoulartcastro@gmail.com.

Entre os produtos agrícolas destinados à alimentação, o arroz é um dos mais produzidos e consumidos no mundo. Para atender essa alta demanda, pesquisas visando ganhos de produtividade de grãos de arroz aliados a outras características de interesse para a cultura têm se tornado mais urgentes. O sistema de produção de arroz de terras altas vem chamando a atenção, nos últimos anos, pela diversidade de desafios e estratégias propostos pelas novas tecnologias advindas dos programas de melhoramento. Nesse sentido, há alguns anos, a UFLA em parceria com a EMBRAPA Arroz e Feijão e EPAMIG, vem conduzindo o melhoramento genético da cultura, visando avaliar suas linhagens para seu posterior lançamento no mercado. O conhecimento das relações existentes entre caracteres, sendo estes estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao melhorista no processo de seleção e recomendação, bem como a quantificação e a interpretação da intensidade das correlações e seus efeitos diretos e indiretos. Portanto, objetivou-se por meio deste trabalho verificar a correlação entre os caracteres produtividade e florescimento bem como selecionar linhagens de arroz de terras altas com melhor rendimento de grãos associado a um ciclo produtivo precoce. O experimento foi conduzido nas safras 2013/14, 2014/15 e 2015/16, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo avaliadas 14 linhagens oriundas dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso. Os resultados obtidos permitem inferir que tanto a correlação genotípica e fenotípica foram significativas e positivas, sendo que a correlação genotípica foi superior à fenotípica. Isso pode ser explicado pela relação dos genes que controlam o florescimento provavelmente estarem ligados e/ou serem pleiotrópicos com os genes que afetam a produtividade. Contudo, devido à baixa magnitude dos valores das correlações, conclui-se que é possível uma seleção favorável e simultânea para alta produtividade de grãos e plantas com florescimento precoce em arroz de terras altas.

Palavras-chave: Melhoramento de Plantas; Variáveis agronômicas; *Oryza sativa*

Agradecimentos: à FAPEMIG, ao CNPq e a CAPES, pela concessão de bolsas de iniciação científica, mestrado e doutorado.

EFEITO DO NÚMERO DE PROGÊNIES E REPETIÇÕES NA HERDABILIDADE DO CARÁTER PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM MILHO

Paula Mikaely Henrique Vieira¹; Olinda Estefania Ocampos Baéz¹; Matheus Mendes¹; Brenna Kelly da Silva Almeida¹; João Cândido de Souza ¹

¹Universidade Federal de Lavras. *paulamhvieira@gmail.com

O aumento da produtividade é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de milho. Para o desenvolvimento de estratégias de seleção adequadas, bem como a seleção dos melhores genótipos, é necessário a utilização de inúmeros parâmetros para se inferir sobre um caráter, dentre eles a herdabilidade. Esta implica na confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico. Objetivou-se estimar os efeitos dos diferentes números de progênies e repetições na obtenção do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo. A partir de duas populações base foram conduzidos seis ciclos de seleção recorrente recíproca. Para a condução do sexto ciclo de seleção as populações foram semeadas em fevereiro de 2015, sendo obtidas progênies de irmão germanos interpopulacionais e progênies S₁. A avaliação das progênies de irmãos germanos foi realizada no delineamento experimental de blocos casualizados (DBC) com seis repetições. A partir das estimativas dos componentes de variância, estimou-se a herdabilidade para a seleção na média de progênies, e, por conseguinte os limites de amplitude inferior e superior. Para execução das análises utilizou-se o programa R, aplicando o método de simulação de Monte Carlo. As simulações foram realizadas considerando diferentes cenários, variando o número de progênies de 50 a 90, e duas, quatro e seis repetições. Os coeficientes de herdabilidade para 50 progênies utilizando duas, quatro e seis repetições foram em média 0,326, 0,492 e 0,593 respectivamente, enquanto que para 90 progênies se obteve valores de herdabilidade de 0,325, 0,496 e 0,597, respectivamente. Pode-se observar que ocorre um aumento considerável da estimativa quando as progênies foram avaliadas com seis repetições, em relação as avaliadas com duas e quatro. Já nos diferentes números de progênies, as estimativas não variaram significativamente. O aumento do número de progênies, apesar de não significativo resulta no aumento da herdabilidade, fator positivo para a seleção, enquanto que o aumento do número de repetições é fundamental para se obter maiores valores de herdabilidade, o que é fundamental para o sucesso com a seleção. Sendo assim, reafirma-se a necessidade da utilização de um número adequado de repetições, pois esta estratégia permite estimativas de variância genética que possibilitam maior sucesso com a seleção, o que é de grande importância para se obter êxito em programas de seleção recorrente, uma vez que se encontram diretamente relacionadas com a estimativa da herdabilidade e do ganho com a seleção.

Palavras-chave: Melhoramento; Seleção recorrente; Simulação.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG

EFEITOS DOS GENITORES SOBRE A QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE MILHO

Armando Dornelas Mota^{1*}; Flávia Maria Avelar Gonçalves²; Camila Bastos Ribeiro²; Itacir Feldhaus³; Josemar Stefanello¹; Raica Silva¹

¹Syngenta. ²Universidade Federal de Lavra. ³Syngenta Inc.
*armando.mota@syngenta.com

O conhecimento do potencial de armazenamento e da longevidade das sementes é de extrema importância para as empresas produtoras, para planejamento da produção, logística e comercialização das sementes produzidas. Uma vez que uso de sementes de boa qualidade é requisito essencial para o estabelecimento da cultura, visando à obtenção de plantas com elevado potencial de rendimento. O presente estudo teve por objetivo elucidar o efeito genético dos genitores materno e paterno sobre a qualidade fisiológica de sementes de milho ao longo do tempo, assim como a contribuição da heterose para tal característica. Para isso, foram selecionados oito genitores com características contrastantes e previamente conhecidas para o caráter qualidade de semente. As sementes dos híbridos simples, recíprocos e genitores para condução do experimento, foram obtidas por meio de cruzamentos manuais em um esquema de dialelo completo. Após a colheita e processamento, as sementes foram submetidas aos testes de germinação e envelhecimento acelerado, em um delineamento inteiramente casualizado. Utilizou-se o teste de Tukey a 5% de probabilidade para comparação entre as médias dos testes de germinação e envelhecimento acelerado. Para análise dialélica, dos dados do teste de envelhecimento acelerado, foi utilizado método de Griffing (1956), modelo I, com n^2 números possíveis de genótipos. Constatou-se que todas as fontes de variação foram altamente significativas ($P \leq 0,01$) para todas as épocas de avaliação. Os componentes quadráticos da CGC foram similares aos efeitos da CEC e superiores aos recíprocos, na maioria das épocas de avaliação, inferindo que os efeitos sobre os caracteres de longevidade de sementes foram atribuídos a genes de efeito aditivo (CGC), e a genes de efeito não aditivo (CEC). O efeito materno foi altamente significativo, contudo sua contribuição foi inferior a CGC e CEC, porém mostrou-se importante nas combinações entre genitores com baixa estimativa de CGC.

Palavras-chave: Qualidade de Sementes; Capacidade Geral de Combinação; Capacidade Específica de Combinação.

Agradecimento: FAPEMIG.

EFEITOS VARIETAIS E HETERÓTICOS DE POPULAÇÕES DE MILHO-PIPOCA PARA RENDIMENTO E CAPACIDADE DE EXPANSÃO

Edicarlos Peterlini^{1*}; Ronald José Barth Pinto²; Diego Ary Rizzardi³; Alessandra Guedes Baleroni¹; Alex Viana Alves⁴; Robson Akira Matsuzaki⁵

¹Doutorando em Genética e Melhoramento – UEM/Maringá-PR. ²Departamento de Agronomia – UEM/Maringá-PR. ³Doutorando em Agronomia – UEM/Maringá-PR. ⁴Mestrando em Genética e Melhoramento – UEM/Maringá-PR. ⁵Mestrando em Agronomia – UEM/Maringá-PR *E-mail do autor para correspondência: edicarlospeterlini@hotmail.com

O milho-pipoca (*Zea mays* L. *everta* Sturt) é um alimento muito consumido no Brasil, diferindo do milho comum principalmente pela capacidade de expansão do seu endosperma. O presente trabalho objetiva verificar os efeitos varietais e os efeitos de heterose relacionados ao rendimento de grãos (RG), expresso em kg ha⁻¹ e à capacidade de expansão (CE), expressa em mL g⁻¹, a partir de 12 populações de polinização aberta (ARMZ 13050, URUG 298 Roxo, SAM, PARA 172, ARMZ 07049, UNB 2U C5, SE 013, VIÇOSA, BOZM 260, PR 023, PA 091 e BOYA 462), que foram cruzadas entre si em esquema de dialelo completo, formando 66 híbridos interpopulacionais. Os híbridos, seus genitores e três testemunhas totalizaram 81 tratamentos avaliados em dois ambientes, localizados nos municípios de Maringá e Araruna, ambos no estado do Paraná. Os experimentos foram delineados em látice quadrado 9x9 triplo, parcialmente balanceado, com três repetições. Para a análise dialélica, que estima os efeitos varietais e de heterose, foi adotado o modelo matemático-estatístico 4, de Gardner e Eberhart. Os pressupostos básicos para normalidade dos erros e homogeneidade de variâncias foram verificados pelos testes de Shapiro-Wilk e Bartlett, respectivamente. Para todas as análises foi utilizado o nível de 5% de probabilidade. O software SAS 9.3 foi utilizado para a análise dos pressupostos básicos e de variância e o software Genes para as análises dialélicas. As estimativas de efeitos varietais indicaram ao melhoramento intrapopulacional para RG as variedades UNB 2U C5, PR 023, BOYA 462 e PARA 172, em Maringá, e ARZM 13050, PR 023, VIÇOSA e BOZM 260, em Araruna. Para CE foi indicada a variedade UNB 2U C5, em Maringá, e as variedades UNB 2U C5 e SAM, que foram superiores em Araruna. A variedade PARA 172 apresentou elevadas estimativas de heterose varietal para RG, em ambos os ambientes. No ambiente médio, a heterose varietal para CE indicou as populações PR 023, PA 091 e ARZM 13050, apontadas como promissoras para o melhoramento visando à obtenção de híbridos. As combinações ARMZ 07049 x SE 013, SAM 09/09 x PR 023 e URUG 298-Roxo x BOZM 260 se destacaram em relação à heterose específica para RG. Para CE, a combinação SAM 09 x UNB 2U C5 foi selecionada para fins de seleção recorrente recíproca.

Palavras-chave: *Zea mays* L. *everta*; efeitos varietais; heterose.

Agradecimentos: À CAPES pelo apoio financeiro.

EFETIVIDADE DA SELEÇÃO RECORRENTE GENOTÍPICA NO MELHORAMENTO DO ARROZ IRRIGADO

Odilon Peixoto de Moraes Júnior^{1,2}; Flávio Breseghello^{2*}; João Batista Duarte¹;
Orlando Peixoto de Moraes², Alexandre Siqueira Guedes Coelho¹, Tereza
Cristina de Oliveira Borba², Paulo Hideo Nakano Rangel²

¹Univeirsidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão.
*flavio.breseghello@embrapa.br

A Embrapa aplica o método de seleção recorrente genotípico em seu programa de melhoramento de arroz irrigado. Este método se baseia na avaliação de progênies em experimentos multilocais, seguida de seleção das melhores progênies para recombinação, baseado na análise conjunta de ambientes. Nosso objetivo foi avaliar a efetividade deste método em atingir progresso genético, mantendo a variabilidade genética e aumentando o potencial da população para a extração de linhagens superiores quanto à produtividade, altura de planta e duração do ciclo até a floração. A população de arroz irrigado utilizada neste trabalho foi a CNA12S, a qual tem ampla base genética e já foi submetida a três ciclos de seleção recorrente. Os dados utilizados incluem dez ensaios de rendimento, nos quais 667 progênies S_{1:3} e seis testemunhas foram avaliadas. Foi avaliado o tamanho efetivo populacional em cada ciclo. Dados de marcadores SNP de 174 progênies do terceiro ciclo foram utilizados para estimar o tamanho efetivo populacional baseado em desequilíbrio de ligação, além da diversidade genética de Nei. Para estimar o ganho genético médio no período, foi utilizado um método de regressão linear generalizada, adaptado para abordagem Bayesiana. Este método também foi utilizado para estimar os componentes de variância e covariância, com base em um modelo misto multivariado. A magnitude do coeficiente de variação genética e a diversidade genética de Nei indicaram uma manutenção da variabilidade genética através dos ciclos de seleção. O ganho genético médio por ano foi de 1,98% para produtividade de grãos e de -1,29% para dias até o florescimento (um progresso, considerando seleção para precocidade). Não houve ganho significativo para (redução de) altura de planta. O potencial genético da população para extração de linhagens superiores foi aumentado, considerando seleção para caracteres individuais ou combinados. Nossos resultados fornecem evidência da efetividade da seleção recorrente genotípica aplicada ao melhoramento de arroz irrigado. Contudo, alguns ajustes na estratégia de seleção devem ser considerados, os quais poderiam elevar ainda mais sua eficiência.

Palavras-chave: ganho genético; tamanho efetivo

Agradecimentos: Agradecemos à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos a OPMJ e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (Fapeg) pelo apoio à participação de FB neste evento.

EFFECT OF EXPERIMENTAL IMBALANCE ON MAIZE SINGLE-CROSS GENOMIC PREDICTION

Giovanni Galli^{1*}; Danilo Hottis Lyra¹; Filipe Couto Alves¹; Ítalo Stefanine Correia Granato¹; Júlia Silva Morosini¹; Roberto Fritsche-Neto¹.

¹University of São Paulo, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Department of Genetics, Piracicaba, São Paulo, Brazil. *E-mail: giovannigalli@usp.com.

In plant breeding, genetically and statistically unbalanced phenotypic datasets are usual. Hence, we aimed to evaluate two-step genomic prediction (GP) considering balanced and unbalanced data sets of tropical maize hybrids. A dataset of 325 single-crosses evaluated during the 2015 season for grain yield (GY) and plant height (PH), at four and two sites, respectively, was considered. Sequential levels of imbalance (0, 5, 10, 15, 20, 25 and 30%) were applied to the original phenotypic dataset. Imbalance was induced by random assignment of missing data to observations. This procedure was carried out 1,000 times followed by the estimation of adjusted means. The genomic matrix was composed by 30,467 SNPs. Additive GBLUP model was performed in ASReml-R using adjusted means. Random assignment of individuals to training and validation populations was repeated fifty times, summing up to a total of 50,000 GP runs for each scenario. The effect of imbalance on GP was evaluated based on predictive ability ($r_{\hat{g}g}$; Pearson correlation) and mean reliability of the validation set ($r = [\sum 1 - (PEV_a/\sigma_a^2)]/\text{number of individuals of validation set}$). Appropriate comparisons between predictive ability means were performed by t-test ($\alpha = 5\%$), using normalized data. The parameters exhibited a systematic behavior as imbalance increased. From 0 to 30% of missing phenotypic data, r slightly decreased (0.84 to 0.82 for PH; 0.58 to 0.55 for GY). Moreover, $r_{\hat{g}g}$ also decreased, varying from 0.78 to 0.74 for PH and 0.43 to 0.40 for GY. Statistically significant changes of $r_{\hat{g}g}$ were observed at and over 15% of imbalance for PH and 30% for GY. Significant effect of imbalance was observed for GY only at high levels of missing phenotypic information because of the great variability of $r_{\hat{g}g}$ estimates. Overall, the imbalance decreased the quality of parameter estimates for both traits. In conclusion, despite the observed decrease in quality of estimates, our results suggest that stage-wise GBLUP is efficient at predicting maize traits, even under high levels of missing phenotypic information. This is due to the method's ability of borrowing information from the kinship matrix, which compensates experimental imbalance.

Keywords: GBLUP; hybrid prediction; phenotypic correction;

Acknowledgements: The Allogamous Plant Breeding Laboratory team (ESALQ/USP) thanks Helix Sementes[®] for the support. CNPq, CAPES, FAPESP (Process: 2013/24135-2).

EFFECT OF F₁ AND F₂ GENERATIONS ON GENETIC VARIABILITY BETWEEN DOUBLED-HAPLOID LINES IN TROPICAL MAIZE

Evellyn Giselly de Oliveira Couto^{1*}; Mayara Neves Cury¹; Massaine Bandeira e Souza¹; Miriam Suzane Vidotti¹; Juan Burgueño², Roberto Fritsche-Neto¹

¹ Genetics Department, "Luiz de Queiroz" Agriculture College - USP, Piracicaba, SP, Brasil. ² International Center for Maize and Wheat Improvement-CIMMYT, Mexico. *Email: evellyn.couto@yahoo.com.br

Selection of germplasm source and generation of haploid induction are important in DH technology due to their influence on genetic variability. The F₁ generation has been most widely used, but some authors discuss the losses of genetic gain with selection cycles and advise to induce haploid in F₂ generation. Using the F₁ generation, breeders could save time, and the best haplotypes might be conserved into the DH lines. However, the F₂ generation enables greater genetic variability due to more recombination in meiosis. Although it is a relevant subject, there are no studies related to genetic variability between DH lines induced from different generations in tropical maize. Therefore, the objective was to analyze the genetic variability between DH lines derived from haploid induction in F₁ and F₂ populations. The experiments were conducted in the experimental area of Genetics Department at ESALQ/USP in Piracicaba-SP. The tropicalized haploid inducer LI-ESALQ was used as a pollen donor in crosses with five tropical simple-crosses (30F53H, 2B587PW, STATUS VIPTERA, BM820, DKB390) in their F₁ and F₂ generations. DH lines were genotyped with SNP markers using the Illumina *GoldenGate*® Platform. SNPs were removed if they had more than 10% of missing data, 10% heterozygosity, or a minor allele frequency less than 5%. Individuals with 10% of heterozygosity were also eliminated. Then, 1916 SNP markers were used to estimate the linkage disequilibrium (LD), using the synbreed R package, and the genetic diversity, by the *snpReady* R package. The estimates for the DH lines obtained from the F₁ generation were: genetic variance (V_G)=700.55, effective population size (N_e)=43.1, Nei's genetic diversity (GD)=0.28 and polymorphism informative content (PIC)=0.23. For the F₂ generation the estimates were: V_G =648.88, N_e =39.61, GD=0.26 and PIC=0.22. Consequently, the genetic variance tends to be larger between DH lines taken from F₁ than the F₂ generation. On the other hand, the linkage disequilibrium graphic analysis revealed that DH lines obtained from F₂ generation have lower LD, indicating greater recombination. However, studies have indicated that one additional recombination cycle doesn't yield substantial increases in genetic gain. Thus, the choice of the generation to induce haploid seeds should balance the short- and long-term objectives of the breeding program.

Key words: linkage disequilibrium; SNP markers; haploid induction.

Acknowledgment: CNPq for the scholarship and DuPont-Pioneer for the genotyping.

EFFECTS OF POPULATIONS AND GENERATIONS IN THE SELECTION OF PROGENIES IN AUTOGENOUS PLANTS

Leonardo Volpato^{1*}; Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento²; Lucas de Amaral Silva²; João Marcos Soares Ferreira²; Larissa Alves da Silva Lima²; Felipe Lopes da Silva³; Marcos Deon Vilela de Resende⁴

¹Genetics and Breeding PhD Student – UFV/Viçosa-MG/Brazil. Scholarship CAPES. ²Graduate student of Universidade de estudantes - UFV/Viçosa-MG/Brazil. ³Assistant Professor – Department of Plant Science – UFV/Viçosa-MG/Brazil. ⁴Researcher at EMBRAPA Forestry and Dep. of Forest Engineering – UFV/Viçosa-MG/Brazil. *leo.agroufv@gmail.com

The objective of this work was to verify the efficiency of selection in autogamous plants such as soybean, using information from progenies, generations and populations. From the data of the generations F_2 and F_3 with evaluations of $F_{2:3}$ progenies, it was utilized the indexes with generation effect of the populations, progenies and populations to compose the analyzes. The data were submitted to analysis using mixed indexes restricted maximum likelihood/ best linear unbiased prediction, using the indexes: only with information from the experiments $F_{2:3}$ and combining information from the F_2 and $F_{2:3}$ experiments, respectively, in greenhouse and in the field. The use of the genotypic values predicted in both indexes for the selection of the best progenies of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill), resulted in a high level of coincidence for all evaluated characteristics, not having significant gains when adding the effect of the Generation of F_2 population in the analyzes, with the exception of the hypocotyl diameter variable in which was influenced by the effects of environmental interactions. These results were expected, once the inclusion of the F_2 population generation effect did not result in an increase in the values of progeny-selective accuracies, in relation to the model using only the effects of populations and progenies. In this scenario, the evaluation of F_2 populations to create the index has little importance and should be avoided, as it can make the process more expensive to the breeding program.

Keywords: Selection index; Mixed models; *Glycine max* (L.) Merrill.

Acknowledgements: The authors appreciate the support from the Brazilian Government offered by the Minas Gerais State Agency for Research and Development – FAPEMIG, National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) and the National Council for the Improvement of Higher Education (CAPES).

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO PER SE E EM HÍBRIDOS SIMPLES PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS NO MILHO

Renato Barbosa Camargos¹; Renzo Garcia Von Pinho¹; Marcio Balestre²;
Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira³; Kaio Olímpio das Graças Dias³; Luiz
Paulo Miranda Pires¹; Vander Fillipe de Souza¹

¹Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil.

²Departamento de Estatística, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil.

³Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: renzovonpinho@gmail.com

As estratégias de melhoramento de plantas são constantemente aprimoradas para aumentar a eficiência durante o processo de seleção. Com isso, os objetivos deste trabalho foram estudar o controle genético e a eficiência da seleção com base no comportamento per se das linhagens e com base no comportamento dos híbridos, quanto a reação à mancha-branca, ferrugem comum e podridões de espiga, em programas de melhoramento de milho, bem como a relação entre a performance per se das linhagens e de híbridos simples para a resistência a essas doenças. Para isso, foi avaliado o comportamento de 106 linhagens e 661 híbridos em diferentes locais, no Brasil, quanto à reação a essas enfermidades. Posteriormente, estimaram-se as importâncias relativas dos efeitos genéticos aditivos e não aditivos sobre a expressão desses caracteres, a associação entre os parâmetros considerados ao se realizar a seleção nessas gerações e o ganho com a seleção. Os resultados obtidos indicaram que há predomínio de efeitos aditivos para a resistência a mancha-branca e podridões de espiga, já para a ferrugem comum tem-se predomínio de efeitos de dominância. Entretanto, a avaliação dos híbridos por meio da análise dialélica foi eficiente na seleção para resistência a essas doenças. As enfermidades e as gerações avaliadas são inter-relacionadas, o incremento no nível de resistência tem resposta correlacionada mais expressiva quando a seleção é orientada pela reação à mancha-branca e há maior similaridade genética entre os parâmetros considerados na seleção orientada pelo comportamento dos híbridos.

Palavras-chave: Controle Genético; Fitossanidade; *Zea mays* L.

Agradecimentos: Agradecemos à FAPEMIG, CNPq e Capes.

EFICIÊNCIA DO ÍNDICE Z NA SELEÇÃO INDIRETA PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM ARROZ

Laís Moretti Tomé¹; Natália Botega Alves¹; Yasmin Vasques Berchembrock²;
Marcelo Eduardo Forni de Mattos³; Livia Maria Previato Fonseca³; Flávia
Barbosa Silva Botelho⁴; Moizes de Souza Reis⁵

¹Doutoranda em Fitotecnia- UFLA/ Lavras-MG/Brasil; ²Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas- UFLA/ Lavras-MG/Brasil; ³Graduandos em Agronomia- UFLA/ Lavras-MG/Brasil; ⁴Professora Adjunta do Departamento de Agricultura – UFLA/ Lavras-MG/Brasil; ⁵Pesquisador EPAMIG/ Lavras-MG/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: lalamoretti@hotmail.com

O arroz é um dos alimentos mais consumidos destinados à alimentação humana. Para a seleção de linhagens, visando à obtenção de novas cultivares de arroz, o melhorista precisa associar diversos caracteres desejáveis que proporcionem à obtenção de genótipos superiores que reúnam os atributos importantes para produção e qualidade do produto final, sendo que nenhum desses atributos podem ser deixados de lado no momento da seleção. Dessa forma, objetivou-se comparar a seleção realizada pelo índice Z com a seleção direta por meio da produtividade de grãos, para verificar a eficiência do índice Z e se a produtividade de grãos isoladamente já é uma boa alternativa para a seleção de linhagens de arroz que reúnam características desejáveis. Foram avaliados 36 genótipos do ensaio preliminar do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Universidade Federal de Lavras. Os experimentos foram conduzidos nos municípios de Lavras-MG, na Universidade Federal de Lavras e no município de Lambari na fazenda experimental da EPAMIG durante a safra 2015/2016. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições e os dados foram submetidos às análises estatísticas pelo programa computacional Genes. Para compor o índice Z foram avaliadas as características: produtividade de grãos, altura, número de dias para o florescimento, peso de mil grãos, renda, rendimento, incidência de brusone foliar e relação comprimento/largura do grão. Houve diferença significativa entre as linhagens para todos os caracteres avaliados. Constatou-se que nem todas as linhagens que foram superiores em relação à produtividade de grãos foram superiores em relação ao Índice Z, o que indica que apesar de serem produtivas, não possuem desempenho satisfatório em um ou mais dos caracteres avaliados. O índice Z foi eficiente em selecionar linhagens superiores para todas as características avaliadas, porém verificou-se que a seleção com base apenas na produtividade de grãos não é eficiente quando se trabalha com vários caracteres de interesse na cultura de arroz.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; Melhoramento genético; Múltiplos caracteres

Agradecimentos: Capes, Fapemig, Cnpq

EFICIÊNCIA TÉCNICA DA RESISTÊNCIA GENÉTICA DA TECNOLOGIA INOX SOBRE *Phakopsora pachyrhizi* NA REGIÃO SUDOESTE DO PARANÁ

Vinícius Bez Batti^{1*}; Matheus Tonatto¹; Josiane Conte¹; Wendel Boggio¹;
Matheus Giovanni Stoco¹; Andrei Daniel Zdziarski¹; Giovanni Benin¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR. *E-mail do autor para correspondência: viniciusbezbatti95@gmail.com

A cultura da soja é acometida por um complexo de doenças, dentre as quais destaca-se a Ferrugem Asiática (*Phakopsora pachyrhizi*). Desta maneira, desenvolveu-se a tecnologia INOX, que através da ação de genes, promove uma reação de hipersensibilidade no local infectado, dificultando a proliferação do patógeno. O objetivo do trabalho foi avaliar eficiência técnica da tecnologia, em diferentes intervalos de aplicação de fungicidas. O delineamento experimental utilizado foi o de parcelas subdivididas com três repetições, sendo os tratamentos arranjados em fatorial 4X3 (cultivares x intervalos de aplicação de fungicidas). Cultivares com diferentes níveis de tolerância a Ferrugem Asiática foram avaliadas, sendo NS 5000 RR suscetível, FUNDACEP 66 RR, moderadamente tolerante e as cultivares TMG 7262 RR e 7062 IPRO, com elevada tolerância. Foram utilizados três tratamentos: controle (T1), onde não foi realizada a aplicação de fungicidas. O segundo (T2), consistiu em uma aplicação de benzovindiflupir, na dosagem de 200 gramas de produto comercial ha⁻¹, e subsequentes aplicações de trifloxistrobina e protioconazol, na dosagem de 400 ml de produto comercial ha⁻¹. Utilizou-se calda de aplicação de 200 l ha⁻¹. A aplicação foi realizada do estágio R1 até o estágio R5.4, com intervalo de 14 dias. O manejo do terceiro tratamento (T3) foi idêntico ao tratamento T2, no entanto, o intervalo de aplicação foi de 21 dias. Demais defensivos agrícolas foram aplicados conforme as recomendações técnicas para a cultura. As parcelas uteis do experimento foram de 3,06m². A temperatura máxima média observada foi de 27°C e a temperatura mínima média observada foi de 19°C. A precipitação acumulada foi de 1425 mm, condições que propiciaram a infecção natural de *Phakopsora pachyrhizi*. Foram mensurados o rendimento de grãos (kg ha⁻¹), altura de planta (cm), legumes por planta, grãos por legume, grãos por planta e peso hectolitro (kg hL⁻¹). Não identificando interação significativa por meio do teste F para nenhum dos componentes avaliados. As produtividades de TMG 7262 RR (3157 kg ha⁻¹) e 7062 IPRO (3060 kg ha⁻¹) não diferiram pelo método de Scott-Knott, sendo superiores as demais, NS 5000 RR (1689 kg ha⁻¹) e FUNDACEP 66 RR (1938 kg ha⁻¹). A produtividade dos tratamentos T2 (2564 kg ha⁻¹) e T3 (2587 kg ha⁻¹) não diferiram entre si, sendo superiores ao tratamento testemunha (2233,31 kg ha⁻¹). O efeito da resistência genética, promovida pela tecnologia INOX foi pouco efetiva, para as condições edafoclimáticas do ano safra 2015/16, no Sudoeste do Paraná.

Palavras-chave: Tolerância genética; Ferrugem Asiática.

EMPREGO DO ÍNDICE DE RANKS NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE ARROZ

Gabrielle Carvalho Pereira^{1*}; Laís Moretti Tomé²; Gabriel Mendes Villela³;
Monique Carolina Nunes Fernandes²; Clésio Teixeira da Silva¹; Flávia Barbosa
Silva Botelho⁴;

¹Graduanda em Agronomia – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ²Doutoranda em Fitotecnia – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ³Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ²Doutoranda em Fitotecnia – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ¹Graduando em Agronomia – UFLA/Lavras-MG/Brasil. ⁴Professor Adjunto do Departamento de Agricultura - UFLA/ Lavras-MG/Brasil. E-mail do autor para correspondência: gabicpe@gmail.com

O arroz (*Oryza sativa*) é um dos cereais mais importantes do mundo e no Brasil juntamente com o feijão, constitui o principal alimento do povo brasileiro. Nos programas de melhoramento genético é usual a mensuração de vários caracteres com objetivo de se praticar a seleção simultânea para alguns deles. A utilização da teoria de índice de seleção é considerada uma boa alternativa para o melhorista, pois, permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que a seleção é fundamentada em um único valor envolvendo todos os demais. Dessa forma, objetivou-se verificar a eficiência do índice de seleção de soma de postos (Ranks) em linhagens de arroz de terras altas, com o intuito de identificar genótipos que associem características desejáveis para recomendação. Foram avaliadas 36 linhagens do ensaio preliminar do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Universidade Federal de Lavras. Os experimentos foram conduzidos nos municípios de Lavras-MG, na UFLA, e no município de Lambari-MG, na fazenda experimental da EPAMIG, durante a safra 2015/2016. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições e os dados foram submetidos as análises estatísticas pelo programa computacional Genes. Para compor o índice foram avaliadas as características: produtividade de grãos, altura, número de dias para o florescimento, peso de mil grãos, renda, rendimento, incidência de brusone foliar e relação comprimento/largura dos grãos, foram selecionadas 4 linhagens por meio do índice de seleção. Foi quantificado o ganho de seleção em cada caráter avaliado e a estimativa do ganho total foi feita pelo somatório dos ganhos dos caracteres individuais. Verificou-se diferença significativa entre as linhagens para todos os caracteres avaliados. Houve ganhos positivos para quase todas as características, com exceção apenas para o caráter rendimento de grãos. O ganho total obtido com a seleção foi de 20,14% indicando que o índice de Ranks apresentou ganhos superiores e equilibrados entre os caracteres, sendo eficiente para a seleção de linhagens de arroz de terras altas.

Palavras-Chave: *Oryza sativa*; Melhoramento genético; Múltiplos caracteres.

Agradecimento: CAPES

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS MALTEIRAS DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO

Pedro Ivo Aquino Leite Sala¹; Ricardo Meneses Sayd¹; Renato Fernando Amabile²; Felipe Augusto Alves Brige²; Carlos Henrique Patriota Moura³

¹Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil, pedroivo.sala@gmail.com.

²Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil. ³União Pioneira de Integração Social, Campus 2, Agronomia, Planaltina, Distrito Federal, Brasil.

A cevada foi introduzida no Cerrado, na década de 70, como uma cultura de inverno possuindo múltiplos propósitos, podendo ser utilizada para produção de ração animal, pela indústria alimentícia humana ou pela indústria cervejeira. No Brasil, quase toda a cevada cultivada é utilizada para fins cervejeiros, mesmo assim, a produção não é suficiente para suprir a demanda nacional. A obtenção cultivares produtivas e, obrigatoriamente, com qualidade malteira é imperativa para a manutenção e o aumento da competitividade do agronegócio do malte no. A estimação de parâmetros genéticos e a quantificação da variabilidade genética são fundamentais para o planejamento e para a execução de um programa de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos de qualidade de quatro cultivares (BRS 195, BRS 180, BRS Deméter e BRS Sampa) recomendadas para as condições irrigadas do Cerrado, em relação às seguintes características de qualidade malteira: índice Kolbach, viscosidade, beta-glucanas, cor após fervura, Hartong, friabilidade e extrato. O trabalho foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF num delineamento de Blocos ao acaso. As análises de micromalteio foram realizadas no Laboratório da Malteria do Vale, em Taubaté-SP. As análises de variância e as médias foram comparadas entre si pelo teste de Tukey a 5% de significância com auxílio do programa Genes. Observou-se a presença de variabilidade genética entre os genótipos de cevada testados. As correlações genotípicas foram, em valores absolutos, superiores às correlações fenotípicas e ambientais, apresentando elevada contribuição dos fatores genéticos na expressão dos caracteres. As altas magnitudes das estimativas das herdabilidades indicaram a existência de variabilidade genética, apontando a possibilidade de obter ganhos genéticos com seleção para todos os caracteres, com exceção a beta-glucanas. Dentro dos genótipos avaliados, a cultivar BRS Deméter destacou-se dos demais para a maioria dos caracteres, podendo ser utilizada em blocos de cruzamentos por apresentar boa qualidade malteira.

Palavras-chave: *Hordeum vulgare* L., caracteres de qualidade, herdabilidade.

ESTIMATIVA DE HETEROSE EM HÍBRIDOS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIA A *BIPOLARIS MAYDIS*

Ariane Cardoso Costa^{1*}; Marcelo Vivas¹; Juliana Saltires Santos²; Julio Cesar Gradice Saluci¹; Gabrielle Souza Maffra²; Antonio Teixeira do Amaral Júnior²

¹Laboratório de Engenharia Agrícola, ²Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal. *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Av. Alberto Lamego, 2000, CEP 28013-602, Campos dos Goytacazes, RJ. E-mail: arianecardosocosta@hotmail.com ¹

O milho-pipoca é um alimento bastante apreciado no Brasil, entretanto, seu cultivo ainda se restringe a pequenas áreas, mas com boas probabilidades de alargamento no território brasileiro, os motivos pelo qual não tenha muitas ocorrências de plantações dessa cultura no país, são devido à restrição de cultivares de alta qualidade e à tecnologia de produção inadequada. Existem diversas doenças que afetam as produções de milho-pipoca, uma delas é a helmintosporiose maydis causada pelo fungo *Bipolaris maydis*. No Brasil se encontra bem disseminada, e apresenta severidade entre baixa e média. Dado o exposto o objetivo do presente trabalho foi avaliar resistência a helmintosporiose maydis e estimar a heterose e a heterobeltiose de 28 híbridos F₁s, com o intuito de selecionar híbridos de milho-pipoca resistentes a esta doença. O experimento foi conduzido no colégio agrícola Antônio Sarlo em Campos dos Goytacazes-RJ, empregando delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas constituída de linhas de cinco metros com 25 plantas. A avaliação de incidência foi conduzida em 5 plantas escolhidas de forma aleatória, com auxílio de escala de incidência da Agroceres. Com os dados médios de cada híbrido e dos genitores, estimou-se a heterose média dos pais (HMP), com base na fórmula: $HMP = (MH - MP / MP) * 100$ e a heterose relativa aos pais superiores (HPS), com base na fórmula: $HPS = (MH - PS / PS) * 100$; onde: MH, corresponde à média do híbrido; MP, refere-se à média de seus genitores (pais); e PS, refere-se à média do melhor pai (menor valor de incidência). Vinte e quatro dos 28 híbridos avaliados apresentaram estimativas negativas de heterose relativa às médias dos pais (HMP). Dezenove combinações híbridas apresentaram estimativas negativas de heterose relativa aos pais superiores (HPS), com destaque para L77 x P1 (-65,31), L76 x P1 (-60,19) e P8 x L77 (-54,04), que apresentaram as maiores magnitudes de HPS. Pelos resultados, Observa-se que os genótipos L 77 e P1 apresentam potencial para gerar combinações híbridas superiores, com possibilidade de para diminuir a helmintosporiose maydis nas condições, no entanto, novos estudos serão conduzidos, visando caracterizar o potencial aqui observado, bem como avaliar o potencial destes híbridos para outras características.

Palavras-chave: *Zea mays evert*; Helmintosporiose; Resistência genética.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA NO ESTADO DO PARÁ

Elisa Ferreira Moura^{1*}; Rodrigo de Souza Silva²; João Tomé de Farias Neto¹

¹Embrapa Amazônia Oriental ²Universidade Federal Rural da Amazônia. *E-mail: elisa.moura@embrapa.br.

O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genéticos para a seleção de mandioca em condições do Estado do Pará. Experimento com 56 acessos de mandioca pertencentes ao banco de germoplasma da Amazônia Oriental foi repetido em duas safras na cidade de Igarapé-Açu em delineamento de blocos aumentados com duas cultivares como tratamentos comuns. Os acessos foram compostos principalmente de variedades coletadas em áreas de agricultores e as testemunhas eram compostas pelas cultivares BRS Poti e BRS Kiriris. Os caracteres avaliados com 12 meses de plantio foram: peso da parte aérea da planta, número de raízes por planta, número de raízes podres por planta, produtividade de raízes frescas, índice de colheita e teor de fécula nas raízes. Utilizou-se a metodologia de modelos lineares mistos: REML (máxima verossimilhança restrita) e BLUP (melhor predição linear não viciada). Foi verificado que há variação genética entre os genótipos para os caracteres peso da parte aérea da planta, número de raízes por planta, índice de colheita e teor de fécula nas raízes com possibilidade de ganho genético por seleção. Não foi detectada variação para número de raízes podres por planta e produtividade de raízes podres por planta. Os valores de herdabilidade foram compatíveis com valores encontrados por outros autores e aqueles mais baixos mostraram-se coerentes com a natureza quantitativa e poligênica dos caracteres avaliados. Produtividade de raízes frescas teve baixa herdabilidade no sentido amplo por parcela (0,10) e correlação positiva com índice de colheita (0,43*). Já que o índice de colheita apresentou valor moderado de herdabilidade no sentido amplo (0,43), esse caráter pode ser utilizado na seleção indireta para produtividade de raízes. O ganho genético para índice de colheita variou de 12,14 a 9,82%, considerando os cinco melhores acessos para o caráter. O maior ganho genético com base na seleção dos cinco melhores acessos foi para número de raízes por planta (27,10 a 15,81%), que também teve correlação de média magnitude com produtividade de raízes frescas (0,30*). Para conteúdo de amido, a média geral foi alta, reflexo de acessos com conteúdo de amido acima de 30%. Porém, a variação genética para esse caráter foi baixa, implicando em baixo ganho com seleção (1,9 a 2,2%). O uso do delineamento em blocos aumentados e análise dos dados pelo procedimento REML/BLUP foi eficiente na classificação e ordenamento de genótipos de mandioca e essa metodologia pode ser usada nas fases iniciais de seleção de genótipos.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*, amido, índice de colheita

Agradecimentos: À Embrapa, ao CNPq, a CAPES e à FAPESPA.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM MILHO COMUM CULTIVADO NO CARIRI CEARENSE

Sydney Pereira Galvão^{1*}; Railany Brito de Lucena¹; Jose Tiago Barroso Chagas¹; Lynda Bezerra de Oliveira¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Junior³

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE. *sydneyhkey@gmail.com

²Doutorando em genética e melhoramento de plantas, UENF/Brasil valter_jario@hotmail.com

³Professor adjunto do curso de Agronomia da Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE, silverio.freitas@ufca.edu.br

É de fundamental importância a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos pelo fato deste permitir identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. O objetivo desse trabalho foi avaliar o primeiro ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos de milho comum por estimativas de parâmetros genéticos. A obtenção das progênies foi realizada em 2014, no Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri - UFCA, Crato/CE. Os cruzamentos foram realizados entre as plantas das 102 linhas constituídas do milho crioulo SALVA TERRA. Dessa forma foram obtidas 210 famílias, cada uma com duas espigas. Foi realizado o ensaio de competição no ano de 2015 no município de Crato - CE, sendo avaliado as 210 famílias de irmãos completos com relação a 6 características, agrônômicas: EMP = proporção de espiga mal empalhada; ALTE = altura média de espigas; ED = proporção de espigas doentes; PESP = peso de grãos com espiga; RG = rendimento de grãos; P100 = peso de cem grãos. Em delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de 'sets'. Foi utilizado sete 'sets', com duas repetições, sendo que cada 'set' conteve 30 tratamentos. A análise dos dados mostrou elevada variância genotípica (σ_g^2) para as características PESP e RG acompanhada de altos valores de herdabilidade, com percentuais de 86,03% e 84,53% respectivamente. Esses resultados mostram a possibilidade de identificação de famílias ou genótipos superiores para as características citadas, principalmente quanto a rendimento de grãos, que é a característica de maior interesse para os produtores. As características apresentaram elevados valores de CV_g , de maneira geral, destacando-se EMP, ALTE, ED, PESP, RG e P100 o que indica boas chances de sucesso em programas de melhoramento que utilizem essa população, visando a seleção para essas características.

Palavras-chave: Zea Mays L.; Herdabilidade; Melhoramento.

ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS EM CICLO INICIAL DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO NO CARIRI CEARENSE

Jose Tiago Barroso Chagas^{1*}; Francisca Dayanne de Oliveira Alcantara¹; João Esdras Calaça Farias¹; Damião Francisco de Sales¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Junior³

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE. *tiagomcap@gmail.com

²Doutorando em genética e melhoramento de plantas, UENF/Brasil

³Professor adjunto do curso de Agronomia da Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE

A seleção recorrente foi proposta para aumentar a frequência de alelos favoráveis, mantendo um nível de satisfação de variabilidade genética a cada ciclo, para que a população possa ser submetida a sucessivos ciclos de seleção. Posto isso, o objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos de características agrônômicas do primeiro ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos de milho. Foram obtidas 210 famílias de irmãos completos derivados do milho crioulo Salva Terra. O ensaio de competição foi conduzido em dois anos agrícolas consecutivos: 2015 e 2016. As famílias foram avaliadas no campo experimental do Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri, Crato – CE. Os plantios foram realizados no delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de SET. Utilizaram-se sete SETS, com duas repetições, onde cada 'set' conteve 30 tratamentos. Avaliaram-se as seguintes características: Número médio de espigas por parcela (NE); Número médio de espigas mal empalhadas por parcela (EMP); Altura média da planta, em metros (ALTP); Altura média da inserção da primeira espiga, em metros (ALTE); Peso médio de espigas com grãos (PESP); os dados foram submetidos à análise de variância, com o auxílio do programa SAS. De posse dos componentes de variância, estimaram-se os seguintes parâmetros genéticos: variância genotípica (σ_g^2), variância fenotípica (σ_f^2), variância residual (σ_r^2), herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação genético (CV_g). Foram observadas elevadas variâncias genotípicas ($g\sigma^2$) para uma das características de maior interesse para a cultura; (PESP), somados com altos valores de herdabilidade ($2 \times h$), com percentual de 93%. A característica PESP apresentou valores de IV superior a um, (2,6). A herdabilidade para as características NE, EMP, ALTP, ALTE e PESP foram de respectivamente 45,05%, 18,26%, 42,85%, 66,66% e 92,99%, o que aponta que a população apresenta elevada herdabilidade para a maioria das características, com destaque para a de interesse para a cultura (PESP). Conclui-se, feito todas as observações que os valores acima apresentado indica boas chances de sucesso em programas de melhoramento que utilizem essa população, visando à seleção para essas características, principalmente a de interesse econômico.

Palavras-chave: Zea Mays L.; Irmão completo; Avaliação genética.

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE QUINZE POPULAÇÕES DE MILHO PERTENCENTES AO BANCO DE GERMOPLASMA DO IFES CAMPUS ITAPINA

Amós Leite¹; Sarah Helmer de Souza¹; Luis Eduardo Gottardo¹; Ana Paula C. G. Berilli²; Lorrán Portugal¹; Ricardo Amaro¹; Eduardo Varnier³

¹Graduanda em Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil. E-mail: sarah.helmer@hotmail.com; ²Professora do curso de Agronomia – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil; ³Técnico Agrícola setor de Culturas Anuais – IFES Campus Itapina/Colatina-ES/Brasil.

O índice de variação contribui para auxiliar na tomada de decisão e escolha do método de melhoramento, dos futuros programas a serem utilizados. O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos de quinze populações de milho pertencentes ao banco de germoplasma do Ifes Campus Itapina. A escolha das melhores populações com elevado os melhores parâmetros genéticos foram definidas a partir de um ensaio de competição, constituído por um delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e 15 tratamentos, implantados na área experimental do Instituto Federal do Espírito Santo Campus Itapina. As parcelas foram constituídas por fileiras de cinco metros, espaçadas entre si com 1,0 metros e 0,20 m entre plantas. Os valores das estimativas dos índices de variação foram satisfatórios para todas as características avaliadas, pois para a maioria das características avaliadas apresentaram índice de variação próximo ou superior a 1,0 indicando assim a oportunidade de seleção dessas populações para a condução de um programa de melhoramento, pois tal fato indica que houve maior influência genotípica do que ambiental nos caracteres em questão. No que se refere à produtividade, verificou-se uma alta possibilidade de identificação de genótipos superiores, pois apresentaram significância pela análise de variância ($P < 0,01$), alta herdabilidade (79,39%), alto coeficiente de variação genético (21,09) e índice de variação também satisfatório (1,10). Todas as populações escolhidas para esta pesquisa demonstram um grande nível de variabilidade genética, abrindo assim uma grande oportunidade de escolha de caracteres favoráveis para se trabalhar em um programa de melhoramento genético. Pôde-se inferir que as populações “Aliança” e “Sertanejo” são germoplasmas valiosos e podem ser utilizados em programas de melhoramento intrapopulacionais com metodologias que não requerem o uso de duas espigas por planta. Enquanto que as populações “CIMMYT 14” e “Piranão 14” são recomendadas para fazerem parte do programa de seleção recorrente recíproca, pois além de apresentarem alta produtividade, ambas as populações apresentam maior índice de prolificidade e pertencem a grupos heteróticos distintos.

Palavras-chave: melhoramento genético; seleção recorrente; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: A FAPES pelo apoio financeiro ao projeto, ao IFES Campus Itapina e ao CNPq pelo apoio financeiro ao bolsista.

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM CRAMBECULTIVADO EM DIFERENTES LOCAIS E ANOS

Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho^{1*}; Ubieli Alves Araújo Vasconcelos¹;
Gabriela Maria Aparecida¹; Raphael Marra Giardini¹; Thais Roseli Corrêa¹; Luiz
Antônio dos Santos Dias¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, 36.570-900, Viçosa, MG, Brasil. *E-mail: lucasbcrosmaninho@hotmail.com

Crambe (Crambe abyssinica Hochst) é uma planta oleaginosa, importante para produção de biodiesel e outros produtos. A semente é o principal produto comercial por apresentar alto teor de óleo (34% a 38%) muito valorizado pela indústria. A planta foi introduzida no Brasil na década de 1990 e, em 2007 foi registrada a primeira e única cultivar (FMS Brilhante). Dessa forma a introdução de novos genótipos que possibilitem ganhos genéticos é de fundamental importância nos programas de melhoramento. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos em sete genótipos, cultivados em sete ambientes, durante dois anos. Foram avaliadas as cultivares FMS Brilhante, Cv galáctica, Cv Mario e as linhagens FMS CR 1101, FMS CR 1102, FMS CR 1105 e FMS CR 1202. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas com 200 plantas foram formadas por 4 linhas de 10 m, espaçadas de 0,50 m, com espaçamento entre plantas de 0,20m. Foram avaliadas dez plantas, sendo mensuradas a produtividade de grãos (PROD), altura de plantas (ALT), diâmetro do caule (DC), altura do primeiro ramo produtivo (APRP), peso de mil sementes (PMS) e número de ramos (NR). Estimaram-se os seguintes parâmetros genéticos: Variâncias genética e ambiental, herdabilidade no sentido amplo em nível de médias, coeficientes de variação genética e ambiental e a razão b (CVg/CVe). Os genótipos avaliados apresentaram ampla variabilidade para todos os caracteres estudados, possibilitando a obtenção de ganhos genéticos expressivos. Os dois anos agrícolas não influenciaram os caracteres avaliados. Os caracteres PROD, PMS e DC foram os únicos influenciados pelos locais avaliados. Observou-se, com base na análise conjunta, significância para interação Genótipo x Anos x Locais. Para PROD, DC, APRP, PMS e NR a variância ambiental foi maior que a genética. Valores elevados de herdabilidade (\hat{h}_m^2) para PROD, APRP e PMS (82, 84 e 77%, respectivamente) foram estimados, o que indica possibilidade de seleção direta sobre os mesmos. A razão b, indicadora de variabilidade genética na população, para PROD, ALT, APRP e PMS foi de 0,87; 1,04; 0,74 e 0,78, respectivamente. As estimativas de b, aliadas as estimativas de \hat{h}_m^2 , indicam condição favorável à seleção. Em conclusão, os genótipos utilizados apresentam variabilidade genética expressiva, possibilitando ganhos genéticos nos programas de melhoramento.

Palavras-chave: Herdabilidade; melhoramento de crambe; oleaginosa

Agradecimentos: Os autores agradecem a CAPES, CNPq e FAPEMIG a concessão de bolsas de pesquisa e recursos.

ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO PARA O CARÁTER RAIZ EM FEIJÃO BASEADO EM SUA HERANÇA GENÉTICA

Rita Carolina de Melo^{1*}; Nicole Trevisani¹; João Pedro Fossa Bernardy¹,
Tatiane da Rocha Cardoso¹; Édila de Lurdes Almeida¹ Altamir Frederico
Guidolin¹; Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹

¹Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) *E-mail do autor para correspondência: rita_carol_mel@hotmail.com

O desenvolvimento de um sistema radicular proeminente é considerado um dos maiores mecanismos de adaptação a estresses abióticos, dentre os quais, a tolerância a seca e a eficiência dos recursos nutricionais. Porém, o uso das raízes como mecanismo de seleção ainda é pouco empregado em virtude de sua árdua fenotipagem e estudos genéticos escassos. O objetivo da pesquisa foi determinar a herança genética predominante no caráter distribuição radicular em feijão e definir a estratégia de seleção para o melhoramento deste caráter. Para tanto, cruzamentos do tipo dialelo completo entre quatro genitores (BAF07, BAF09, BAF50 e IPR Uirapuru) foram realizados originando 40 constituições genéticas, sendo 12 populações segregantes nas gerações F₄, F₅ e F₆ e 4 populações fixas (genitores) foi desenvolvido durante os anos agrícolas 2014/15 e 2015/16. O delineamento utilizado foi de blocos aumentados de Federer com 3 repetições. A distribuição radicular foi avaliada quando as constituições genéticas apresentaram pleno florescimento, segundo o método proposto por Bohm (1979). A herança do caráter distribuição radicular foi verificada mediante a aplicação de contrastes de médias entre os genitores e as populações segregantes ($p < 0.05$). As estimativas transformadas dos contrastes de médias entre as progênies F₄ e seus respectivos genitores não revelaram diferenças significativas, em nenhuma comparação. De maneira análoga, as gerações F₅ e F₆ apresentaram o mesmo comportamento. A distribuição do componente da variância genética aditivo ocorreu de forma similar e uniforme entre as gerações segregantes, em todas as populações avaliadas. Com relação a comparação entre os anos agrícolas foi possível constatar que o caráter estudado revela elevada expressividade e pode ser selecionado pelo melhorista independente do ano agrícola. Assim, visto que o componente da variância genética predominante é o aditivo recomenda-se que a seleção do caráter distribuição radicular seja praticada no final do programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L; Aditividade; Locos em homozigose.

Agradecimentos: À Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro no desenvolvimento deste trabalho.

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NA OBTENÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE AVEIA BRANCA

Cezar Augusto Verdi¹; Viane Rother²; Liamara Bahr Thurow²; Lucas Maciel Muller³; Cristiano Stülp³; Evandro Venske³; Antonio Costa de Oliveira⁴;

¹Eng. Agr.º, Estudante de doutorado em Agronomia UFPel; ²Estudante de doutorado UFPel; ³Graduando UFPel; ⁴Professor do Departamento de Fitotecnia UFPel; e-mail: cezarverdi@yahoo.com.br;

A aveia branca é um cereal de inverno que apresenta maior expressão de cultivo na região Sul do país. Certamente é o cereal cultivado nesta estação com a maior diversificação na sua utilização. Os caracteres que apresentam uma maior dificuldade de seleção, são justamente os de maior importância para o desempenho dos genótipos, dentre estes se destaca o rendimento de grãos, bastante influenciado pelas condições ambientais. Com isso, a seleção indireta pode auxiliar no processo de seleção, agilizando a avaliação e retornando informações confiáveis para definir os genótipos selecionados. Dessa forma este trabalho teve por objetivo analisar os resultados de diferentes estratégias de seleção. Foram utilizadas seis combinações na geração F₇: Albasul x UPFA 22, Albasul x URS Guapa, Albasul x IAC 7, UPFA 22 x URS Guapa, UPFA 22 x IAC 7 e URS Guapa x IAC 7. Cada combinação foi selecionada por quatro estratégias: massa da panícula principal (ES1), massa de grãos por planta (ES2); índice de grãos maior que 2 mm (ES3) e sem seleção (ES4). As estratégias de seleção foram empregadas na geração F₂. Nos anos seguintes foram conduzidas em dois ambientes, sendo eles: Capão do Leão e Augusto Pestana, ambos no RS. No ano de 2014 foram todas conduzidas em Capão do Leão. Avaliou-se a massa da panícula (MP), índice de grãos (IG) e massa de grãos por planta (MG). As estratégias de seleção ES1, ES2 e ES4 apresentaram desempenho superior quanto a MP e MG para a combinação Albasul x UPFA 22. Já a segunda combinação Albasul x URS Guapa evidenciou resultados superiores para todos os caracteres, independente da estratégia de seleção. As demais combinações revelaram desempenho intermediário, porém com maior destaque para os bulks das estratégias ES1 e ES2. Os resultados demonstram que a combinação entre os genitores é mais importante do que a estratégia de seleção adotada, ou mesmo, do local onde a seleção está sendo imposta, uma vez que algumas variações ambientais podem ser controladas com a finalidade de estabelecer parâmetros de seleção, já a constituição genética é dependente da escolha dos genitores. Desta maneira, a seleção via MP e MG apresenta resultados satisfatórios para seleção de genótipos superiores. As combinações Albasul x UPFA 22 e Albasul x URS Guapa são promissoras, independente da estratégia de seleção e do local de seleção.

Palavras-chave: método de seleção; seleção indireta; *Avena sativa* L.

Agradecimentos: UFPel; Capes; CNPq.

ESTRESSE HÍDRICO EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA: CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE COMPONENTES DE RENDIMENTO E CARACTERES FISIOLÓGICOS

Valter Jário de Lima^{1*}; Samuel Henrique Kamphorst¹; Katia Fabiane Medeiros Schimitt¹; Valdinei Cruz Azeredo¹; Eliemar Campostrini¹; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF)

*E-mail do autor para correspondência: valter_jario@hotmail.com

Genótipos com elevados níveis de tolerância a seca contribuem para cultivos agrícolas sustentáveis. O objetivo deste trabalho foi estudar a associação entre componentes de rendimento e caracteres fisiológicos, em 20 linhagens S₇ de milho-pipoca, sob condições de disponibilidade hídrica distintas. Os experimentos, em blocos casualizados com três repetições, foram instalados sob dois regimes hídricos: ambiente irrigado (AI) e ambiente sob estresse hídrico (AEH), imposto em fase pré-florescimento. Foram estimados os pares canônicos e os coeficientes de ponderação entre o Grupo I – Caracteres fisiológicos (matéria seca – MS; índice de estresse hídrico da cultura – IEHC; índice verde – SPAD; índice de vegetação normalidade por diferença – NDVI) e o Grupo II – Componentes de rendimento (produtividade de grãos – PROD; capacidade de expansão – CE; peso de 100 grãos – PCG; volume de pipoca expandido por hectare – VP; prolificidade – PR; diâmetro de espiga – DE; comprimento de espiga – CO). As correlações canônicas intergrupos foram $r_1=0,77$, $r_2=0,65$, $r_3=0,59$ e $r_4=0,44$, no AI, e de $r_1=0,87$, $r_2=0,56$, $r_3=0,45$ e $r_4=0,32$, no AEH. As correlações canônicas r_1 e r_2 foram significativas em 1% de probabilidade e r_3 significativas a 5%. No AI, as principais correlações foram estabelecidas entre: a) maior NDVI (0,61) associado ao menor CO (-0,63) e aumento do PCG (0,57); b) maior MS (0,89) e SPAD (0,80) associados ao aumento do VP (0,73) e PROD (0,66); e c) maior IEHC (0,82) associado ao maior PCG (0,72) e menor CE (-0,62). No AEH, as correlações foram estabelecidas entre: a) maior MS (0,87) e SPAD (0,61) associados ao aumento do DE (0,60) e PROD (0,51); b) maior SPAD (0,61) e NDVI (0,73) associados ao aumento no DE (0,55); e c) maior IEHC (0,63) associado à maior PR (0,70) e CE (0,63). A manutenção da cor verde e maior biomassa da parte aérea proporcionaram aumentos em PROD, em ambos os ambientes. A CE expressou associações distintas com IEHC, isto é, de magnitude positiva no AI e negativa no AEH. O IEHC quando expressa valores negativos garante às plantas incremento de fotoassimilados. A explicação encontra-se na influência sobre o PCG, onde, grãos de maior massa apresentam menor CE. Programas de melhoramento de milho-pipoca para tolerância à seca podem ser direcionados a selecionar genótipos em ambientes irrigados e de estresse hídrico, com maior matéria seca e índice de verde, visando incrementar a produção de grãos.

Palavras-chave: seca; linhagens; seleção.

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.

ESTRESSE HÍDRICO EM GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA: CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE COMPONENTES DE RENDIMENTO E CARACTERÍSTICAS DE ARQUITETURA DE RAÍZES

Samuel Henrique Kamphorst^{1*}; Valter Jário de Lima¹; Katia Fabiane Medeiros Schmitt¹; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves¹; Lauro José Moreira Guimarães²; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). ²EMBRAPA Milho e Sorgo.

*E-mail do autor para correspondência: samuelkampho@hotmail.com

A ocorrência de períodos de seca causa grave efeitos sobre a produção das lavouras, questão importante para a sustentabilidade agrícola. Nessas condições, aqueles genótipos que possuem sistema radicular mais desenvolvido apresentam vantagens, refletindo na maior produção de grãos. O objetivo deste trabalho foi estudar a associação entre componentes de rendimento e características arquitetônicas de raízes, em um conjunto de 20 linhagens de milho-pipoca, em condições contrastantes de disponibilidade hídrica. O delineamento experimental foi blocos casualizados com três repetições por ambiente, isto é, em condições de irrigação plena (AI) e de estresse hídrico (AEH), imposto em fase pré-florescimento. Foram estimados os pares canônico e os coeficientes de ponderação entre o Grupo I (GI) – Componentes de rendimento (produtividade de grãos – PROD; capacidade de expansão – CE; peso de 100 grãos – PCG; e volume de pipoca expandido por hectare – VP) e Grupo II (GII) – Arquitetura de raízes (número de raízes suporte – NRS; ângulo de raízes de suporte – ARS; densidade de raízes de suporte – DRS; número de raízes coroa – NRC; ângulo de raízes da coroa – ARC; e densidade de raízes de coroa – DRC). As correlações canônicas intergrupos foram: $r_1=0,81$, $r_2=0,62$, $r_3=0,56$ e $r_4=0,29$, no AI, e de $r_1=0,88$, $r_2=0,68$, $r_3=0,51$ e $r_4=0,30$, no AEH, respectivamente. As correlações canônicas r_1 e r_2 foram significativas em 1% de probabilidade, r_3 significativas em 5% de probabilidade e r_4 não significativas. No AI, as principais correlações foram estabelecidas entre: a) maior PCG (0,79) (GI) associada à diminuição do NRS (-0,63) (GII); b) menor CE (-0,45) (GI) associada à diminuição no ARS (0,57) (GII); e c) maior CE (0,85) (GI) associada ao menor ARC (-0,49) (GII). No AEH, as principais correlações foram estabelecidas entre: a) menor CE (-0,80) e maior PCG (0,80) (GI) associada à diminuição do NRS (-0,62) (GII); b) menor PROD (-0,45) (GI) associada ao aumento no NRC (0,83) (GII); e c) maior PROD (0,72) e VP (0,61) (GI) associados à menor DRS (-0,35). A correlação entre os caracteres de produção e arquitetura de raízes foram mais expressivas em condição de seca. Programas de melhoramento para tolerância a seca em milho-pipoca podem ser direcionados a selecionar genótipos com maior número e menor densidade de raízes de suporte para obtenção maior produtividade de grãos.

Palavras-chave: seca; sustentabilidade agrícola; seleção.

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.

ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO NO ESTADO DE MINAS GERAIS

Arthur Martins Almeida Bernardeli^{1*}; Plínio César Soares²; Weverton Gomes da Costa³; Raphael de Paula Gonçalves⁴; Gabriel Nascimento Oliveira⁴; Antônio Carlos da Silva Júnior³

¹Estudante de mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas, Laboratório de Genética Molecular de Plantas – BioAgro, Universidade Federal de Viçosa. ²Pesquisador EPAMIG Sudeste. ³Estudantes de mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Viçosa. ⁴Bolsistas PIBIC-FAPEMIG/EPAMIG, *arthurbernardeli@gmail.com.

A cultura do arroz (*Oryza sativa* L.) é de grande contribuição para balança comercial do agronegócio do Brasil e para a manutenção da segurança alimentar dos cidadãos. Minas Gerais, na safra 2016/2017, teve 5,3 mil ha de orizicultura irrigada, com produção total de 14,5 mil t e produtividade média de 2740 Kg.ha⁻¹. Dada sua relevância, o estudo da interação genótipo x ambiente (GxA) é ideal para adotar critérios de interpretação de dados, conhecer a magnitude das diferenças entre os genótipos ou ordem de mérito destes. Assim, este estudo objetivou verificar a existência da modificação do comportamento relativo das linhagens em virtude da alteração ambiental, pela análise das variâncias dos fatores e da decomposição da interação em porções simples e complexa. Para isto, utilizou-se os dados de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) do programa de melhoramento genético de arroz irrigado da EPAMIG, referentes à produtividade de grãos (PG, Kg.ha⁻¹), altura de plantas (AP, cm) e dias até o florescimento (DF) de 21 genótipos testados nas localidades de Nova Porteirinha-MG e Lambari-MG nas safras de 2012/2013, 2013/2014 e 2014/2015, e Leopoldina-MG nas safras de 2012/2013 e 2013/2014, sob delineamento em blocos casualizados com três repetições. Foi realizada análise de variância conjunta dos dados, em que cada localidade dentro de cada safra foi considerada um ambiente independente, bem como determinação do percentual da porção simples e complexa da interação GxA, como proposto por Cruz e Castoldi (1991), por meio do software Genes (Cruz, 2013). A análise de variância evidenciou interação GxA significativa para os três caracteres ($p < 0.01$). Também, a interação complexa predominou em todas as 28 combinações de ambientes aos pares para PG e AP, e, para DF, houve 5 combinações com interação simples. Tais resultados indicam a existência de mudança de desempenho dos genótipos nos diferentes locais, com a interação GxA complexa sendo mais frequente. Portanto, este estudo se mostra útil para planejamento e condução de ensaios e recomendação de cultivares de forma mais eficiente.

Agradecimentos: Ao CNPq e FAPEMIG pela concessão de bolsas e recursos às pesquisas, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa e à EPAMIG pela disponibilização dos dados

Palavras-chave: desempenho relativo, interação complexa; *Oryza sativa* L.

ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS x AMBIENTES EM ENSAIOS FINAIS DE TABACO

Ricardo A.D.C. Ferreira^{1*}; José M.V. Pádua²; Carlos E. Pulcinelli³

^{1,2,3} Souza Cruz Ltda – Rio Negro/PR. * ricardo_ferreira@souzacruz.com.br.

Para se ter segurança na recomendação de um novo cultivar de tabaco são conduzidos um grande número de experimentos localizados nas regiões onde a cultivar será recomendada. Nesse contexto, os experimentos são alocados em diferentes produtores formando uma rede experimental nos três estados do Sul do Brasil. Essa rede fornece os dados que serão utilizados para a tomada de decisão do registro de um novo cultivar. Uma das dificuldades encontradas pelo melhorista na tomada de decisão é a presença da interação genótipos por ambientes (*gxa*), que possibilita a escolha de estratégias bastante distintas: a) recomendação de cultivares específicos para localidades específicas; b) escolha de cultivares com ampla adaptabilidade. Existem análises que podem ser empregadas para o estudo da interação *gxa*, auxiliando a escolha da melhor estratégia de recomendação para cada situação. O objetivo desse trabalho foi demonstrar a importância do estudo da interação *gxa* para a recomendação de novos cultivares de tabaco. Foram avaliados 14 tratamentos no delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Os experimentos foram conduzidos em 14 locais na safra agrícola 2014/15, contemplando os três estados do Sul do Brasil. As características avaliadas foram a produtividade (kg/ha) e o índice de qualidade (IQS %). Foi detectada interação *gxa* significativa na análise conjunta dos 14 experimentos para as duas características avaliadas. Para um melhor entendimento da interação foram realizadas as análises de variância dos ensaios “dois a dois” considerando os 14 locais, bem como a análise de estratificação de ambientes baseado na significância do teste de F para interação *gxa*. Para produtividade das 91 análises “dois a dois” em 60% dos casos a interação *gxa* foi não significativa. Na análise de estratificação foi formado um grupo com 10 dos 14 locais e não houve agrupamento com mais de dois ambientes fora desse grupo. Para o IQS as análises “dois a dois” também demonstraram que em 58% dos casos a interação *gxa* foi não significativa. Já a análise de estratificação demonstrou que podem ser formados dois grandes grupos de ambientes, sendo um contendo sete e outro seis locais. A diferença no padrão estratificação entre IQS e produtividade provavelmente se deve ao fato de que o IQS é uma característica mais sensível aos fatores de ambiente e manejo. O estudo da interação *gxa* por meio da estratificação de ambientes mostra que é possível adotar a estratégia de recomendar cultivares de forma ampla. A análise dois a dois dos ambientes indica que apesar deles formarem poucos grupos é necessário que exista uma rede de ensaios com vários ambientes pois existe interação *gxa* entre eles.

Palavras-chave: *Nicotiana tabacum*, interação *gxa*, recomendação de cultivares.

ESTUDO DE CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA PARA TEOR DE ÓLEO EM LINHAGENS E HÍBRIDOS F1 DE SOJA

Fernanda Cupertino Rodrigues¹; Murilo Viotto Del Conte¹; Felipe Lopes da Siva¹

¹Universidade Federal de Viçosa (fernanda.cupertino@ufv.br)

O estudo de correlações entre caracteres constitui uma importante ferramenta para definir a viabilidade da seleção indireta. No entanto, a correlação não elucida as relações de causa e efeito. Portanto, é recomendado que além do estudo de correlações, seja realizada a análise de trilha que tem por finalidade decompor as estimativas de correlação em efeitos diretos e indiretos. Tais estudos auxiliam na escolha das estratégias de seleção. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi estudar as correlações entre variáveis de interesse na cultura da soja para linhagens homozigotas e híbridos F1. O ensaio foi realizado entre fevereiro e julho do ano de 2016 na Universidade Federal de Viçosa em casa de vegetação adaptada com fotoperíodo e sob delineamento de blocos ao acaso com 5 repetições. Foram semeadas 15 linhagens homozigotas as quais foram utilizadas como genitores na confecção de 36 híbridos F1. Na análise de trilha, foram utilizadas as seguintes variáveis: dados de dias para maturação (DPM), diâmetro de hipocótilo (DHP), altura na maturação (AM), número de nós (NN), número de hastes (NH), produtividade de grãos (PG), teor de proteína (PT) e óleo (OL), sendo que esta última foi considerada como variável principal. Para os híbridos F1 foram notadas, em geral, correlações de menor magnitude quando comparados com as linhagens. Analisando a fórmula para estimação dos coeficientes de correlação, no caso dos híbridos, notou-se que menores magnitudes estão relacionadas à maior variância de cada variável em relação à covariância entre as variáveis, o que corresponde a uma menor razão entre o numerador e denominador. O fato de as variâncias estimadas serem de maior magnitude quando mensuradas nos híbridos F1, está relacionado aos desvios de dominância que afetam as médias. Para as linhagens, os caracteres NH e PG apresentaram maiores estimativas de correlação (0,80 e 0,77, respectivamente), enquanto que para os híbridos F1, os caracteres PG (0,35) e PT (-0,60) foram os mais correlacionados. Também foi verificado para as linhagens alto efeito direto da PG sobre OL (0,77), sendo este, superior ao efeito da variável residual. Além disso, o coeficiente de determinação encontrado (0,84), confere confiabilidade aos resultados obtidos. A análise de trilha para os híbridos F1 mostrou alto efeito da variável residual (0,70) e baixo coeficiente de determinação (0,51). Isto indica que deveriam ter sido incluídas mais variáveis nas análises, o que, neste estudo, não foi feito para evitar a multicolinearidade. Com o intuito de acompanhar as correlações ao longo das gerações, novos estudos continuarão sendo feitos.

Palavras-chave: seleção indireta, *Glycine max* [L.] Merrill, variância

ESTUDO DE MAPEAMENTO ASSOCIATIVO AMPLO (GWAS) VISANDO RESISTÊNCIA A CERCOSPORIOSE EM ACESSOS TROPICAIS DE MILHO COMUM E PIPOCA

Filipe Augusto Bengosi Bertagna^{1*}; Maurício Carlos Kuki¹; Henrique José Camargo Senhorinho¹; Marlon Mathias Dacal Coan¹; Evandrei Santos Rossi¹; Carlos Alberto Scapim¹; Ronald José Barth Pinto¹

¹Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. *E-mail do autor para correspondência: filipeabbertagna@gmail.com

A cercosporiose, etiologia causada pelos patógenos *Cercospora zea-maydis* e *Cercospora zeina*, é uma doença foliar de grande importância que afeta a cultura do milho. A resistência genética é o método mais efetivo no controle da doença, contudo, esta é uma característica governada por genes aditivos e baixa herdabilidade. Desta forma, estudos de mapeamento associativo amplo (GWAS) são cada vez mais utilizados, uma vez que buscam identificar marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) associados a genes candidatos em uma grande quantidade de indivíduos oriundos de diferentes backgrounds genéticos. Este trabalho teve como objetivo identificar via GWAS possíveis genes que influenciem a resistência para cercosporiose. O painel genotipado de milho da Universidade Estadual de Maringá é composto por 183 linhagens, mas apenas 157 linhagens foram avaliadas neste estudo. O experimento foi instalado na safra verão de 2016/17 no município de Maringá – Paraná, na Fazenda Experimental de Iguatemi. O delineamento utilizado foi de blocos completos ao acaso, com duas repetições. A parcela consistiu em linha única de seis metros espaçadas em 0,9 metros. A avaliação da porcentagem de área foliar infectada foi realizada 20 dias após florescimento, utilizando a escala proposta pela Agrocere. Apenas SNPs com uma MAF (*Minor Allele Frequency*) superior a 0.05 e com menos de 20% de dados perdidos foram utilizados na GWAS, resultando em 355.972 SNPs. O número de grupos de populações foi estimado de acordo com a análise de componentes principais (PCA). A análise da estrutura de população por meio da PCA demonstrou a existência de duas populações distintas, formados pelos agrupamentos das linhagens de milho comum e de pipoca. Na análise do mapeamento associativo, foram detectados sete SNPs significativos (FDR = 5%) associados a incidência da cercosporiose, com R^2 variando entre 0,38 a 0,34 e efeito entre -17,25 a 13,19. Quatro SNPs foram localizados dentro de genes nos bins 1.02, 2.07, 3.05 e 7.03, e os demais SNPs localizaram três genes em uma janela de até 1000pb, nos bins 10.07, 6.07 e 4.08. Os genes GRMZM2G402185 (bin 6.07) e GRMZM2G173910 (bin 7.03) possuem transcritos expressos na folha após a polinização, o que coincide com o desenvolvimento da cercosporiose. Desta forma, estes podem atuar como possíveis genes relacionados à participação no ciclo de defesa da planta.

Palavras-chave: genes; linhagens; SNPs.

ESTUDO DO POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES F3 DE FEIJÃO-CAUPI

Layon Miguel Ramalho Lira¹; Fabio Barros Ribeiro²; Bárbara Almeida Gomes³; Alane Brito Rodrigues⁴.

¹Graduando em Agronomia - UEMA/CESBA Balsas-MA/Brasil e-mail: layonlira@hotmail.com; ²Professor Adjunto I – UEMA/CESBA Balsas-MA/Brasil; ³Graduanda em Agronomia - UEMA/CESBA Balsas-MA/Brasil; ⁴Graduanda em Agronomia - UEMA/CESBA Balsas-MA/Brasil.

Feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) apresenta uma grande importância sócio-econômica no Brasil. Cultivado em todas as regiões do país, entretanto a fome e a baixa qualidade de grãos nas regiões Norte e Nordeste do Brasil traduzem a importância e evidenciam a necessidade de pesquisas para desenvolver novas cultivares através do melhoramento vegetal, visando atender as demandas dos produtores, comerciantes e consumidores. Desse modo, a obtenção de cultivares com alto potencial produtivo e qualidade de grão poderá trazer resultados positivos, suprimindo a necessidade dos produtores e consumidores de feijão-caupi. O trabalho objetivou avaliar e selecionar progênies F3 de feijão-caupi com potencial produtivo, qualidade de grão, avaliada em campo e laboratorial. O experimento foi conduzido no município de Balsas, utilizando 11 progênies obtidas a partir de cruzamentos entre as cultivares BRS TUMUCUMAQUE e MNC04-769F; MNC04-782F; MNC04-774F; MNC04-774F-90. No campo as parcelas foram constituídas de duas linhas com 3 metros e espaçamento padrão da cultura. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com quatro repetições, avaliando as seguintes características: Número de Dias para Início da Floração (NDIF); Comprimento de Cinco Vagens (COM5V); Peso de Cinco Vagens (P5V); Peso de Grãos de Cinco Vagens (PG5V) e Número de Grãos de Cinco Vagens (NG5V). Os dados foram analisados utilizando o programa computacional Genes, 2006. No presente estudo observa-se que houve diferença significativa entre as progênies a (1%) em estudo pelo teste F, evidenciando a existência de variabilidade para os caracteres avaliados. O coeficiente de variação experimental (CV%) obtidos para todas as características foram relativamente baixo, indicando boa precisão na condução do experimento. Além disso, observa-se coeficiente de herdabilidade alto para todas as características o que evidencia facilidade na transmissão dessas características. Portanto, as progênies estudadas apresentam potencial para seleção de materiais com alto potencial produtivo e qualidade de grão.

Palavras chave: Melhoramento vegetal; *Vigna unguiculata*; Produtividade.

Agradecimentos: FAPEMA/CNPq

ESTUDO DO POTENCIAL PRODUTIVO EM DIFERENTES GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI

Fabio Ribeiro Barros¹, Daniel Augusto Paz Almeida², Alane Brito Rodrigues³,
Bárbara Almeida Gomes⁴

¹Universidade Estadual do Maranhão – UEMA, Professor adjunto I, Melhoramento genético de Plantas. UEMA/Balsas/MA/Brasil. E-mail fabio Barros1@professor.uema.

²Discente de Agronomia –UEMA/Balsas – MA/Brasil; ³Discente de Agronomia – UEMA/Balsas – MA/Brasil; ⁴Discente de Agronomia –UEMA/Balsas – MA/Brasil.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) é uma das fontes alimentares mais importantes e estratégicas para as regiões tropicais e subtropicais do mundo. No Brasil, é cultivado normalmente por pequenos agricultores como cultura de subsistência, mas atualmente existe um crescente interesse de cultivo por parte dos grandes produtores. O feijão-caupi é cultivado principalmente para a produção de grãos, secos ou verdes, para o consumo humano, in natura, na forma de conserva ou desidratado. Além disso, o caupi também é utilizado como forragem verde, feno, ensilagem, farinha para alimentação animal e, ainda, como adubação verde e proteção do solo. A cultura apresenta baixas produtividades no país em função da escolha de cultivares com baixa plasticidade fenotípica a região de implantação da lavoura. O feijão-caupi é rico em carboidratos, proteínas, além de apresentar quantidades expressivas de ferro, zinco e outros minerais no grão. A caracterização agrônômica dos genótipos foi realizada em campo, utilizou-se delineamento de blocos casualizados com quatro repetições de tratamentos, as parcelas foram constituídas por três fileiras com 10 plantas de cada tratamento. No experimento foram coletadas em plantas individuais as seguintes variáveis: altura de planta (AP), número de vagens por pedúnculo (NVP), comprimento de 10 vagens (C10V), peso (g) de 10 vagens (P10V), número de grãos em 10 vagens (NG10V), peso(g) de 100 grãos (P100G) e produção total por parcela (PROD). Os resultados foram submetidos à análise de variância e teste de média (Teste Tukey). Para esta análise, os genótipos G1, G2, G4 e G5 apresentaram destaque para as variáveis produtivas. Assim, estes genótipos podem ser utilizados em programas de melhoramento, visando selecionar linhagens como maior rendimento de grão.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*, características produtivas.

ESTUDO DOS PARÂMETROS GENÉTICOS NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO PIPOCA

Jose Tiago Barroso Chagas^{1*}; Sydney Pereira Galvão¹; Jakson dos Santos Nascimento¹; Rysley Fernandes de Souza¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Junior³

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE. *tiagomcap@gmail.com

²Doutorando em genética e melhoramento de plantas, UENF/Brasil valter_jario@hotmail.com

³Professor adjunto do curso de Agronomia da Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE, silverio.freitas@ufca.edu.br

No melhoramento de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) a utilização de seleção recorrente em famílias de irmãos completos é um dos melhores métodos, para propiciar uma maior porcentagem de ganho para a população melhorada, devido ao seu maior controle parental. Portanto, é de grande importância a estimação dos parâmetros genéticos, pelo fato deste permitir identificar e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para se adotar no avanço dos ciclos de seleção. Neste sentido, o objetivo do presente trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para as características de interesse do primeiro ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos completos de milho-pipoca. O ensaio de competição com 210 famílias de irmãos completos ocorreu em dois ambientes, um na fazenda Patos no município de Granjeiro - Ceará e outro no Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri – UFCA, localizado no município do Crato -CE. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados dentro de “sets”, utilizando sete “sets” com duas repetições, sendo que cada “set” continha 30 tratamentos. Os dados foram submetidos à análise de variância, com o auxílio do programa SAS. De posse dos componentes de variância, estimaram-se os seguintes parâmetros genéticos: índice de variação (I_v), herdabilidade (h^2) e coeficiente de variação (CV_g) para as seguintes características, capacidade de expansão (CE), rendimento de grãos (RG), número médio de espigas por parcelas (NE), dias para o florescimento feminino (FF). Verificou-se os valores de I_v para as características avaliadas sendo 1,23 para FF; 1,94 para NE; 2,86 para RG; e 2,65 para CE. Já para o CV_g destacam-se as características RG, CE, com 87; 68,9%; respectivamente. Segundo a análise do parâmetro h^2 todas as características apresentaram alta herdabilidade com destaque para CE (0,96); NE (0,93) e RG (0,70); dentre estas CE e RG são as características comerciais do milho pipoca. Estes resultados propõem que os genótipos avaliados são promissores para ganhos futuros. Pela análise do I_v , bem como os valores de CV_g e h^2 indicam boas chances de sucesso em programas de melhoramento que utilizem esta população.

Palavras-chave: *Zea mays*; seleção recorrente; Melhoramento de plantas.

Agradecimentos: CNPq, FUNCAP, NEFIMP e UFCA.

EXPRESSÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E CORRELAÇÃO COM A PRODUTIVIDADE DA SOJA NA REGIÃO DE SETE LAGOAS – MG

Amilton Ferreira da Silva¹; Gilberto Pereira Lopes¹; Fernanda Kelly Costa Oliveira¹; Nádia Nardely Lacerda Durães Parrela¹.

¹Universidade Federal de São João del Rei - Campus de Sete Lagoas
*fernandaoliveira552@yahoo.com.br

A produtividade de grãos é uma característica complexa, pois depende de vários outros fatores que agem indiretamente e interagem entre si. Nesse sentido, é necessário o conhecimento da correlação entre essas características que compõem a produtividade final dos genótipos de soja, possibilitando a identificação dos componentes que podem ter maior influência numa planta mais produtiva. Nesse sentido, O objetivo do trabalho foi verificar a expressão e a correlação de características morfológicas de oito cultivares de soja e sua correlação com a produtividade. O estudo foi realizado em uma área experimental da Universidade Federal de São João Del Rei – campus Sete Lagoas, MG. Para instalação do experimento foram utilizadas as seguintes cultivares: TMG 7262 RR, ANTA 82 RR, TMG 2158 IPRO, TMG 7062 IPRO, M 6210 I PRO, M 8210 IPRO, RK 6813 RR, RK 5813 RR, provenientes de diferentes instituições e com variabilidade de características, tais como: tipo de crescimento, hábito de crescimento, grupo de maturidade relativa, entre outras. O delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por seis fileiras de plantas, com 3,0 m e espaçadas de 0,50 m entre si (área de 7,5m²). As variáveis analisadas foram altura de planta no florescimento (APF), altura de planta na maturação (APM), números de nós na haste principal no florescimento (NNF), números de nós na haste principal na maturação (NNM), e altura de inserção da primeira vagem (A1V), número de vagens por planta (NVP) e produtividade da soja (Kg ha⁻¹). Todas as características apresentaram diferença significativa entre as cultivares. Em relação a correlação, o NVP foi o que apresentou maior correlação com a produtividade (0,85), seguido pelo NNM (0,79) e APM (0,78). A cultivar (M 8210 IPRO) que apresentou maior NNM e APM foi a que apresentou maior NVP e conseqüentemente maior produtividade. Esse critério pode estar relacionado com maiores produtividades, pois com o aumento no porte da planta, há um, acréscimo no número de nós e de ramos, e consecutivamente possibilita um incremento no número de vagens por planta, que tem relação direta com a produtividade. Em contrapartida pode induzir ao acamamento de plantas, de acordo com as características da cultivar, interferindo na produção. O número de vagens por planta, número de nós na maturidade e altura na maturidade são as características que têm maior contribuição direta no aumento da produtividade

Palavras-chave: desempenho de cultivares; *Glycine max* (L.); componentes de produção.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo apoio financeiro.

FEIJÃO VERMELHO DE PORTE ERETO PARA A ZONA DA MATA MINEIRA

Isabela Rodrigues Miranda^{1*}; Micheli Thaise Della Flora Possobom²; Naine Martins do Vale³; Gabriela dos Santos Pereira⁴; Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁵; José Eustáquio de Souza Carneiro⁵

¹Mestranda em Fitotecnia – UFV/Viçosa-MG/Brasil. ²Doutoranda em Fitotecnia – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ³Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ⁴Estudante de Graduação do Curso de Agronomia – UFV/Viçosa-MG/Brasil; ⁵Professor da UFV/Viçosa-MG/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: mirandarisabela@gmail.com.

Os feijões de maior consumo no Brasil são os de grãos tipo carioca e preto. Em Minas Gerais predomina a produção e o consumo de feijão “carioca”. Contudo um tipo especial de feijão, vermelho brilhante, com cultivo predominante na Zona da Mata de Minas Gerais, vem expandindo sua área de produção no estado de Minas. Nas décadas de 1980 e 1990 eram semeados basicamente cultivares de feijão vermelho crioulos, com baixo potencial de produção. Nos anos 2000, mais especificamente em 2006, foi recomendada pelo convênio UFV/UFLA/Embrapa/EPAMIG a cultivar “Ouro Vermelho”, de alto potencial de produção, comparada às variedades tradicionais. Com isso, ocorreu uma grande expansão na produção desse tipo de feijão, englobando também outras regiões produtoras do estado de Minas, vizinhas à Zona da Mata. Mesmo tratando-se de uma região que predomina pequenos agricultores, o grande entrave na produção de feijão hoje, é a colheita. Nesse sentido, atualmente, a maior demanda dos produtores é por cultivares de arquitetura ereta, com possibilidade de colheita mecânica. Assim, a Universidade Federal de Viçosa vem trabalhando no desenvolvimento de cultivares com essa característica. Portanto, o objetivo com esse trabalho é mostrar o desempenho de uma linhagem de feijão vermelho com potencial para colheita mecânica. Esta linhagem é oriunda de seleção de linhas puras no acesso SER198, introduzido do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) em 2014. Algumas linhagens oriundas dessa seleção foram avaliadas em 12 ambientes do estado de Minas, compreendendo os municípios de Viçosa, Coimbra, Florestal e Oratórios, no período de 2014 a 2017, juntamente com a testemunha Ouro Vermelho. A linhagem de maior potencial, denominada VR20, se equiparou a cultivar Ouro Vermelho quanto à produtividade de grãos e destacou-se de forma pronunciada quanto ao porte da planta, uniformidade de maturação das vagens e resistência a mancha-angular. Além dessas qualidades, o acesso original que deu origem a essa linhagem é oriundo do programa de melhoramento do CIAT para tolerância a seca, característica também importante para a Zona da Mata de Minas, pelo fato da região cultivar feijão basicamente na safra da seca (semeadura a partir de 15 de fevereiro), época de cultivo com grande possibilidade de ocorrência de déficit hídrico.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; melhoramento de feijão; variedades

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG, CAPES.

FENOTIPAGEM DE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI PARA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO

Francisco Mauro de Sousa¹; Kaesel Jackson Damasceno-Silva^{1*}; Ângela de Fátima Barbosa Abreu²; Magno Antonio Patto Ramalho³; Maurisrael de Moura Rocha¹; José Ângelo Nogueira de Menezes Júnior¹

¹Embrapa Meio-Norte, Av. Duque de Caxias, 5650, CEP 64.008-780, Teresina, PI.

²Embrapa Arroz e Feijão, Rodovia GO-462, km 12, CEP: 75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO. ³Universidade Federal de Lavras, Av. Doutor Sylvio Menicucci, 1001, CEP: 37200-000 Lavras, MG. *E-mail do autor para correspondência:

kaesel.damasceno@embrapa.br.

A cultura do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), tem sua origem e expansão associados a ambientes semiáridos, o que lhe permitiu desenvolver vários mecanismos de adaptação à seca, tornando-se assim um componente essencial dos sistemas de cultivo em várias regiões secas do mundo. O Brasil é o terceiro maior produtor mundial, com produção estimada na safra 2016/2017 de 715,8 mil toneladas de grãos em 1,36 milhões de hectares plantados, conferindo uma média de 525 kg.ha⁻¹, bem abaixo do potencial da cultura. O Nordeste é a principal região produtora, seguido pela região Centro-Oeste, onde é cultivado como cultura de safrinha em ambiente de cerrado, com produtividade média de 1.220 kg.ha⁻¹. Objetivou-se avaliar 64 acessos de feijão-caupi, oriundos do BAG da Embrapa Meio-Norte, coletados na região Nordeste do Brasil, visando à seleção de acessos tolerantes ao estresse hídrico e responsivos quando em condições hídricas ideais. Foram conduzidos em 2016 três ensaios, concomitantes, com duas repetições: i) ensaio sem déficit hídrico (ESDH); ii) ensaio sob déficit hídrico imposto na pré-floração (ECDHPF) e iii) ensaio com déficit hídrico de 50% da necessidade diária de água da cultura (ECDH50), durante todo o ciclo, com respectivo acúmulo de lâmina de água de 270, 191 e 183,04 mm. Os acessos MLB-73, MLB-128, MLB-110, MLB-57, São Benedito-5 e AM14-1 produziram acima de 400 kg.ha⁻¹ em todos os ensaios, o mesmo acontecendo nos ensaios “ESDH” e “ECDHPF” com os acessos MLB-59, Tauá 6, Arcoverde 5, Casa amarela 1, Casa amarela 2, Casa amarela 3, Casa amarela 4, Casa amarela 6, Cavaleiro 17, Juazeiro 2, Juazeiro 3, AM42-1, AM31-1, AM69-1, AM8-1, AM27-1, com destaque para o acesso MLB-73 e MLB-59, que produziram acima de 1000 kg.ha⁻¹ nos ensaios “ESDH” e “ECDHPF”. A média dos ensaios “ECDHPF” e “ECDH50” foram, respectivamente, 42,72% e 15,86% inferiores à média do ensaio “ESDH”. Os acessos AM21-1 (2152 kg.ha⁻¹), MLB-73 (1416 kg.ha⁻¹), MLB-73 (550 kg.ha⁻¹) apresentaram as maiores produtividades, respectivamente nos ensaios “ESDH”, “ECDHPF” e “ECDH50”. Os acessos supracitados se apresentam como candidatos a genitores em programas de melhoramento de feijão-caupi, visando o desenvolvimento de cultivares adaptadas à seca e altamente responsivas em condições hídricas ideais.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; seleção; seca.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, UFLA.

FENOTIPAGEM DE LINHAGENS DE FEIJÃO A NEMATOIDES

Felipe T. Amorim¹; Santino A. Silva¹; Andressa C. Z. Machado^{1*}; Nelson S. Fonseca Júnior¹, Vania M. Cirino¹

¹Instituto Agrônomo do Paraná, IAPAR, Londrina, PR.
*andressa_machado@iapar.br.

Os fitonematoides são um dos mais importantes patógenos que afetam o desenvolvimento do feijão no Brasil. O manejo dá-se quase que exclusivamente pelo uso de variedades resistentes, uma vez que existem poucas opções de nematicidas registrados para a cultura, com eficiência nem sempre comprovada e tóxicos ao meio ambiente. Frente à dificuldade de controle, o uso de variedades resistentes é uma alternativa mais útil, econômica e efetiva no manejo. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a reação de linhagens de feijão desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético da cultura do IAPAR frente a espécies de *Meloidogyne* e *Pratylenchus brachyurus*, sob condições de casa de vegetação, a fim de selecionar genótipos que possam diminuir a população dos nematoides presente no solo e, conseqüentemente, gerem aumento de produtividade. As espécies de nematoides testadas foram: *M. incognita*, *M. javanica*, *M. enterolobii*, *M. paranaensis* e *P. brachyurus*. A inoculação das plantas deu-se aproximadamente aos 10 dias após a semeadura, através de pipetagem de suspensão contendo 2000 ovos (*Meloidogyne* spp.) ou 1000 exemplares (*P. brachyurus*) (população inicial = Pi). As avaliações foram realizadas 60 dias após a inoculação, pela extração de ovos e/ou nematoides presentes nas raízes (população final = Pf), para cálculo do fator de reprodução (FR) dos nematoides, obtido pela fórmula $FR = Pf/Pi$. Além disso, foi obtida a massa fresca do sistema radicular para cálculo do número de nematoides por grama de raízes (Nema/g). Quando FR apresentou valores menores que 1,0, as linhagens foram consideradas resistentes e, maiores que 1,0, suscetíveis. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 10 repetições para cada genótipo avaliado, sendo cada unidade experimental representada por um vaso contendo uma planta de feijão. Os dados obtidos de FR e Nema/g foram submetidos ao teste de Shapiro Wilk, a 5% de significância, para a verificação das normalidades dos resíduos. Os dados foram submetidos à análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de LSD a 5% de significância, utilizando-se o programa R. Também foi realizada análise de correlação simples entre as variáveis FR e Nema/g. De acordo com os resultados obtidos, existem linhagens de feijão em desenvolvimento no programa de melhoramento do IAPAR com resistência aos nematoides testados, apesar da grande variabilidade fenotípica observada. Os resultados ora gerados podem auxiliar na tomada de decisão quanto ao lançamento de cultivares de feijão resistentes aos nematoides, de modo a serem recomendadas para cultivo em áreas infestadas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, *Meloidogyne* spp., *Pratylenchus brachyurus*.

Floretes e anteras: possíveis marcadores morfológicos na determinação do estágio uninucleado do micrósporo para a produção de duplo-haploides em *Zea mays* L.

Willian dos Santos Gomes¹; Rafael Walter²; Virginia Silva Carvalho³; Roberta Sales⁴

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense. ² Universidade Estadual do Norte Fluminense. ³ Universidade Estadual do Norte Fluminense. ⁴ Universidade Estadual do Norte Fluminense *gwill.bio@gmail.com.

A cultura de anteras em milho e posterior obtenção de duplo-haploides é um método de grande interesse para os pesquisadores ligados ao melhoramento de plantas, devido a possibilidade de obter linhagens 100% homozigotas em apenas uma geração, encurtando o tempo e os custos de produção. No entanto, diversos fatores podem influenciar o êxito da cultura de anteras. Um deles é o momento ideal para a coleta do florete que contenha a maior concentração de anteras com micrósporos uninucleados, que são os mais responsivos *in vitro* para a formação de embriões. Ao longo de um pendão, existem floretes com anteras em diferentes estádios de desenvolvimento, tornando-se importante o estudo dessas regiões para a coleta correta de material. Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi, a partir de diferenças biométricas, delimitar a região mais promissora para ser efetuada a coleta dos floretes que esteja correlacionado ao estágio uninucleado de desenvolvimento do micrósporo. O método adotado consistiu no plantio do milho e coleta do seu pendão, bem como dos floretes em três regiões do pendão e em diferentes tempos em três genótipos. O experimento seguiu o delineamento em blocos casualizados em um esquema fatorial triplo 5x3x3, sendo cinco tempos de coleta dos pendões (54, 55, 56, 57 e 58 dias após semeadura), três diferentes genótipos (CIMMYT11, PIRANÃO11 e UENF 506-11) e três diferentes regiões do pendão (apical, mediana e basal), com quatro repetições, sendo cada representada por uma planta em um vaso de 5L. Após a coleta, foram medidos dos floretes e das anteras o perímetro, área, diâmetro máximo e diâmetro mínimo, utilizando scanner e o software SAS[®]. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade e os dados quantitativos submetidos a análise de regressão e analisadas com o auxílio do programa Sisvar[®]. Para todos os genótipos, regiões e tempos de coleta testados, não houve diferença significativa de dimensões entre a região mediana e apical do pendão. No entanto, houve diferença entre essas regiões em relação a região basal. Esses dados colaboraram para a simplificação de apenas duas possíveis regiões de coleta para a cultura de anteras: a porção mediana até o ápice e a base. Este estudo, junto com uma posterior análise citogenética para identificação do estágio de desenvolvimento dos micrósporos, propiciará a determinação do momento mais adequado de coleta para garantir maior êxito na obtenção das linhagens duplo-haploides.

Palavras-chave: cultura de anteras, melhoramento genético, milho.

GANHOS GENÉTICOS EM CARACTERES AGRONÔMICOS E TECNOLÓGICOS DE GENÓTIPOS ELITE DE ALGODOEIRO

Larissa Pereira Ribeiro^{1*}; Luiz Paulo de Carvalho²; Francisco José Correia Farias²; Filipe Cavalcante Farias³; Paulo Eduardo Teodoro¹ e Leonardo Lopes Bhering¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil. ²Centro Nacional de Pesquisa de Algodão (CNPQ), Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, Brasil. ³Universidade Federal de Goiás. *E-mail do autor para correspondência: larissa.uems@gmail.com.

O algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. latifolium Hutch.) produz uma das mais importantes fibras têxteis do mundo, sendo uma das principais culturas de importância econômica no Brasil. Para se tornar competitivo no mercado global de algodão, os programas de melhoramento brasileiros buscam a seleção de genótipos com fibras de maior comprimento, maior resistência durante a fiação e enfardamento, decréscimo do conteúdo de fibras curtas e maior uniformidade de comprimento. O objetivo deste trabalho foi estimar os ganhos preditos com a seleção simultânea de caracteres agronômicos e tecnológicos utilizando índices de seleção. Foram utilizados dados da avaliação de 36 linhagens elite derivadas do cruzamento entre Guazuncho2 com Acala SJ4 de fibra longa. As linhagens foram avaliadas em três ensaios localizados em Apodi-RN em 2013 e 2014 e Santa Helena-GO em 2013, em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados os caracteres agronômicos: altura de plantas (AP), peso médio do capulho (PMC), porcentagem de fibras (PF) e produtividade de algodão em caroço (PROD). Os caracteres tecnológicos de fibra avaliados foram: comprimento de fibras (CF), uniformidade de fibras (UF), índice de fibras curtas (IFC), resistência das fibras (RF), alongamento (AL), micronaire (MIC), reflectância (RD) e grau de amarelecimento (+b). Foram testados os índices de seleção de Smith e Hazel, Pesek e Baker e Mulamba e Mock para seleção dos sete genótipos superiores, atribuindo os coeficientes de variação genético (CVg) como peso econômico. Não houve interação genótipos x ambientes para nenhum dos caracteres avaliados. O índice de Smith e Hazel resultou em ganhos negativos para comprimento de fibras e positivos para os caracteres cuja redução é de interesse, como altura de plantas, micronaire e grau de amarelecimento e, portanto, seu emprego foi ineficiente na obtenção de ganhos simultâneos. O índice de Pesek e Baker proporcionou ganhos preditos positivos para todos os caracteres de interesse, no entanto, houve redução apenas para o grau de amarelecimento. O índice de Mulamba e Mock apresentou ganhos satisfatórios, sendo o mais adequado para a seleção de genótipos visando ganhos simultâneos em componentes da produção e da qualidade da fibra.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*. Índice de seleção. Seleção simultânea.

Agradecimentos: à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais) e à Embrapa Algodão pela concessão de recursos financeiros.

GANHOS GENÉTICOS POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM MILHO VERDE VISANDO EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO

Juliana Bezerra Martins¹; Felipe Ribeiro Ilaria¹; Carla Mariane Machado dos Santos¹; Ayure Gomes da Silva¹; Matheus Alves Maciel¹; Neftali Fonseca Silva¹; Fabrício Rodrigues^{1*}

¹Universidade Estadual de Goiás (UEG), Rodovia GO-330, Km 241, Anel Viário, Ipameri, GO, CEP: 75780-000. *E-mail: fabricio.rodrigues@ueg.br

O objetivo do trabalho foi predizer ganhos genéticos, utilizando dois índices de seleção, para as principais características de interesse do melhoramento de milho verde visando à eficiência no uso de N. A população consistiu de 64 famílias de meios-irmãos, obtidas do ciclo C2 da população MV-03, provenientes do cruzamento dos híbridos CN19 e CN26, posteriormente, cruzado com AG1051. Realizou-se a avaliação na safra 2016/17. E, para a identificação das famílias superiores no uso de N, foi aplicado somente 60 kg de N ha⁻¹, sendo parcelados em doses equitativas. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, cada família foi representada por uma linha de 4 metros, com espaçamento de 0,5m entre fileiras e três plantas por metro. Foram avaliadas as características de índice relativo de clorofila (IRC), altura de planta (ALT), altura de espiga (ALTE), diâmetro de espiga (DIAM), comprimento de espiga (COMP), produtividade de espigas empalhadas (PEE), produtividade de espigas despalhadas (PED), produtividade de espigas comerciais (PEC). Os índices de seleção empregados para predizer os ganhos foram o sugerido por Mulamba e Mock e Pesek e Baker, atribuindo pesos conforme a média e a exigência do mercado consumidor. Para a realização das análises utilizou-se o programa computacional GENES. Deve se ressaltar que como as avaliações das famílias para os primeiros ciclos (C₀ e C₁) foram em doses adequadas de N, houve acamamento elevado com a redução da dose. Dessa forma, somente 33 famílias foram avaliadas, mantendo a intensidade de seleção de 20%, com base no número de famílias iniciais para a manutenção da variabilidade genética para o próximo ciclo. Existem diferenças significativas para todas as variáveis estudadas, o que indica a presença de variabilidade genética. As herdabilidades foram de 52,73 a 80,12, para PEC e ALTE, respectivamente. O índice de Mulamba e Mock foi o que apresentou maior ganho, mesmo sem a utilização de pesos. No índice de Pesek e Baker foram utilizados critérios mais específicos para a indicação dos ganhos desejados e, mesmo assim, apresenta ganhos inferiores para a maioria das variáveis, com exceção de IRC e ALT. A variável IRC foi considerada na análise como principal e assim apresenta um ganho 25% maior. Entretanto, os ganhos preditos para as produtividades foram 308 (PEE), 235 (PED) e 111 kg (PEC) inferiores. Conclui-se que a análise de soma de ranks de Mulamba e Mock, os ganhos preditos são maiores e ainda possibilita uma maior confiança na seleção.

Palavras-chave: *Zea mays*; herdabilidade; peso econômico.

GENETIC CONTROL AND COMBINING ABILITY IN TROPICAL MAIZE OF ITS SYMBIOSIS WITH *Azospirillum brasiliense*

Miriam Suzane Vidotti^{1*}; Danilo Hottis Lyra ¹; Júlia Silva Morosini¹; Leandro de Freitas Mendonça¹; Giovanni Galli¹; Roberto Fritsche-Neto¹

¹Luiz de Queiroz College of Agriculture, Department of Genetics, University of São Paulo-Brazil. *miriamvidotti@usp.br

The inoculation of Plant Growth-Promoting Rhizobacteria (PGPR) with mechanisms of biological nitrogen (N) fixation and production of phytohormones is one of the main strategies to supplement the inorganic inputs of N and to increase the root development in maize. However, the inoculation effects are not always achieved, due to genotypic variation in plant host that result in an incompatibility between plant genotype and bacterial strain. In this way, the aim was to investigate the genetic inheritance of the association between tropical maize and the PGPR *Azospirillum brasiliense*. We evaluated 119 single-crosses of maize obtained from nineteen maize inbred lines contrasting for N use efficiency, in a diallel mating design, Griffing's method IV. The experiment was carried out under greenhouse conditions and the plants were grown in pots containing sandy soil and without an input of N fertilizer (low N condition). The experimental design used was the randomized complete block with two treatments and six replications. The treatments consisted of inoculated seeds with *Azospirillum brasiliense* and non-inoculated seeds (control). In the V7 stage of development were evaluated root and shoot dry weight and a serial of root morphological traits was determined using scanner-based image analysis. The diallel analysis was performed using mixed model equations (REML/BLUP). Genetic variability was observed for all traits measured, but the inoculation effect was statistically significant ($p < 0.01$) only to root dry weight, root diameter, and root volume, evidencing the small capacity of the association between bacterial strain and maize hybrids evaluated. General combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) were significant ($p < 0.01$) indicating that additive and non-additive effects are involved in its genetic control. Furthermore, the average dominance degree for the traits described above were 1.02, 0.36, and 0.81, respectively, indicating dominance or incomplete dominance as the primary intralocus interaction. However, the CGC variance had a higher magnitude than SCA variance, suggesting a predominance of the additive genetic effects. The broad-sense heritability estimates ranged from 0.24 to 0.38 and this low-magnitude is consistent with the high number of genes involved in the production of root exudates and defense system that modulate the plant bacterial colonization. Our results suggest that the traits have quantitative inheritance and the selection to improve maize-*Azospirillum* association may be based on the *per se* inbred lines performance.

Keywords: diallel; low nitrogen stress; endophyte

GENETIC DIVERSITY IN BRAZILIAN'S CORN LANDRACES TO PHOSPHORUS USE AND EFFICIENCY

Luiz Júnior Perini^{1*}; Leandro Teodoski Spolaor²; Douglas Mariani Zeffa²;
Nicholas Vieira de Souza¹, Gustavo Henrique Freiria¹, Mayara Barbosa Silva²,
Leandro Simões Azeredo Gonçalves¹

¹Agronomy Department, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, PR, Brazil. ²Agronomy Department, Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, PR. *Corresponding author email: luiz.j.perini@outlook.com

The corn landraces is being considered as important source of tolerance to abiotic stresses. Among the different abiotic stresses the deficiency to phosphorus (P) is considered one of main limiting factors in tropical and subtropical soils. Therefore, this study aim to: i) evaluate and compare the efficiency of acquisition and utilization of P to the Brazilian's corn landraces and improved varieties, ii) rank the varieties based on its performance (Grain yield) at low (efficient versus inefficient) and high (responsive versus non-responsive) availability of P, iii) investigate the relationship among the variables related with PUE and agronomic traits, and iv) evaluate the genetic diversity among the varieties. It were evaluated 13 landraces varieties (Branco Antigo, Caiano, Aztecão, Maia, Palha Roxa, Amarelão, Carioca, Branco Gelinski, Cunha, 14 variedades, Planalto, Caiano 2 e Amarelão 2) and five improved varieties (AL 30, ST0509, ST2109, ST1309 e ST0504), at two contrasting experiments of P (with 112 kg ha⁻¹ of P and without P supply at sowing) and at two environment (Londrina and Maringá), Paraná, Brazil. The experiments were carried out in 2014/2015. The experimental design was random blocks in factorial scheme, with 3 repetitions. It were evaluated the following agronomic traits: i) plant height, ii) first ear insertion height, iii) number of ears by plant, and iv) grain yield (kg ha⁻¹). Through the results, it was observed a wide genetic variability among varieties to the agronomic traits and of P efficiency. The P acquisition efficiency (PAE) was highly correlated with P use efficiency (PUE) and grain yield (GY). On the other hand, to P utilization internal efficiency (PUTE) it wasn't found out correlation with PUE and GY. In the experiment without P at sowing the improved variety ST0509 showed high values to PUE and GY while to the landraces the better values were to Amarelão, Caiano and Caiano 2, being those varieties promising to use in breeding program to PUE. In conclusion this study demonstrated an important genotypic variability to GY and PUE to the Brazilian's corn landraces and improved varieties evaluated in conditions of low P.

Key-words: *Zea mays* L.; Plant Breeding; Abiotic Stress

Acknowledgments: To the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) by the financial resources.

GENOMIC PREDICTION OF MAIZE HYBRIDS OBTAINED WITHIN AND BETWEEN ADMIXTURE GROUPS

Danilo Hottis Lyra^{1*}; Ítalo Stefanine Correia Granato¹; Giovanni Galli¹; Filipe Couto Alves¹; Jianming Yu²; Roberto Fritsche-Neto¹

¹University of São Paulo, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Department of Genetics, Piracicaba, São Paulo, Brazil. *E-mail: dnalyra@gmail.com

²Department of Agronomy, Iowa State University, Ames, IA, 50011, U.S.A.

Genomic prediction (GP) of single-crosses is a promising tool in maize breeding, mainly when inbred lines from divergent heterotic groups are used to produce hybrids. Thus, we aimed to evaluate GP accuracy within- and between genetic groups of parent lines. It was used 452 maize single-crosses from a partial diallel mating design between 128 tropical inbred lines. The experimental trial was carried out in Patos de Minas/MG during the first growing season of 2014/15 and dataset was provided by Helix Sementes[®]. The traits evaluated were grain yield (GY, ton ha⁻¹) and plant height (PH, cm). The marker matrix was composed by 52K SNPs. We used two approaches to detect population structure in the inbred lines and hybrids datasets, that were principal component analysis (PCA) and Chromo Painter/fine STRUCTURE. Variance components estimation was performed by REML, and the GEBV for genotypes was obtained by GBLUP model. Prediction accuracy (r_{MP}) was evaluated using 4-fold cross-validation. We used the inbred dataset (parents) to form hybrids between lines that belong to the same group (within-group hybrids) and hybrids between lines that belong to different groups (between-group hybrids). The fineSTRUCTURE and PCA results of the inbred lines clustered three groups. It was used within- (L1L1) and between-group (L1L2, L1L3) hybrids to assess r_{MP} for GY and PH. Since L2L2, L2L3, and L3L3 groups were small, no prediction was done. We found r_{MP} of 0.66 to GY and 0.72 to PH using all hybrids in GBLUP model. In the stratified groups, it was observed high r_{MP} (0.62; 0.73) for L1L1 and low r_{MP} for L1L2 (0.34; 0.52) and L1L3 (0.27; 0.24) for GY and PH, respectively. We observed high values of adjusted mean in L1L3 (between-group hybrid) for GY (9.00) and PH (249). However, r_{MP} was low for both traits. In this case, adjusted mean values could be related to high heterosis, and the r_{MP} to low genomic relationship. One reason could be the fact that between-group hybrids from genetically distant parents have a lower degree of relationship. In general, predicting by traditional GBLUP in the whole-population is the best approach.

Keywords: population structure; stratified groups; genomic selection.

Funding: CNPq, CAPES, FAPESP (Process: 2013/24135-2; 2014/26326-2; 2015/14376-8).

GENOMIC STUDY OF SOYBEAN GERMLASM FOCUSING ON OIL CONTENT

Pedro A. M. Barbosa^{1*}; Natal A. Vello¹; Renan S. e Souza¹; Elesandro Bornhofen¹; Claudinei A. Didoné¹

¹University of São Paulo, College of Agriculture “Luiz de Queiroz”, Department of Genetics

*pedro.barbosa@usp.br

Seed oil content is one of the most important traits for soybean cultivars and many breeding programs are focused on it. The first stage of a breeding program is the parental selection, and afterwards, phenotype and genotype information must be used to indicate the best crosses. Therefore, having information about the available germplasm is crucial to achieve good results. In the last decade, many advances have occurred in genomics tools and now we have access to large datasets of soybean genomic information. The Soybean Germplasm of the USDA includes about 19,000 accessions, that were genotyped with the SoySNP50K BeadChip containing about 50K single-nucleotide polymorphisms (SNP). These data are available at SoyBase and USDA Germplasm Resources Information Network (GRIN). Moreover, numerous QTLs for different traits were identified in the literature, and regarding oil content, more than 300 QTLs were discovered, and some specific SNPs were related to be in linkage disequilibrium with oil content QTLs. The aim of this research was to use public data to obtain information about the soybean germplasm as well as some useful information for parental selection. We analyzed 252 accessions of soybean with genomic and oil content data available at the GRIN database. Of those, 200 were selected regarding the oil content to create 2 contrasting groups (100 of high and 100 of low oil content). The other 52 accessions were chosen in the GRIN database because they are also introduced in Brazil as parents in soybean breeding programs. Literature was consulted to select a set of 24 SNPs distributed in 13 different genomic regions associated with oil content. The allelic profile of these markers in those accessions was analyzed using the software TASSEL5 and the SNPRelate package in R, where principal components analysis and cluster analysis were performed. The results showed that the genomic profile of the studied genotypes, based on the 24 SNPs, could distinguish the groups of high and low oil content genotypes. In conclusion, the 52 genotypes studied have, in the majority, more similarities to the high oil group. In special the accessions PI371611, PI 548970, PI 533604 and PI 548665, classified in the high oil content group, have been used as parents of crosses in Brazilian breeding programs. We believe that genomic information of a specific trait combined with parentage coefficient studies can help parental selection for future programs, and this approach may be useful for many other traits, as protein content, oil quality, disease resistance and seed yield.

Keywords: Parental selection; SNPs

Acknowledgments: CAPES for financial support.

GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO TOLERANTES À SECA AVALIADOS EM FUNÇÃO DE DOSES DE POTÁSSIO

Jose Antonio de Fátima Esteves¹; João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹; Daiana Alves da Silva¹; Cínthia Damasceno Reinaldo²; Alisson Fernando Chiorato¹; Sérgio Augusto Moraes Carbonell¹

¹Instituto Agronômico, IAC/Campinas-SP; ²Unicamp/Campinas-SP, E-mail: *jafesteves@iac.sp.gov.br

O feijoeiro é cultivado em diversas condições edafoclimáticas e sistemas de produção. Durante seu desenvolvimento, a planta pode ser afetada negativamente por diversos fatores, dentro os quais, os estresses causados por períodos de seca e condições de fertilidade do solo. O feijoeiro é uma planta sensível ao déficit hídrico, principalmente em virtude da baixa capacidade de recuperação após esse estresse e do sistema radicular pouco desenvolvido. O Potássio é o segundo nutriente, depois do nitrogênio, mais exigido pela cultura. Além disso, participa de diversos processos fisiológicos, tendo participação ativa no controle estomático das plantas podendo reduzir os problemas com relação ao déficit hídrico. O desenvolvimento de cultivares que possam suplantam esses fatores adversos é muito importante uma vez que o feijão é produzido tecnicamente por uma gama diferenciada de produtores. Esse estudo teve por objetivo avaliar em sistema hidropônico, 21 genótipos de feijoeiro do banco de germoplasma do Instituto Agronômico-IAC, considerados tolerantes a seca, em função de quatro doses de potássio (0,5; 1,0; 2,0 e 4,0 mmol L⁻¹). As avaliações foram realizadas em duas fases de desenvolvimento das plantas: no estágio R₅ (pré-florescimento), sendo realizadas as coletas para determinação de parâmetros morfofisiológicos e, na colheita de grãos, determinando-se os componentes de produção e a produtividade de grãos. O estudo permitiu selecionar genótipos para a realização de experimentos em solo com aplicação do déficit hídrico. A condutância estomática foi maior na dose de 1,0 mmol.L⁻¹, não havendo diferença entre os genótipos. O índice relativo de clorofila foi mais elevado na dose de 2,0 mmol.L⁻¹, sobressaindo-se o IAC Milênio. A maior área foliar foi proporcionada pela maior dose, com destaque para o SER 16. A massa seca de parte área, altura de plantas e número de nós por planta foram maiores nas parcelas que receberam as duas maiores doses de potássio; os genótipos que se destacaram quanto a essas características foram IAC Sintonia e Gen TS 3-2. Os mesmos efeitos foram constatados com relação aos componentes de produção, com as duas parcelas com as maiores doses proporcionando maior número de vagens e número de sementes por planta, assim como, maior produtividade; os genótipos que mais se destacaram quanto à produtividade foram: BRSMG Majestoso, SER 16, Gen TS 4-11; sendo que, o genótipo BRSMG Majestoso, apresentou-se como o mais responsivo na absorção e utilização do potássio.

Palavras-chaves: feijão; déficit hídrico; nutrição potássica.

Agradecimentos: Agradecemos ao CNPq-PIBIC pela bolsa concedida.

GWAS IN MAIZE LINES REVEALED GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH ROOT TRAITS AND NITROGEN USE EFFICIENCY UNDER FIELD CONDITIONS

Júlia Silva Morosini^{1*}; Leandro de Freitas Mendonça¹; Danilo Hottis Lyra¹;
Giovanni Galli¹; Miriam Suzane Vidotti¹; Roberto Fritsche-Neto¹

¹University of São Paulo, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Department of Genetics, Brazil. *E-mail: julia.morosini@usp.br

The expansion of maize crop makes the cereal production to occur under abiotic stress conditions, being the nitrogen (N) deficiency one of the most critical. Thus, development of genotypes more efficient in N use is required. Morphological and physiological traits may assist in the selective process of superior genotypes for this purpose, such as root system measurement and photosynthetic ratio analysis. Furthermore, selection indices related to N stress can be useful to improve the overall genotype performance under low and ideal N conditions. In this context, the objective of this study was to identify tropical maize genomic regions associated with root morphological trait, a physiological parameter of photosystem II, and plant response index to N stress. We used sixty-four tropical maize inbred lines contrasting for N use efficiency evaluated in low and ideal N conditions over seasons 2014 and 2015 in two sites, Piracicaba-SP and Anhembi-SP. Total root length (TRL), chlorophyll fluorescence, and low N tolerance index (LNTI) were the evaluated traits. The lines were genotyped with 616,201 SNPs. The quality of the genomic information was controlled by Minor Allele Frequency (MAF < 0.05) and Call Rate (CR > 0.95) procedures and by the elimination of heterozygous loci, resulting in a final marker matrix composed by 63,162 SNPs. Genotypic values were predicted using REML/BLUP mixed model equations. Genome-Wide Association Studies (GWAS) was performed to analyze molecular and phenotypic data using Circulating Probability Unification method. In total, seven significant markers were identified, four referring to LNTI, two to TRL under ideal N condition, and one to TRL under low N condition. Among the main biological processes identified through functional annotation were the transcription control and regulation, detected to all traits evaluated, and the synthesis of Guanosine Monophosphate Synthetase, enzyme directly involved in the provision and recycling of N. It was also observed coincidence of chromosomal region between significant markers identified and QTLs potentially related to N use efficiency previously reported. GWAS analysis showed significant associations for the evaluated traits regarding nitrogen use efficiency, evidencing cellular processes and functions associated with the different process of nitrogen synthesis and recycling.

Keywords: selection index; abiotic stress; marker-assisted selection

Acknowledgment: CNPq and FAPESP (Process 2013/24135-2).

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO FEI JOEIRO-COMUM AO ISOLADO DE FOP UFV 01 DE *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*

Ana Laura Nicomedes Carneiro^{1*}; Renata Oliveira Batista²; Gabriela Dos Santos Pereira¹; Andreia Caetano¹; Pedro Cresêncio Souza Carneiro¹; Michel Henriques de Souza¹; José Eustáquio Souza Carneiro¹.

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Universidade Federal Rural de Pernambuco. *E-mail do autor para correspondência: ana.nicomedes@ufv.br

No Brasil, a ocorrência de *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* (Fop) é predominante em todas as áreas produtoras de feijão. Entre as opções de manejo de Fop destaca-se uso de cultivares resistentes. Na obtenção de cultivares resistentes a Fop o entendimento do controle genético da resistência é fator preponderante. A partir de coletas, realizadas no município de Coimbra – MG foi obtido um isolado (uma nova raça de Fop), denominado de FOP UFV 01. Entretanto, não há relatos da herança da resistência do feijoeiro-comum a este isolado. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a herança da resistência do feijoeiro-comum à murcha-de-fusarium, isolado FOP UFV 01. Para tal foram escolhidos dois cruzamentos contrastantes (BRSMG Talismã / BRS Estilo e VC 13 / RC I-8), obtidos a partir de um dialelo parcial 3x5. As sementes F1's destes cruzamentos foram multiplicadas para a obtenção das populações segregantes F2's, e estas foram inoculadas com o isolado FOP UFV 01. O isolado FOP UFV 01 foi produzido a partir de repicagens em placa de Petri. Para inoculação foi utilizada o método de imersão de raízes em suspensão de conídios. No estádio V2, as 210 plântulas da população F2 tiveram suas raízes cortadas e lavadas e em seguida imersas na suspensão de macro e microconídios do isolado FOP UFV 01. Após este procedimento, as plântulas foram transplantadas em vasos e mantidas em casa de vegetação. Após 21 DAI (dias após inoculação), foi realizada a avaliação da severidade da murcha-de-fusarium com base na escalada de notas proposta para a doença. Para o estudo de herança, os dados de cada população F2 foram ajustados as proporções Mendelianas clássicas e submetidos ao teste de qui-quadrado a 5% de probabilidade. Plantas que receberam notas inferiores a 3 foram caracterizadas como resistentes. Já as que obtiveram notas igual ou superior a 3, foram consideradas suscetíveis. A nota mais comum entre os resistentes foi 1, indicando imunidade ou ausência de sintomas, enquanto os suscetíveis, a notas variam de 4 a 9. No estudo de herança observou-se que dois genes dominantes complementares (A_B_) determinam a resistência do feijoeiro ao isolado FOP UFV 01 de murcha-de-fusarium. No cruzamento BRSMG Talismã / BRS Estilo foi observado que apenas um dos genes de resistência está segregando, enquanto que no cruzamento VC 13 / RCI-8 os dois estão segregando. Os genitores BRSMG Talismã e VC 13 são resistentes ao isolado FOP UFV 01.

Palavras-chave: melhoramento de plantas; herança da resistência; murcha-de-fusarium.

Agradecimentos: CNPq e FAPEMIG.

HETEROSE EM HÍBRIDOS DE SORGO GRANÍFERO PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS

Celso Henrique Tuma e Silva^{1*}; Cicero Beserra de Menezes²; Karla Jorge da Silva³; Crislene Vieira dos Santos¹; Marcos Paulo Mingote Julio¹; Luciane Gonçalves Torres¹;

¹Universidade Federal de São João del Rei Campos-Sete Lagoas. ²Embrapa Milho e Sorgo. ³Universidade Federal de Viçosa. *celsotuma@yahoo.com.br

O sorgo granífero (*Sorghum bicolor* L. Moench) é uma gramínea importante no sistema de plantio do cerrado como cultura de sucessão, sendo essencial o desenvolvimento de trabalhos de melhoramento para adaptação à safrinha. O objetivo deste trabalho foi estudar a expressão da heterose em híbridos de sorgo granífero relativa a características altura de planta, dias para florescimento e rendimento de grãos. O experimento foi conduzido na safra 2014/15 na estação experimental da Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas – MG. Foram avaliados 15 híbridos e 17 linhagens parentais destes híbridos. Na análise de variância realizou-se a decomposição dos graus de liberdade de tratamentos em graus de liberdade para os efeitos de genitores, de combinações híbridas F1 e contraste (combinações híbridas F1 versus genitores). De acordo com o coeficiente de variação para todas as características, houve precisão experimental, pois as baixas estimativas indicam boa confiabilidade das inferências realizadas a partir dos dados obtidos. Houve diferença significativa, pelo teste F ($p < 0,01$), para a fonte de variação tratamentos, para todos os caracteres avaliados, estes resultados confirmam presença de variabilidade genética entre os genótipos. A presença de diferenças significativas entre os tratamentos em todas as características permitiu o desdobramento dessa fonte de variação. A média de produção de grãos dos híbridos foi de 4,5 ton.ha⁻¹, sendo bem superior à média das linhagens (2,9 ton.ha⁻¹). Pelas estimativas da heterose, apenas a característica florescimento apresentou valor negativo (-3,5%), indicando que a população F1 foi mais precoce que a média de seus genitores, sendo um resultado positivo para o programa de melhoramento. A heterose para a característica altura de plantas (2,7%) mostra que os híbridos superam a altura média dos pais, devendo-se tomar cuidado ao selecionar pais muito alto. A heterose para produção de grãos foi de 55,5%, indicando que o produtor tem vantagem ao plantar híbridos de sorgo granífero em detrimento de plantar variedade.

Palavras-chave: Sorgo granífero; Heterose; Melhoramento;

Agradecimentos: À Fapemig, ao CNPq e a Embrapa Milho e Sorgo.

IAC SINTONIA – CULTIVAR DE FEIJOEIRO DE TEGUMENTO CARIOCA

Alisson Fernando Chiorato^{1*}, Sérgio Augusto Morais Carbonell¹, Cássia Regina Limonta Carvalho², João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹, Daiana Alves da Silva¹, Luciana Lasry Benchimol²

¹Centro de Grãos e Fibras - Instituto Agronômico - IAC. ²Centro de Recursos Genéticos- Instituto Agronômico - IAC. *E-mail do autor para correspondência: afchiorato@iac.sp.gov.br

O feijão comum é uma leguminosa que se destaca em vários continentes por ser considerada uma importante fonte de proteína e o programa de melhoramento genético de feijoeiro realizado pelo Instituto Agronômico – IAC tem desenvolvido novas cultivares de feijoeiro, objetivando maior produtividade e maior tolerância às principais doenças da cultura. O presente trabalho refere-se ao desenvolvimento da nova cultivar de feijoeiro de tegumento carioca registrada junto ao MAPA pelo programa de melhoramento do IAC. No ano de 2009 foram realizados cruzamentos entre as cultivares IAC Alvorada x BRS Pérola. A partir das sementes F₁ foram realizados dois retrocruzamentos utilizando como genitor recorrente a cultivar IAC Alvorada. Com a autofecundação das sementes F₁, provenientes do segundo retrocruzamento, iniciaram-se as inoculações com o patógeno *Fusarium oxysporum*, visando selecionar plântulas resistentes. As inoculações foram realizadas até a geração F₄RC₂. Ao todo foram selecionadas 15 linhagens do cruzamento e no inverno de 2013 foi realizado um experimento no Polo Regional de Desenvolvimento Tecnológico de Colina (Latitude 20° 42') da Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA). Com o experimento, foi selecionada a linhagem F₃RC₂-2. Ainda em 2013, a linhagem integrou os ensaios de VCU (Valor de Cultivo e Uso) realizados para o Estado de São Paulo, sendo avaliada na época das águas/2013 em Capão Bonito e Mococa apresentando produtividade média de 3.602,01 kg. ha⁻¹. Para a época da seca/2014 foi avaliada em Ribeirão Preto e Mococa com produtividade média de 2.550,00 kg. ha⁻¹; na época de inverno/2014, avaliada em Tatuí e Votuporanga com produtividade média de 3.635,42 kg. ha⁻¹; época das águas/2014 foi avaliada nos municípios de Mococa, Capão Bonito e Itararé com produtividade média de 3.505,50 kg. ha⁻¹; época da seca/2015 com semeadura em Mococa, Capão Bonito e Itararé apresentando produtividade média de 1.711,10 kg. ha⁻¹; e, na época de inverno/2015, foi avaliada nos municípios de Votuporanga e Adamantina apresentando produtividade média de 4.247,90 kg. ha⁻¹. De todos os experimentos, a linhagem FAP F₃RC₂-2 apresentou produtividade média de 3.174,00 kg. ha⁻¹ mostrando-se superior estatisticamente às testemunhas padrões IAC Milênio e IPR Tangará com produtividades médias de 2.701,00 kg. ha⁻¹ e 2.780,00 kg. ha⁻¹, respectivamente. Sendo assim, devido à linhagem FAP F₃RC₂-2 ter apresentado bons índices de produtividade no estado de São Paulo foi realizado seu registro e proteção junto ao MAPA sendo denominada de IAC Sintonia.

Palavras-chave: Feijão; Fusarium; Produtividade.

IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA NO GERMOPLASMA DE FEIJOEIRO DA UFLA À RAÇA 63-63 DE *Pseudocercospora griseola*.

Nathália Bottrel Maia Pereira¹; Paula Furtado de Pádua¹; Elaine Aparecida Souza¹

¹Universidade Federal de Lavras, 37200-000, Lavras, MG – Brasil, *easouza@dbi.ufla.br

A mancha angular, causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* é uma das doenças mais importantes da parte aérea do feijoeiro, ocorrendo na maioria das regiões de cultivo. O programa de melhoramento da Universidade Federal de Lavras possui um banco de germoplasma do feijoeiro com mais de 800 linhagens. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi identificar linhagens com resistência à mancha-angular a partir da inoculação da raça 63-63 de *P. griseola*, uma das raças mais frequentes na região. O teste de patogenicidade foi realizado inoculando-se *P. griseola* em plantas de feijoeiro no estádio V2 de 258 linhagens. Discos de micélio da colônia do isolado de *P. griseola* foram repicados para tubos de ensaio contendo meio BDA. Posteriormente, o fungo foi cultivado em meio de folha-dextrose-ágar e permaneceu na incubadora (B.O.D.) na temperatura de 24°C por 5 dias. As linhagens de feijoeiro foram semeadas em bandejas e permaneceram em casa de vegetação. A cultivar Rosinha foi utilizada como testemunha suscetível e a linhagem MAIII-16 como resistente. As plântulas foram inoculadas após a expansão das folhas primárias e após 15 dias e procedeu-se a avaliação da severidade da mancha-angular utilizando-se uma escala diagramática de notas de 1 a 9. As plantas com notas de 1 a 3 foram consideradas resistentes e superiores a 3, suscetíveis. A reação das linhagens avaliadas apresentou diferentes níveis de resistência à raça 63-63. Das linhagens avaliadas, 57 (22%) foram identificadas como resistentes e 201 (78%) como suscetíveis. Dentre essas linhagens, foram identificadas potenciais fontes de resistência que podem ser empregadas diretamente nos programas de melhoramento do feijoeiro.

Palavras-chave: Mancha angular, resistência de plantas, *Phaseolus vulgaris*.

Agradecimentos: CNPQ, CAPES e FAPEMIG

IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI ADAPTADOS ÀS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DE IMPERATRIZ, MA

Lohayne de Melo Rodrigues^{1*}; Deurimar Herênio Gonçalves Júnior¹; Maria Ivanessa Duarte Ribeiro¹; Aurilene Barros da Silva¹; Kamilla Lopes de Melo¹; Anatércia Ferreira Alves¹; Kaesel Jackson Damasceno e Silva²

¹Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão. ²Embrapa Meio-Norte. *E-mail: lohaynnem1@gmail.com

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma cultura importante nas regiões tropicais e subtropicais do mundo, especialmente onde a seca é proeminente, devido aos índices normais baixos e desiguais de precipitação, e que causam assim a principal limitação à produção. Nas regiões Norte e Nordeste do Brasil ele é um dos principais componentes da dieta alimentar da população, especialmente na zona rural. No Brasil existem cultivares com boa aceitação comercial, embora não haja programa de melhoramento objetivando a avaliação e recomendação em ambientes específicos no estado do Maranhão, onde a cultura encontra-se em expansão. Assim, o presente trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho de vinte genótipos de feijão-caupi do tipo ereto, em Imperatriz, Maranhão. O experimento foi realizado na área experimental do Centro de Difusão Tecnológica, nas dependências da Empresa Brasileira de Infraestrutura Aeroportuária, em Imperatriz-Maranhão. Foram avaliados 20 genótipos de feijão-caupi oriundos do Banco Ativo de germoplasma do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da EMBRAPA Meio Norte, localizado em Teresina- Piauí, sendo 15 linhagens e 05 cultivares: 762F-3; 768F-21; 769F-30; 769F-48; 769F-49; 769F-62; 782F-104; 792F-143; 792F-144; 792F-148; 795F-153; 795F-154; 795F-155; 795F-159; 795F-168; BRS-Guariba; BRS-Tumucumaque; BRS-Nova Era; BRS-Itaim; BRS-Cauamé. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições e vinte tratamentos, sendo a parcela experimental constituída de duas linhas de quatro metros. Os caracteres avaliados foram: comprimento de cinco vagens (cm); peso de cinco vagens (g); peso dos grãos de cinco vagens (g) e produtividade em Kg.ha⁻¹. Com os dados médios dos tratamentos das características avaliadas foi realizada a análise de variância individual a partir da utilização do programa estatístico GENES. A análise de variância dos dados experimentais mostrou efeito não significativo ($p>0,05$) pelo teste F para todos os caracteres avaliados, evidenciando que, possivelmente, as linhagens avaliadas já estão com suas características agrônômicas fixadas. A linhagem 795F-154 sobressaiu das demais para comprimento de cinco vagens (20,85cm), peso de cinco vagens (21,59g) e peso de grãos de cinco vagens (18,46g). As linhagens 795F-168, 769F-48 obtiveram os melhores resultados de produtividade com 746,88 kg.ha⁻¹ e 737,50 kg.ha⁻¹, respectivamente. Para a característica comprimento de vagem, as linhagens 768F-21, 769F-48 e 795F-154 com 22,41 cm, 21,18 cm e 20,85 cm, respectivamente, destacaram-se das demais.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; linhagens; produtividade.

IDENTIFICAÇÃO DE HAPLOIDES MATERNAIS PELA MORFOMETRIA DOS ESTÔMATOS FOLIARES EM POPULAÇÕES DE MILHO SUPERDOCE

Alline Sekiya^{1*}; Jéssica Kelly Pestana¹; Maikon Guerith Baptistella da Silva¹;
Matheus Dalsente Krause¹, Josué Maldonado Ferreira¹

¹Universidade Estadual de Londrina. *allinesekiya@gmail.com

Os duplo-haploides em milho têm sido amplamente utilizados para acelerar o processo de obtenção de linhagens, proporcionando evidente progresso no melhoramento genético. Neste processo, os genótipos indutores de haploidia comumente possuem o alelo *R1-navajo* para a pré-seleção de sementes haploides putativos, que apresentam coloração arroxeadada no endosperma e ausência da cor no embrião dos grãos obtidos nos cruzamentos *in vivo*. Diversos fatores ambientais e genéticos podem influenciar na expressão deste marcador fenotípico e, conseqüentemente, na seleção de haploides. O objetivo deste trabalho foi determinar se a morfometria dos estômatos foliares permite diferenciar haploides falso-positivos e haploides verdadeiros em milho superdoce. Para isso, 12 populações de milho superdoce e um híbrido de milho comum (testemunha) foram cruzados com um indutor de haploidia maternal. Plantas obtidas de sementes diploides e haploides putativos, classificadas pelo marcador *R1-navajo*, e parentais não-indutoras foram avaliadas no estágio de 5 folhas. As imagens dos estômatos da terceira folha de cada planta foram impressas na superfície de lâminas de microscopia, com o uso de supercola, e os diâmetros de oito células-guarda foram mensuradas pelo Programa MicroMeasure v.3. A identificação das plantas haploides verdadeiras foi realizada pela contagem cromossômica. Na análise de variância fatorial de 12 populações e quatro categorias (HPH = plantas haploides verdadeiras; HPD = haploides falso-positivos, ou seja, plantas diploides; DPF1 = plantas diploides da geração F1; e DPPAI = plantas parentais não-indutoras), as plantas foram consideradas como parcelas e as células-guarda como repetições em delineamento experimental inteiramente casualizado. Os intervalos de confiança (IC - 95%) foram estimados com base na média de cada categoria em cada população. Os resultados revelaram diferenças entre as populações e entre as categorias, contudo, não houve efeito significativo da interação população x categoria, indicando que há uma redução proporcional destas medidas em cada população em função do nível de ploidia. Pelo teste de Tukey, foi observado que, para quase todas as populações, plantas haploides (HPH) apresentam diâmetro de estômato menor que plantas diploides (DPF1, DPPAI e HPD), sem sobreposição de IC. Portanto, conclui-se que, em populações de milho superdoce, plantas haploides verdadeiras podem ser diferenciadas de falso-positivas pelo menor comprimento de células-guarda dos estômatos, sugerindo uma metodologia complementar para identificação de haploides, em vista das falhas de seleção pelo marcador *R1-navajo*.

Palavras-chave: duplo-haploide; *R1-navajo*; falso-positivo

IDENTIFICAÇÃO DE HÍBRIDOS EM SOJA UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES

Willian Hytalo Ludke^{1*}; Alessandra M. Correia²; João Marcos S. Ferreira¹;
Bruno de Almeida Soares¹; Bruno E. L. Gomes¹; Eveline T. Caixeta³; Felipe L.
da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais. ³Embrapa Café. *E-mail do autor para correspondência: willianludke@gmail.com.

A soja é uma das culturas de maior importância econômica no mundo, por possuir uma multiplicidade de usos, como a utilização do farelo na alimentação animal e do óleo para a indústria alimentícia e de biodiesel. No Brasil, o melhoramento genético foi um dos maiores responsáveis pelo incremento de produtividade, na ordem de 2.000 kg de grãos ha⁻¹. A fase inicial de um programa de melhoramento é a hibridação, sendo essa, uma das etapas mais importantes na obtenção de cultivares superiores, uma vez que a partir do cruzamento de parentais geneticamente distintos é possível o desenvolvimento de populações com maior variabilidade genética e, com isso, permitir a seleção de populações superiores. No momento da hibridação, preferem-se combinações de genitores com pelo menos um marcador morfológico contrastante e de fácil visualização. Esse procedimento facilita no momento da identificação dos híbridos F1's para que se possam avançar apenas plantas híbridas. Todavia, por vezes não é possível realizar hibridações com marcadores morfológicos contrastantes e, com isso, a identificação visual de híbridos torna-se impossível, sendo necessário o uso de ferramentas como, por exemplo, marcadores moleculares. O objetivo desse trabalho foi identificar a híbridos de soja utilizando marcadores moleculares microssatélites. Foram realizadas hibridações com 10 genitores, resultando em 8 combinações e 137 híbridos. Foram retirados folíolos das plantas em estágio vegetativo V3 e, posteriormente o DNA genômico foi extraído. Foram utilizados os *primers* microssatélites SATT_115, 285, 728, 423, 703, 579, 216, 301 e 173, que foram amplificados pela técnica de PCR. Os produtos resultantes da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata. Todos os marcadores utilizados foram informativos para identificação dos híbridos, salvo o SATT_579 que não for informativo para os híbridos da combinação WHL2. Dentre os 137 híbridos avaliados, foram identificadas 20 plantas não híbridas, com esse resultado, gerou-se uma matriz de dissimilaridade utilizando o Programa Genes para posterior visualização gráfica através de uma árvore filogenética. Concluiu-se com o presente trabalho que o uso de marcadores moleculares são uma importante ferramenta na identificação de híbridos, dado seu baixo custo e seu alto nível de qualidade para identificação destes.

Palavras-chave: Hibridação; marcadores moleculares; microssatélite

Agradecimentos: Programa Soja DFT/UFV; BIOCAFÉ/UFV; CNPq e FAPEMIG.

IDENTIFICAÇÃO DE MARCADORES SNPs ASSOCIADOS COM A RESISTÊNCIA A GERMINAÇÃO PRÉ-COLHEITA EM TRIGO VIA ASSOCIAÇÃO GENÔMICA

Anderson Simionato Milioli^{1*}; Matheus Tonatto¹; Wendel Boggio¹; Leomar Guilherme Woyann¹; Taciane Finatto¹; Ivan Schuster²; Giovani Benin¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná - UTFPR, Campus Pato Branco - PR.
*milioli.utfpr@gmail.com

²Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola - COODETEC, Cascavel - PR.

A germinação pré-colheita em trigo tem ocasionado perdas consideráveis de produtividade e qualidade em diversas regiões produtoras. A seleção de genótipos resistentes têm sido alvo de diversos programas de melhoramento, mas em função da complexidade da característica, os avanços obtidos são pouco expressivos. Neste sentido, a adoção de técnicas mais eficientes para a identificação de genótipos superiores é necessária. O objetivo do presente trabalho, foi realizar uma análise de associação genômica, visando identificar marcadores SNPs associados com a resistência a germinação pré-colheita em trigo. Foram utilizados 344 genótipos, de diferentes empresas obtentoras e épocas de lançamento, que representam a base genética do trigo cultivado no Brasil. O experimento foi constituído por três etapas principais: a genotipagem, a fenotipagem e a análise de associação genômica. Para a genotipagem, foi realizada a extração e quantificação do DNA, e as amostras foram genotipadas com um chip de DNA para detecção de SNPs contendo 35 mil SNPs para o genoma do trigo. Na etapa de fenotipagem, foi conduzido um experimento em Cascavel-PR, em delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Os genótipos foram avaliados na maturidade fisiológica, a partir da coleta de 20 espigas por genótipo, as quais foram submetidas a um simulador de chuva para germinação, sendo então atribuídas notas de acordo com o índice de germinação apresentado. Após as determinações genotípicas e fenotípicas, foi realizada a análise de associação genômica a fim de identificar marcadores moleculares associados com a resistência à germinação pré-colheita. Foram identificados dez marcadores significativos, localizados nos cromossomos 3B, 4A, 5B, 5D, 6D, 7B e 7D, onde estão presentes QTLs associados com a resistência a germinação pré-colheita. Os SNPs foram localizados em genes codificadores de enzimas envolvidas em vias de sinalização de giberelinas e ácido abscísico, hidrólise de maltose e alongamento e divisão celular. A explicação da variação fenotípica pelos marcadores significativos variou de 4,2 a 5,4%, o que é esperado para caracteres quantitativos. Os marcadores significativos identificados no presente estudo, após validados, poderão ser utilizados em programas de seleção assistida por marcadores moleculares, para a seleção precoce de genótipos mais resistentes a germinação pré-colheita, propiciando a obtenção de genótipos desejáveis de maneira mais ágil e precisa.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L.; Single Nucleotide Polimorfism; Seleção precoce.

IDENTIFICAÇÃO DE POTENCIAIS GENÓTIPOS DE MILHO-PIPOCA EM CONDIÇÕES COM RESTRIÇÃO DO NUTRIENTE FÓSFORO

Fábio Tomaz de Oliveira^{1*}; Thiago Rodrigues da Conceição Silva¹; Marta Simone Mendonça Freitas¹; Amanda Gonçalves Guimarães¹; Geraldo Francisco de Carvalho¹; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*E-mail do autor para correspondência: tomaz_oft@yahoo.com.br.

O fósforo (P) é um dos nutrientes mais importantes para o desenvolvimento das plantas, porém o seu uso demasiado é preocupante pelo fato de ser oriundo de fonte não renovável e também por promover eutrofização das águas. Para mitigar o impacto ambiental oriundo da fertilização com P, o objetivo deste trabalho foi avaliar um painel de 29 linhagens de milho-pipoca, com a finalidade de identificar potenciais genótipos para integração no programa de melhoramento para que se desenvolvam em condições com restrição de P. O experimento foi instalado em casa-de-vegetação no semeio das 29 linhagens de milho-pipoca em vasos plásticos de 5,0 dm³ preenchidos com substrato formado por solo e areia, na proporção de 3:1, em dois níveis de P (4 mg/dm³ e 22mg/dm³ de P) em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Trinta dias após a emergência, essas linhagens foram fenotipadas para complexas características de parte aérea e raiz nos dois ambientes contrastantes. Para predição do mérito genético foram adotados modelos *uni-traits*. A superioridade do desenvolvimento vegetativo da parte aérea pode ser determinada majoritariamente pela massa seca da parte aérea, que ao considerar uma intensidade de seleção de 30%, as linhagens L66, P2, P3, P4, P7, P8 e P9 se destacam por estar entre as melhores selecionadas nos dois ambientes. Dessas linhagens, a P2, P3, P8 e P9 também estiveram entre as 30% selecionadas em ambos ambientes para as características altura de plantas e diâmetro de colmo. Ainda, essas quatro linhagens apresentaram elevados valores para comprimento da última folha e valores satisfatórios para número de folhas, tendo, assim, elevada importância para o conjunto de variáveis relacionadas ao desenvolvimento vegetativo da parte aérea. Quanto às características relacionadas com o desenvolvimento do sistema radicular: área de superfície, comprimento e volume de raiz, as linhagens P2, P4, P7 e P9 se destacaram por estarem entre os 30% genótipos superiores em ambos os ambientes. Nesse intento, foi observado que as linhagens P2, P4, P7 e P9, além de apresentarem melhor desenvolvimento da parte aérea e do sistema radicular em ambos ambientes, também apresentaram teor de P na parte aérea acima da média, o que reforça a indicação desses materiais para serem incluídos em programas de intercruzamentos.

Palavras-chave: *Zea mays* var. Everta; estresse abiótico; nutrição mineral

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.

IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS POR MEIO DO EMPREGO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO

Rodrigo Teixeira de Carvalho Botelho¹; Éder Cristian Smiderle²; Isabela Volpi Furtini³; Adriano Pereira de Castro³; Flávia Barbosa Silva Botelho¹.

¹ ⁶Universidade Federal de Lavras – Departamento de Agricultura. (botelho-rodrigo@uol.com.br).

² Universidade Federal de Mato Grosso.

³Embrapa Arroz e Feijão.

Os programas de melhoramento de arroz (*Oryza sativa*) no Brasil têm contribuído de forma inestimável nas últimas décadas. Na seleção de linhagens e populações segregantes superiores, devem-se considerar vários caracteres conjuntamente. A seleção simultânea de caracteres desejáveis é uma alternativa que pode aumentar a probabilidade de sucesso em um programa de melhoramento. O índice de seleção permite combinar em um único valor as múltiplas informações obtidas para os diferentes caracteres. Neste sentido, este trabalho teve por objetivo comparar alguns índices de seleção visando a obtenção de linhagens de arroz de terras altas mais precoces, com menor altura de plantas, boa resistência à brusone do pescoço e alta produtividade de grãos. Foram avaliadas 191 progênies F_{2:4} pertencentes ao Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF) do programa de melhoramento genético da Embrapa Arroz e Feijão, além de cinco cultivares comerciais utilizadas como testemunhas, totalizando 196 genótipos. Os experimentos foram instalados em quatro ambientes durante a safra 2012/13 em Sinop-MT, Vilhena-RO e em duas épocas de plantio em Santo Antônio de Goiás-GO. O delineamento utilizado foi um látice 14 x 14, com duas repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento, altura de plantas, resistência a brusone do pescoço e produtividade de grãos. Constatou-se que existe variabilidade entre os genótipos para todos os caracteres avaliados. As estimativas do ganho esperado com a seleção das 20% melhores progênies apresentaram valores expressivos, especialmente para produtividade de grãos e resistência à brusone do pescoço para a maioria dos ambientes. Os índices de seleção apresentaram ganhos expressivos, porém os índices (Z) e Soma de Postos, apresentaram os maiores ganhos totais e boocordância nos resultados, além de obterem maior equilíbrio nos ganhos para os quatro caracteres simultaneamente. O índice (Z) mostrou-se eficiente na seleção simultânea para os quatro caracteres, pela facilidade de obtenção, pela possibilidade de se proceder a seleção graficamente e pela viabilidade de se proceder a análise de variância do índice.

Palavras Chave: Genética quantitativa, melhoramento genético de plantas, *Oryza sativa*

Agradecimentos: Capes, Cnpq e Fapemig.

IMPACTO DO USO DE MARCADORES SSR-ESTs NA POPULAÇÃO UENF-14 DE MILHO-PIPOCA SOB SELEÇÃO RECORRENTE

Divino Rosa dos Santos Junior¹; Amanda Gonçalves Guimarães^{1*}; Adriano dos Santos¹; Gabrielle Sousa Mafra¹; Railan do Nascimento Ferreira Kurosawa¹; Rachel Martins da Rocha Silva¹; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*E-mail do autor para correspondência: amandagguimaraes@yahoo.com.br

O uso de ferramentas moleculares pode auxiliar as metodologias de melhoramento clássico com o intuito de acelerar o processo de desenvolvimento de novas cultivares, pois, detectam o polimorfismo diretamente ao nível de DNA, permitindo fazer inferências sobre as relações entre genótipo e fenótipo. Nesse intento, para compreender o comportamento dos alelos entre os ciclos da seleção recorrente, os marcadores microssatélites gênicos (SSR-ESTs) têm sido utilizados por serem co-dominantes e altamente informativos. Assim, objetivou-se verificar o impacto do uso de marcadores SSR-ESTs entre nove ciclos seleção recorrente na população UENF-14 de milho-pipoca. Para isso, o DNA genômico foi extraído a partir das folhas jovens de 25 indivíduos de cada ciclo (C0, C1 C2, C3, C4, C5, C6, C7 e C8), totalizando 225 amostras da população UENF-14. Utilizaram-se 50 marcadores SSR-ESTs para as reações da polimerase em cadeia, e a estruturação genética quanto ao comportamento dos alelos, foi realizada através do método baseado em algoritmos de agrupamentos bayesianos, modelo “*no admixture model*”, “*Burnin Period*” de 10.000, extensão de 50.000 repetições, número de subpopulações (k) variando de 1 a 10, com o uso do *software STRUCTURE* versão 2.3.4. Dos 50 marcadores SSR-ESTs utilizados, apenas 16 foram polimórficos, sendo detectados 34 alelos com média de 2,13 por loco, que foram utilizados para inferir sobre o comportamento dos alelos da população ao longo dos ciclos. O número ideal de grupos genéticos (K) que melhor ajustou foi o $k=3$, por apresentar o maior valor de ΔK (10,37). Observou-se que nos ciclos iniciais (C0, C1 e C2) teve uma melhor distribuição das frequências dos alelos de cada sub-grupo, e ao longo dos ciclos, houve um aumento gradativo destas frequências, inferindo que determinadas regiões gênicas podem ter sido alvo de seleção para as características de interesse agrônomo, como a produtividade e capacidade de expansão. Dessa forma, o uso de marcadores SSR-ESTs pode ser utilizado para confirmar que a metodologia clássica tem sido eficiente para as principais características de interesse.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. Everta; microssatélites gênicos; frequência alélica

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.

IMPLEMENTAÇÃO DA TERMOMETRIA AO INFRAVERMELHO NA PREDIÇÃO DE TOLERÂNCIA AO CALOR EM CULTIVARES DE TRIGO PLANTADO EM VASOS BAIXO CONDIÇÕES DE CAMPO

Laura Maritza Saavedra Tobar^{1*}; Moacil Alves De Souza¹; Cleverson Freitas De Almeida¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *laurasaata@hotmail.com.

Embora o trigo seja originário de climas frios, o uso de cultivares adaptadas possibilita sua produção em regiões de climas tropicais. As altas temperaturas durante o ciclo da cultura podem-se tornar um dos maiores limitantes no bom desenvolvimento da planta, causando o estresse por calor e conseqüentemente, redução no seu potencial produtivo. A ocorrência de temperaturas elevadas constitui o principal fator limitante para o desenvolvimento pleno das plantas de trigo na região do Brasil-Central. O conhecimento de metodologias de acesso fácil e de uso prático, que sejam eficientes para a seleção de plantas em condições de campo são imprescindíveis, e a obtenção de variedades com tolerância ao calor é um dos principais objetivos nos programas de melhoramento genético desta cultura, diante disso os objetivos desse trabalho foram determinar se o método de termometria ao infravermelho é eficaz na predição de tolerância ao estresse térmico em cultivares de trigo e determinar quais são as variedades mais tolerantes. Para minimizar a influência de fatores bióticos e abióticos sobre o crescimento e desenvolvimento das plantas, o experimento foi realizado de acordo com as Informações Técnicas para a Cultura de Trigo na Região do Brasil - Central. O experimento foi conduzido no campo experimental Prof. Diogo Alves de Melo –UFV, Viçosa-MG. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado com cinco repetições para cada tratamento. Os tratamentos foram seis cultivares recomendadas para o Brasil Central, Aliança, Anahuac, Embrapa 22, BRS 254, BRS 264 e BRS 207, sendo essas cultivadas em vasos em condições de campo. Avaliou-se a depressão da temperatura da planta na folha bandeira e na espiga, fazendo seis mensurações em diferentes dias entre o estágio vegetativo e reprodutivo. Não houve diferenças significativas em relação a tolerância ao calor entre as cultivares de trigo avaliadas de acordo com teste de tukey a 5% de probabilidade. A razão mais provável para este resultado foi que a temperatura média registrada durante a maior parte do desenvolvimento do cultivo foi de 18 a 21°C, que corresponde a temperatura ótima para o desenvolvimento do trigo. Para a aplicação da termometria ao infravermelho como metodologia na predição de tolerância ao estresse de calor em trigo deve-se implementá-la em condições estressantes para a cultura para determinar sua confiabilidade ou não.

Palavras-chaves: Trigo; calor; termometria.

INTERAÇÃO PROGÊNIES x ÉPOCAS E SELEÇÃO PARA O COZIMENTO DOS GRÃOS DO FEIJOEIRO

Alice Pereira Silva^{1*}; Scheila Roberta Guilherme²; Magno Antônio PattoRamalho³

¹Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UFLA/Lavras, MG, Brasil.²Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UFLA/Lavras, MG, Brasil.³Professor Melhoramento de Plantas - UFLA/Lavras, MG, Brasil.*E-mail:lice_p_silva@hotmail.com.

Em programas de melhoramento do feijoeiro conduzidos no Brasil, além da produtividade de grãos, grande ênfase é direcionada à qualidade dos grãos, como o tempo de cocção. Com o objetivo de avaliar progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ do ciclo XV da Seleção Recorrente, visando verificar as implicações de interação (GxE) no sucesso com a seleção para o tempo de cozimento dos grãos de feijão, foram avaliadas 100 progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ do ciclo XV da seleção recorrente da cultura do feijoeiro conduzido pela Universidade Federal de Lavras. A metodologia utilizada foi a de Pádua; Ramalho; Abreu (2013). O delineamento utilizado foi látice 10x10 com três repetições e parcela constituída de 20 grãos. Os grãos da geração $S_{0:1}$ foram obtidos na semeadura realizada em julho de 2015 e a colheita em outubro/novembro do mesmo ano e os da geração $S_{0:2}$ em novembro do mesmo ano e a colheita em janeiro/fevereiro de 2016. Os grãos depois de colhidos e trilhados foram armazenados em condição de ambiente por 30 dias. A percentagem de cozimento foi obtida pelo número de grãos perfurados completamente, por uma haste de 90g, dividido por 20 e posteriormente multiplicado por 100. Depois de obtidas as percentagens de cozimento, foram feitas as análises de variância individual e conjunta e assim constatou-se que a percentagem de cozimento do feijoeiro é significativamente influenciada pelo ambiente e pela interação progênie x ambientes. Ocorre ampla variabilidade entre as progênies do CXV, possibilitando inferir o possível sucesso com a seleção para o mais rápido cozimento dos grãos de feijão. Em ocorrendo interação acentuada a melhor opção é realizar a seleção na média dos ambientes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Melhoramento genético; Cocção; Cozimento; Seleção recorrente; Feijoeiro

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG

IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPO x LOCAL NA SELEÇÃO EM SORGO SACARINO

Talieisse Fagundes^{1*}; Gabrielle Lombardi¹; José Airton Nunes¹; Rafael Parrella²; Nayara Durães; Pakizza Leite; Adriano Bruzi

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Milho e Sorgo. talieissefagundes@yahoo.com.br

O Brasil é destaque na produção mundial de etanol tendo a cultura da cana-de-açúcar como principal matéria-prima. Todavia, há um período de entressafra das usinas o que acarreta em aumento do preço do etanol. Visando complementar a produção, surge a cultura do sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench], com elevado potencial bioenergético devido aos seus colmos suculentos com açúcares diretamente fermentáveis. Na avaliação e no desenvolvimento de cultivares, o conhecimento da interação genótipos x locais é de grande importância para a seleção e recomendação de genótipos para os diferentes locais de cultivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar as implicações da interação de genótipos de sorgo sacarino na seleção utilizando três diferentes ambientes do Estado de Minas Gerais. Foram avaliados um total de 45 genótipos de sorgo sacarino em experimentos conduzidos nos municípios de Nova Porteirinha/MG, Sete Lagoas/MG e Lavras/MG no ano agrícola de 2013/2014. Os experimentos foram implantados no delineamento alfa – látice triplo 9 x 5. As parcelas experimentais foram constituídas por duas linhas de cinco metros de comprimento e espaçadas por 0,70cm entre fileiras. As características mensuradas foram extração de caldo (EXT, %), produção de matéria verde (PMV, Kg/ha), teor de sólidos solúveis totais (SST, °Brix) e toneladas de brix por hectare (TBH). Os resultados foram submetidos a análise de variância conjunta. O agrupamento das médias foi realizado pelo teste scoot-knott a 5% de probabilidade. Foram estimadas as correlações fenotípicas entre as médias dos ambientes dois-a-dois e respectivos índices de coincidência dos 5 melhores genótipos. Houve diferença ($P < 0,05$) entre os genótipos e entre ambientes, bem como efeito significativo da interação genótipos por ambientes (G x A) para todos os caracteres. As correlações fenotípicas de todas as características foram baixas a moderadas entre os ambientes, reforçando o impacto da interação G x A sobre o ordenamento dos genótipos, e possível predominância de interação complexa. Correlações positivas e moderadas ($r > 0,6$) foram observadas entre Lavras e Nova Porteirinha para os caracteres PMV, SST e TBH, e para a EXT foi observado correlação baixa entre estes locais ($r < 0,2$). Os municípios de Nova Porteirinha e Sete Lagoas apresentam valores mais elevados (40 a 60%), do índice de coincidência, seguido dos selecionados entre Lavras e de 40% para PMV e SST. Os resultados realçam as implicações da interação G x L na tomada de decisão na seleção, contudo não foram suficientes para fins de caracterização ou definição de ambientes de teste.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; ordenamento; correlação.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e FAPEMIG

IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES NA ASSOCIAÇÃO ENTRE O NÚMERO DE FLORES E O VINGAMENTO FLORAL NO FEIJOEIRO

Emanoel Sanches Martins^{1*}, Ricardo Andrade Pinto Júnior ², Ângela de Fátima Barbosa Abreu³, Magno Antonio Patto Ramalho²

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo; ²Universidade Federal de Lavras; ³Embrapa Arroz e Feijão.*Autor para correspondência: emanoelmartins92@hotmail.com

O feijoeiro é cultivado em todo território brasileiro, sendo sujeitas a diferentes condições edafoclimáticas. Tal fato contribui para a interação genótipo x ambiente influenciando em diversos caracteres, sendo um deles o número de vagens por planta (NVP) e consequentemente a produtividade de grãos. O NVP é um dos principais componentes primários da produtividade de grãos do feijoeiro e depende do número de flores produzidas e da porcentagem destas que originam vagens, ou seja, do vingamento floral. Logo informações a respeito da estimativa do número de flores e do vingamento floral em uma dada condição, se torna uma das alternativas para se avaliar o potencial produtivo de uma planta/cultivar e suas implicações na interação das linhagens X ambientes na produtividade de grãos. Visando a estimativa destes caracteres, se estas variam com as condições ambientais e sua associação com a produção de grãos foi realizado o presente estudo. Para isso foi realizado um dialelo completo sem considerar os recíprocos, utilizando seis linhagens. Os tratamentos foram avaliados em três gerações/épocas - F₂, F₃ e F₄ – em 2015/2016, no delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. A parcela era constituída de 3 linhas com 4 m. Na linha central foi colocado um receptáculo de tela visando coletar as flores/vagens abortadas. Foram considerados os caracteres: número de flores/planta (N), porcentagem de vingamento floral/planta (V) e produção de grãos/planta (W). De posse dos dados foram realizadas análises de variâncias conjuntas e por fim foi estimado as correlações entre N, V e W. Observou-se que o número de flores por planta, na média dos tratamentos nos três ambientes, foi de 31,9 e a porcentagem de vingamento floral de 40,4%. A interação Tratamentos x Gerações/épocas foi significativa, podendo inferir que os comportamentos, tanto dos genitores quanto dos híbridos avaliados, não foram coincidentes entre as gerações/épocas. Para quase todos os caracteres a geração F₂ apresentou as maiores médias. Quanto maior o número de flores totais, menor foi a porcentagem de vingamento floral. Enquanto maior a porcentagem de vingamento floral ou maior número de flores, maior é a produção de grãos. Como esses dois caracteres são muito influenciados pelo ambiente, provavelmente eles atuam para mitigar o efeito da variação ambiental na produtividade de grãos contribuindo para maior estabilidade na produção das plantas

Palavras chaves: interação genótipo x ambiente; Melhoramento vegetal; *Phaseolus vulgaris*.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG e Capes.

IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS X ANOS AGRÍCOLAS NA SELEÇÃO EM SORGO SACARINO

Autores: Michael David Batista Luaemar de Oliveira¹; Daniela Oliveira Ornelas¹; Jales Mendes Oliveira Fonseca¹; Beatriz Tomé Gouveia¹; José Airton Rodrigues Nunes¹; Rafael Augusto da Costa Parrella²

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Milho e Sorgo. *E-mail do autor para correspondência: michaeluaemar@gmail.com.

O sorgo sacarino (*Sorghum Bicolor*) é uma cultura bioenergética com potencial para incrementar a cadeia produtiva do etanol, especialmente na entressafra da cana-de-açúcar, e utilizando a mesma infraestrutura existente nas usinas sulcroatcooleiras. Estudos de melhoramento genético da cultura têm sido feitos buscando identificar genótipos superiores. Para isso são conduzidos ensaios de valor de cultivo e uso que visam avaliar estes genótipos em diferentes locais e anos agrícolas, sendo o conhecimento acerca da interação genótipos por safras agrícolas escasso em sorgo sacarino. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi quantificar a interação genótipos x anos agrícolas em sorgo sacarino e avaliar suas implicações na seleção. Os ensaios foram realizados no município de Lavras-MG nos anos agrícolas de 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017. Em cada ano agrícola foi conduzido um ensaio no delineamento látice quadrado triplo, no qual foram avaliados 25 genótipos, sendo cinco comuns (CV198, BRS508, BRS511, CMSX646 e CMSX647) nos três anos agrícolas. As características mensuradas foram altura da planta (m), produção de matéria verde (t/ha), extração de caldo (%), teor de sólidos solúveis totais (°brix) e toneladas de brix por hectare. Procedeu-se às análises interblocos individuais e conjunta usando a abordagem de modelos mistos. O efeito do ano agrícola foi expressivo sobre todos os caracteres, retratando as diferenças em termos de variação em fatores imprevisíveis, a exemplo da ocorrência e duração de veranicos e intensidade e distribuição da precipitação pluviométrica. Foram detectadas diferenças entre os genótipos para todas as características, indicando potencial de efetuar a seleção. Houve efeito da interação entre os genótipos comuns com os anos agrícolas apenas quanto aos caracteres altura de planta e porcentagem de caldo extraído. A significância deste efeito demonstra que o desempenho relativo dos genótipos comuns não foi coincidente nos três anos agrícolas, inclusive com mudanças marcantes no ranqueamento. Não foi evidenciada expressiva influência da interação genótipos por anos agrícolas no rendimento final em toneladas de brix por hectare, indicando a equivalência na identificação de genótipos promissores de sorgo sacarino nos três anos agrícolas considerados. Todavia, constatou-se que os anos agrícolas apresentaram diferenças intergenotípicas desiguais, com destaque para o ano agrícola 2016/2017, como o mais discriminativo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; interação genótipos x anos agrícolas; biocombustíveis

Agradecimentos: FAPEMIG, Embrapa Milho e Sorgo, CAPES e CNPQ.

IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO PROGÊNIES x AMBIENTES NA EFICIÊNCIA SELETIVA EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DO FEIJOEIRO

Roxane do Carmo Lemos¹; Magno Antonio Patto Ramalho¹; Ângela de Fátima Abreu².

¹Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil.

²EMBRAPA Arroz e feijão/Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil. *Email: roxaneclemos@gmail.com.

O maior desafio do melhorista é identificar aqueles indivíduos/progênies que sejam realmente superiores e que continuem sendo os melhores nas condições de manejo diferentes das obtidas nas estações experimentais, cujas condições climáticas são sempre imprevisíveis. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a coincidência na classificação das progênies identificadas como superiores em gerações passadas e as mesmas progênies em gerações futuras. Para isso, utilizou-se as médias das avaliações de progênies do ciclo XV de um programa de seleção recorrente do feijoeiro da Universidade Federal de Lavras. Foram avaliadas inicialmente 439 progênies $S_{0:1}$. Nas gerações $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ foram avaliadas 322 progênies e na geração $S_{0:4}$, 79. Os experimentos foram conduzidos em Lavras, MG, Brasil, no período de 2015 e 2016. Os caracteres avaliados foram: a produtividade de grãos em Kg/ha; o porte das plantas, em uma escala de notas em que 1 foi atribuído às plantas prostradas e 9, às plantas completamente eretas; e o tipo de grãos, em uma escala de notas em que 1 correspondeu ao grão ruim e a nota 9 ao grão bom. Com os dados obtidos, por geração ou conjunto de gerações, procedeu-se a análise de variância e estimou-se os componentes de variância genética e fenotípica. Foi estimada a coincidência entre as 10% melhores progênies selecionadas na geração k , para cada caráter, nas gerações sucessivas $k + 1$ e $k + 2$. Esse mesmo procedimento foi adotado considerando as progênies comuns nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$ e a geração $S_{0:4}$. A coincidência das melhores progênies na geração de referência e nas gerações futuras foi baixa, mesmo quando se considerou as três gerações de avaliação ($S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$) em relação a $S_{0:4}$. Para a nota de tipo de grãos a coincidência foi ligeiramente superior devido a herdabilidade de maior magnitude do caráter. No entanto, ainda assim a coincidência foi inferior a 50% em quase todos os casos. A mais provável explicação para a baixa coincidência foi a ocorrência da interação progênies x ambientes, que foi expressiva. O componente de variância associado à interação (V_{PA}) para a produtividade foi 2,2 vezes maior que o efeito da variância entre progênies (V_P), evidenciando assim o pronunciado efeito da interação para esse caráter.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, variância genética, herdabilidade.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e FAPEMIG.

INCIDENCE OF CORN STUNT ON DIALLEL GENOTYPES IN SECOND CROP SEASON

Flávia Alves Marques da Silva¹; Sophia Mangussi Franchi Dutra¹; Camila Baptista do Amaral¹; Kian Eghrari¹; Gustavo Vitti Mõro¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP/Jaboticabal-SP/Brasil.
*flavia_alvesms@hotmail.com

Last year the frequency of corn stunt has increased and the disease became important again, because of the reduction in maize crop yield. The corn stunt is caused by two mycoplasmas and the principal vector is the corn leafhopper (*Dalbulus maidis*), which has had the population expanded, especially with the reduction of chemical insecticides in transgenic maize fields. The occurrence of the disease gets worse with favorable conditions of the second season, and one way to control it is the use of resistant genotypes. In this way, the main aim of the study was to evaluate diallel genotypes as the incidence of corn stunt, in second season. The diallel maize field was cultivated in the experimental area of UNESP Jaboticabal-SP, in the 2017 second season. It was used an experimental design of randomized block, with two replicates of each treatment and experimental plots consisted of two rows with five meters of length and spaced at half meter between lines, totalizing a population of sixty thousand plants per hectare. The treatments consisted of one hundred and thirty two genotypes, obtained from a completed and reciprocal diallel crossing of twelve populations, and five commercial hybrids as controls. Ninety days after the sowing, was evaluated the stand and the incidence of corn stunt, using the ratio of number of plants with symptoms and the total of plants, in each plot. The data was submitted at the analysis of variance and to the Scott-knott means comparison test. The genotypes had no significant difference for the stand, but it had for the incidence of corn stunt, with 5% probability. The Scott-knott test discriminated the genotypes on two groups, one with a higher incidence of the diseases (fifty five genotypes) and the other with a lower incidence (eighty two genotypes). The means of the first group ranged from 6,82 to 22,2%, and the second group from 0 to 6,67%. All the five controls were allocated on the low incidence of disease group, revealing a good performance of the diallel genotypes on the same group, being all the five controls recommended for the region. The low values, indicate also genotypes that can be used as an initial source of variability, to obtain lines and to start studies in resistance of corn stunt, supporting breeding programs for second crop season. Plants that can demonstrate some resistance, in favorable conditions for the development of disease, can be able to decrease the loss of productivity.

Keywords: *Zea mays*; breeding; plant resistance.

INCLUSÃO DE ENSAIOS PRÉVIOS PARA O AUMENTO DA EFICIÊNCIA SELETIVA DE LINHAGENS DE SOJA

Francielly de Cássia Pereira^{1*}, José Airton Rodrigues Nunes¹, Adriano Teodoro Bruzi¹, José Wilacildo de Matos², Breno Alvarenga Rezende², Luis Claudio Prado², Sybelli Magda Coelho Gonçalves²

¹ Universidade Federal de Lavras. ² Dupont Pioneer. *E-mail do autor para correspondência: franciellyfcp@gmail.com

Em programas de melhoramento de soja é comum que se realize a seleção das melhores linhagens a serem recomendadas com base apenas em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Diante disso, o objetivo desse trabalho foi verificar a melhoria da seleção de linhagens de soja por meio da análise sequencial que considera informações de ensaios anteriores aos de VCU. Foram utilizados dados de produtividade de grãos (sacas/ha) dos anos agrícolas de 2012/2013, 2013/2014 e 2015/2016 em 17 locais utilizando a abordagem de modelos mistos. Verificou-se a eficiência da análise sequencial realizando duas estratégias: 1) seleção apenas com base nos ensaios de VCU e 2) análise sequencial considerando a combinação de cinco experimentos Z ($F_{4:5}$), Y ($F_{4:6}$), X ($F_{4:6}$), W ($F_{4:7}$) e VCU ($F_{4:7}$). Para comparar a eficiência das estratégias foi estimada a acurácia seletiva, bem como avaliou-se o ranqueamento e a coincidência das dez melhores linhagens selecionadas dentre as presentes nos ensaios VCU. Ao realizar a análise sequencial mediante estratégia 2, observou-se que estimativa da acurácia dos valores genéticos preditos das dez linhagens selecionadas foi menor, evidenciando que estas acurácias estavam inflacionadas quando apenas a geração de referência (VCU) foi considerada. Além disso, houve alteração na classificação das dez melhores linhagens, quando informações de gerações prévias foram envolvidas. Apenas cerca de 60% das linhagens selecionadas foram coincidentes entre as estratégias, demonstrando a influência da análise sequencial na recomendação de novas cultivares. Diante disso, fica claro a importância de se realizar a análise sequencial como uma alternativa sem custo adicional para melhorar a eficiência do processo seletivo de linhagens de soja, visto que ao optar por essa estratégia de análise, obtemos uma estimativa mais realista da acurácia seletiva e diferentes linhagens de soja podem ser selecionadas.

Palavras-chave: *Glicine Max*; Abordagem de Modelos mistos; Acurácia Seletiva

Agradecimentos: Capes, CNPq, Fapemig e Dupont Pioneer

ÍNDICE DE SELEÇÃO PARA ESCOLHA DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS EM MILHO COMUM

Jakson dos Santos Nascimento^{1*}; Marcelo Moura Chaves¹; João Esdras Calaça Farias¹; Sydney Pereira Galvão¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Júnior³.

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE. *jaksantos089@gmail.com.

O índice de seleção permite selecionar, com base em um conjunto de variáveis, várias características de interesse agrônomo. Por meio do índice de seleção é constituído um valor numérico, de caráter adicional e teórico, resultante da combinação das características sobre as quais se deseja proceder à seleção simultânea. No presente trabalho objetivou-se verificar o efeito positivo do índice de seleção de Mulamba e Mock entre famílias de irmãos completos do primeiro ciclo de seleção recorrente de milho. O ensaio de competição foi conduzido em dois anos agrícolas consecutivos: 2015 e 2016, por meio do método de seleção recorrente, em uma amostra da população do milho comum crioulo Salva Terra, obtendo-se 210 famílias. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de 'sets', com duas repetições e 30 tratamentos. Foram usados como pesos econômicos: coeficiente de variação genética (CVg), desvio-padrão genético (DPg), índice de variação (IV), herdabilidade (h^2) e os pesos econômicos obtidos aleatoriamente por tentativas (PA), sendo a seleção praticada nas características: florescimento feminino (FLORF), altura média da planta, em metros (AP), altura média da inserção da primeira espiga, em metros (AE), peso de espiga (PE), peso de grão (PG). Os ganhos percentuais para o índice de seleção de Mulamba e Mock, para todos os pesos econômicos, proporcionaram valores positivos para as principais características: PE e PG. O peso econômico CVg apresentou os menores ganhos para PE e PG, 12,45% e 12,96%, respectivamente. Quando se utilizou o peso econômico DPg, ocorreram os maiores ganhos para PE e PG, 27,23 e 28,23%. A característica FLORF exibiu ganhos negativos, o que é de interesse, pois se espera uma população com maior precocidade. Para as características AP e AE todos os pesos econômicos revelaram ganhos positivos, situação indesejada para essa população, pois nesta, priorizou-se a redução do porte. A herdabilidade (h^2) apresentou ganho de 18,15 e 19,42% para PE e PG, simultaneamente, esse peso destacou-se por apresentar expressiva diminuição para os não desejáveis como FLORF, AP, AE. Diante de tais observações foram selecionadas 40 famílias com base na herdabilidade, por proporcionar ganhos satisfatórios para PE e PG e por revelar ganhos negativos para características indesejáveis.

Palavras-chave: Ganho genético; seleção; Mulamba e Mock.

ÍNDICE DE SELEÇÃO PARA PRODUTIVIDADE E COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE GRÃOS EM LINHAGENS DE SOJA TIPO ALIMENTO

Gustavo Henrique Freiria^{1*}; Luiz Júnior Perini¹; Douglas Mariani Zeffa²;
Nicholas Vieira de Sousa¹; Josemeyre Bonifácio da Silva¹; Leandro Simões
Azeredo Gonçalves¹; Cássio Egídio Cavenaghi Prete¹

¹Universidade Estadual de Londrina (UEM). ²Universidade Estadual de Maringá (UEM). *gustavo-freiria@hotmail.com

O consumo regular da soja promove benefícios a saúde humana, em especial, pela ação das proteínas e isoflavonas. Novos programas de melhoramento buscam cultivares de soja classificadas como do tipo alimento, isentas das isoenzimas lipoxigenases nos grãos, e conseqüentemente, com melhor sabor e odor. Entretanto, nas etapas finais da seleção várias características devem ser consideradas o que gera dificuldade na escolha dos melhores genótipos. Nesse sentido, uma alternativa para combinar as informações dos diversos caracteres num único valor seria a utilização de índices de seleção. Portanto, o objetivo do estudo foi aplicar o índice de seleção de cultivares em linhagens superiores de soja, com base na produtividade e composição química dos grãos. Foram avaliadas 11 linhagens e a cultivar BRS 257, todas classificadas como do tipo alimento e isentas das isoenzimas lipoxigenases. O delineamento experimental foi o de blocos completos ao acaso, com quatro repetições. As características avaliadas foram: produtividade de grãos, percentuais de proteína e óleo e teor de isoflavonas, em duas épocas de semeadura (07 e 29 de outubro 2013) no município de Londrina, PR – Brasil. Realizou-se a análise de variância conjunta para época de semeadura, a participação complexa na interação genótipo x ambiente e empregou-se o índice de seleção de cultivares (Isc), em que foi considerado como sentido de seleção os maiores valores, exceto para os percentuais de óleo. Todas as características para a fonte de variação genótipo foram significativas ($p \leq 0,05$). Somente a característica produtividade de grãos não apresentou significância para a interação genótipo x época de semeadura (GE). Os percentuais de proteína sofreram alta influência ambiental, com 70,88 % da interação GE de caráter complexa. Os menores valores para Isc representaram os genótipos com a melhor relação para todas as características consideradas, que foi obtido pela cultivar BRS 257 (Isc = 0,0) seguido pelas linhagens UEL 153 (Isc = 7,9), UEL 101 (Isc = 15,1), UEL 110 (Isc = 15,9) e UEL 122 (Isc = 16,6), respectivamente. Conclui-se que o índice de seleção de cultivares se mostrou eficaz na seleção de genótipos superiores e que as linhagens UEL 101, UEL 110, UEL 122 e UEL 153 apresentam potencial para continuar no processo de seleção de novas cultivares de soja tipo alimento, com avaliação de seus atributos agrônômicos em condições mais amplas (em diferentes safras e locais) com intuito do lançamento de uma nova cultivar.

Palavras-chave: *Glycine max*; alimentação humana; índice não paramétrico

ÍNDICE DE VEGETAÇÃO DA DIFERENÇA NORMALIZADA E PRODUTIVIDADE DE HÍBRIDOS DE MILHO PRECOCE

Elcio Hissagy Samecima Junior¹; Luiz Eduardo Tilhaqui Bertasello¹; Kian Eghrari¹; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira¹; Lucas Tadeu Mazza Revolti¹; Cristiano Zerbato¹; Gustavo Vitti Môro¹

¹Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. E-mail: elciosamecimajr@hotmail.com

O índice de vegetação da diferença normalizada (NDVI) é um indicador da vegetação verde, sendo obtido através de combinações entre a refletância do vermelho e infravermelho próximo do espectro eletromagnético. Objetivou-se neste trabalho avaliar a efetividade do NDVI para diferenciar a quantidade de massa verde em híbridos de milho. O experimento foi conduzido na segunda safra de 2016, na área experimental da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal/SP. Foram avaliados 33 genótipos de milho do grupo precoce normal, proveniente do ensaio nacional da Embrapa. As análises de NDVI, via sensoriamento remoto, utilizando o sensor ativo terrestre GreenSeeker®, foram realizadas a cada 15 dias, sendo a primeira medição realizada 15 dias após a emergência das plântulas (DAEP), e posteriormente, foram feitas avaliações com 30, 45, 60, 75 e 90 DAEP. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com duas repetições em esquema de parcela subdividida no tempo. Cada parcela experimental possuiu duas linhas de cinco metros, espaçadas em 50 cm e população de 62.500 plantas ha⁻¹. A produtividade foi avaliada a partir da colheita da parcela e posteriormente corrigida a 13% de umidade e em quilogramas por hectare. Observou-se diferença significativa entre os períodos de avaliações de NDVI, porém o mesmo não ocorreu quando os genótipos foram comparados dentro do mesmo período. Em relação a produtividade, observou-se diferença significativa entre os genótipos de milho precoce. Plantas mais jovens, com quantidade menor de massa verde, expressam menor valor de NDVI. Com o tempo, o valor de NDVI aumentou devido ao desenvolvimento da planta. Conclui-se que o parâmetro NDVI não é efetivo para a diferenciação de genótipos de milho precoce, uma vez que foi observada diferença significativa entre os genótipos em relação a sua produtividade.

Palavras-chave: *Zea mays*; NDVI; Melhoramento de Plantas

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), FCAV-UNESP e ao grupo Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Milho (NEGEMM).

INDUÇÃO DE MUTAÇÃO EM FISÁLIS COMO ESTRATÉGIA NA SELEÇÃO DE CARACTERES QUANTITATIVOS

Nicole Trevisani^{1*}; Rita Carolina de Melo¹; João Fossa Bernardy¹; Matheus Gabriel Ferreira de Sousa¹; Tatiane da Rocha Cardoso¹; Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹, Altamir Frederico Guidolin¹

¹Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV). *E-mail do autor para correspondência: nicoletrevisani88@gmail.com.

A fisális é uma espécie frutífera comercializada no grupo dos pequenos frutos. Estudos realizados com a cultura na região Sul do país estão demonstrando restrita variação entre populações em caracteres relacionados ao ciclo de produção e ao tamanho do fruto. Isso dificulta os processos de seleção de plantas agronomicamente superiores. O objetivo do trabalho foi induzir alterações genéticas em fisális para a seleção de populações com qualidade de fruto superior. O trabalho foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento inteiramente casualizado. Para tanto, sete populações de fisális de distintas origens foram submetidas à irradiação gama nas doses de 0, 100 e 200 Grays (Gy), resultando em 21 populações. Os dados foram submetidos à análise de variância multivariada e as comparações de interesse realizadas por meio de contrastes de médias não ortogonais. Houve diferença significativa para o fator população, revelando a existência de variabilidade entre pelo menos duas populações de fisális. Por meio dos contrastes multivariados, as populações que manifestaram diferenças foram Colômbia01, Colômbia02, Caçador e CAV. A indução mutação foi eficiente em causar variações genéticas nestas populações. Na população da Colômbia01 houve redução de 3,97 mm (dose 100 Gy) e 2,56 mm (dose 200 Gy) no diâmetro polar do fruto (DPF). Já na população da Colômbia02 (dose 200 Gy) acréscimo de 2,99 mm no diâmetro equatorial do fruto (DEF) e de 4,90 mm no DPF. Na população do CAV (dose 200 Gy) o acréscimo foi de 1,81 °Brix. A indução de mutação foi benéfica nestes casos, porém a qualidade de frutos ainda é aquém do potencial da cultura. As alterações genéticas foram pouco significativas para a MF e SST possivelmente devido a dose utilizada e insensibilidade do genoma, podendo-se ainda considerar que caracteres quantitativos são governados por elevado número de genes e o grau de ploidia em fisális ($2n = 4x = 48$) reduzem a eficiência do agente mutagênico. Uma alternativa promissora pode ser a indução de poliploidia, que pode ser aliado ao melhoramento por mutação na melhoria dos caracteres agrônômicos.

Palavras-chave: Variabilidade genética; Cobalto⁶⁰; *Physalis peruviana* L.

Agradecimentos: A Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de estudo e apoio financeiro para o desenvolvimento do trabalho.

INFLUÊNCIA DO NÚMERO DE GRÃOS POR VAGEM NA PRODUTIVIDADE DE CULTIVARES DE SOJA

Fernanda Cristina da Silva¹, Fernanda Kelly Costa Oliveira¹, Amilton Ferreira da Silva¹, Gilberto Pereira Lopes¹, Nádya Nardely Lacerda Durães Parrella¹

¹Universidade Federal de São João del-Rei UFSJ, Campus de Sete Lagoas.

A soja (*Glycine max (L.) Merrill*) é uma das principais culturas da agricultura mundial e brasileira, fonte de óleos e proteínas, tem um alto potencial produtivo e a sua composição química e valor nutritivo, permite sua integração na alimentação humana e animal, sendo também matéria prima fundamental em diversos complexos agroindustriais. O fruto da soja é do tipo legume, comumente chamado de vagem, que resulta do ovário completamente desenvolvido, uma vagem pode conter de um a cinco grãos, contudo, a maioria das cultivares apresentam vagens com dois ou três grãos. Objetivou-se com esse trabalho avaliar a influência do número de grãos por vagem na produtividade da soja. O estudo foi realizado no campus de Sete Lagoas-MG na Universidade Federal de São João del-Rei, onde foi utilizado oito cultivares oriundas de diferentes instituições, visando maior variabilidade de características agrônomicas distintas. O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso com quatro repetições e oito tratamentos (TMG 7262RR, ANATA 82RR, TMG 2158IPRO, TMG 7062IPRO, M 8210IPRO, M 6210IPRO, RK 6813RR e RK 5813RR). As parcelas foram constituídas de seis linhas de 3 m de comprimento e espaçamento de 0,5 m entre linhas. Para obtenção dos dados foram coletadas 10 plantas aleatoriamente na área útil da parcela, gerando uma média por planta. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste Scott-Knott com auxílio do programa Sisvar. As variáveis avaliadas foram número de vagens com um grão (NV1G), número de vagens com dois grãos (NV2G), número de vagens com três grãos (NV3G), números de vagens com quatro grãos (NV4G), número de vagens total (NVGT) e produtividade de grãos (PG). De acordo com os resultados obtidos foi possível observar que as cultivares M 8210 IPRO e RK 6813 RR obtiveram maior número de vagens com três grãos (58,9 e 51,8, respectivamente), que as demais, e as mesmas cultivares apresentaram maior número de vagens com dois grãos (40,3 e 40,1, respectivamente). Esse parâmetro tem correlação direta com a produtividade, estudos mostram que cultivares que apresentam maior número de vagens com três e dois grãos associada com menor número de vagens com um grão, produzem mais. As cultivares que apresentaram maior número de vagens, resultando em maior produtividade foram a M 8210 IPRO (4.920 kg ha⁻¹) e RK 6813 RR (4.356 kg ha⁻¹).

Palavras-chave: *Glycine max*; componentes de rendimento; genótipo.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo apoio financeiro.

INHERITANCE OF RESISTANCE TO FUSARIUM WILT IN COMMON BEAN

Michel Henriques de Souza^{1*}; Renata Oliveira Batista²; Leonardo Corrêa Silva³;
Lisandra Magna Moura³; Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁴; José Luiz
Sandes Carvalho Filho²; José Eustáquio Souza Carneiro⁵

¹Mestrando em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa – UFV.

²Professor Adjunto, Universidade Federal Rural de Pernambuco; ³Doutorando em Genética e Melhoramento, UFV; ⁴Professor Departamento de Biologia Geral, UFV;

⁵Professor do Departamento de Fitotecnia, UFV. *E-mail do autor para correspondência: micheel.1992@gmail.com

Fusarium oxysporum f. sp. *phaseoli* (*Fop*) is a soil pathogen that causes wilt in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and is one of the most important diseases of this crop. The use of resistant cultivars is the most effective method of controlling losses from this pathogen, and studying the inheritance of *Fop* resistance could provide useful insights for developing cultivars with resistance. Thus, the aim of this study was to determine the inheritance of resistance to fusarium wilt in common bean. The parents, F₁ and F₂ plants from seven crosses between resistant and susceptible parents of a partial diallel scheme 3 x 5 were inoculated with the isolate FOP UFV 01. During each generation, the plants were individually evaluated to determine disease severity. Among the eight parents, five were resistant, and three were susceptible to fusarium wilt. Only two phenotypic classes were observed in the parents (resistant and susceptible). Based on the performance of the F₁ generation, all the individuals were resistant, indicating that resistance is dominant over susceptibility. Different results were obtained for the segregation of plants from the F₂ generation based on the methods applied to determine the inheritance of resistance. However, the maximum likelihood estimator method, which was the most suitable methodology, showed that *Fop* resistance in common bean is a dominant trait governed by few major genes plus polygenes. These findings can support breeding programs in obtaining *Fop*-resistant cultivars.

Keywords: Diallel crosses; *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*; genetic control; *Phaseolus vulgaris* L.

Acknowledgments: CAPES, CNPq, FAPEMIG.

INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS COM AMBIENTES PARA QUALIDADE COMERCIAL DE GRÃOS E PRODUTIVIDADE EM FEIJOEIRO-COMUM DO TIPO CARIOCA

Danilo Valente Almeida¹; Leonardo Cunha Melo²; Patrícia Guimarães Santos Melo¹; Filipe Cavalcante Farias¹

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. Email:danilo.almeida015@gmail.com.

O feijoeiro-comum é cultivado durante três safras (águas, seca e inverno) com abrangência em quase todo o território nacional, o que torna necessária a avaliação da interação de genótipos com ambientes para os caracteres de interesse e a busca de cultivares que apresentem desempenho mais estável e que sejam mais responsivas à melhoria das condições ambientais, possibilitando maior segurança na recomendação de cultivares. Muitos estudos relatam a existência da interação de genótipos com ambientes para produtividade, porém, poucos abrangem caracteres de qualidade comercial de grãos. A procura por produtos com grãos maiores e de cor clara tem direcionado o melhoramento genético para a obtenção cultivares com qualidade de grãos que atenda às exigências do mercado consumidor. Desse modo, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a interação de genótipos com ambientes para os caracteres M100 (massa de 100 grãos), RP (rendimento em peneira), NG (nota de grãos) e PG (produtividade de grãos). Foram conduzidos três ensaios, dois na safra de inverno de 2016, em Santo Antônio de Goiás e Goiânia e o terceiro na safra das águas, de 2016/17 em Goiânia. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de uma linha de três metros. Foram avaliadas 20 linhagens e três cultivares (Pérola, BRS Estilo e BRS Notável). Em todos os ensaios foram analisados os caracteres RP e PG, sendo M100 e NG avaliados apenas nos ensaios da safra de inverno de 2016. As análises de variância individuais apontaram efeito de genótipos significativo para todos os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade genética. Os valores dos coeficientes de variação permaneceram abaixo de 22%, apresentando boa precisão experimental. Houve efeito significativo da interação de genótipos com ambientes para todos os caracteres avaliados indicando resposta diferencial entre as linhagens nos ambientes para produtividade, massa, tamanho e cor do grão. A variabilidade genética existente para todos os caracteres avaliados indica possibilidades de sucesso em programas de melhoramento genético do feijoeiro-comum, favorecendo a obtenção de genótipos superiores para qualidade comercial de grãos.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; qualidade comercial; variabilidade genética

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE DE CULTIVARES DE MAMONEIRA VIA GGE Biplot

Leandro S. Peixoto^{1*}; Yslai S. Peixoto¹; Alexsandro dos S. Brito¹; Elismar P. de Oliveira¹; Caio H. C. Martins¹; Gabriela R. Ayres¹; Ariana S. de Menezes¹

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor para correspondência: leandro.peixoto@ifbaiano.edu.br

A implementação de estratégias que possibilitem o desenvolvimento de cultivares de mamoneira (*Ricinus communis* L.), com maiores teores de óleo e adaptadas às diferentes condições ambientais, é imprescindível para que a cultura se consolide como importante componente do programa nacional de produção de biodiesel. Este trabalho objetivou avaliar o comportamento de seis cultivares de mamoneira em três ambientes. Os experimentos foram conduzidos na quadra experimental do IF Baiano *campus* Guanambi, localizada no distrito de Ceraíma no Município de Guanambi, Sudoeste da Bahia e no complexo de laboratórios do *campus*. Foram utilizadas as cultivares IAC 2028, IAC 226, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia e EBDA MPA11. Os dois primeiros experimentos foram montados no ano de 2015/2016 em DBC com três repetições com parcelas de 4 plantas com espaçamento de 1m x 1m e bordadura interna. O terceiro experimento foi montado no ano de 2016/2017 em DBC com 9 plantas por parcela, 3 repetições e espaçamento de 2,0 m x 1,0 m, sem bordadura interna. Os tratos culturais seguiram as recomendações para a cultura e houve complementação de água via gotejamento. As análises estatísticas dos dados de produção foram realizadas por meio do software R e o pacote “GGEBiplotGUI”. Foram realizadas as análises individuais para cada ambiente para a produção de sementes e foi observado a significância dos efeitos de genótipos em todos os ambientes avaliados. Para a análise conjunta observou-se também a significância dos efeitos de genótipos, dos efeitos de ambientes e da sua interação. Os dois eixos do gráfico GGE Biplot capturaram 88,8% da variação observada nos dados. No gráfico quem vence onde, gerado pelo GGE Biplot, foi formado dois grupos de ambientes, um com o primeiro experimento de 2015/2016 e o experimento de 2016/2017 com a cultivar IAC 2028 como vencedora. O segundo experimento de 2015/2016 ficou em outro grupo com a cultivar BRS Energia. Os demais genótipos não ficaram dentro da projeção dos dois grupos, indicando que os mesmos não são recomendados para os locais avaliados. No gráfico, média vs estabilidade, observa-se que os genótipos com maiores médias são o IAC 2028 seguido da BRS Energia. E os mais estáveis foram EBDA MPA 11, BRS Nordestina, com baixa produtividade, e IAC 2028 com moderada estabilidade. Desta forma, conclui-se que a cultivar IAC 2028 mostrou-se como a mais indicada para o plantio na região do Semiárido baiano por apresentar média alta e uma boa adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L; Semiárido Baiano; Adaptabilidade

Agradecimentos: Ao CNPq e ao IF Baiano

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE EM COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE FEIJÃO COMUM EM DOURADOS-MS

Vander André Berres^{1*}; Everson Rader¹; Priscila Carvalho da Silva¹; Cláudia Alessandra Castanharo¹, Leonardo Garahi Lopes¹, Liliam Silvia Candido¹

¹Universidade Federal da Grande Dourados. *E-mail do autor para correspondência: vanderberres10@gmail.com

Características relacionadas à produtividade geralmente são poligênicas e sofrem forte influência do ambiente na expressão do fenótipo. Portanto é de extrema importância para o melhorista, o conhecimento da magnitude da interação genótipo x ambiente (G x A) para a indicação de genótipos em diferentes ambientes de cultivo. Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a produtividade de grãos (PROD), a massa de 100 grãos (M100), o número de vagens por planta (NVP) e o número de grãos por vagem (NGV) de 20 linhagens de feijão-comum em duas safras distintas, em Dourados,MS. Os experimentos foram conduzidos na fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados, com semeadura em março de 2015 (primeiro ambiente) e julho de 2016 (segundo ambiente), respectivamente safra de verão e de inverno. O delineamento experimental adotado nos dois experimentos foi o de blocos casualizados com três repetições. Cada linhagem foi semeada em quatro linhas de 4 metros, com 15 sementes por metro linear e espaçamento entre linhas de 0,5 metro. Houve diferença estatística significativa entre as linhagens para as quatro características avaliadas no primeiro ambiente e apenas para M100 e NVP no segundo ambiente. Pelo teste de Scott-Knott formaram-se de dois a quatro grupos distintos no primeiro ambiente e no máximo dois grupos no segundo ambiente, o que corrobora com a maior diferença estatística entre as linhagens no primeiro ambiente. Na análise de variância conjunta, verificou-se efeito significativo entre as linhagens para todas as características avaliadas, e constatado interação genótipo x ambiente (safras) para as características PROD e NVP. Foi realizada a decomposição da interação G x A pela metodologia de Cruz e Castoldi (1991), sendo que a porcentagem da parte complexa da interação para as características NVP e PROD foi de 61% e 76%, respectivamente. A consequência de uma interação complexa alta entre os genótipos e os ambientes é a dificuldade de recomendação de genótipos comuns para cultivo nos dois ambientes avaliados. A diferença entre os genótipos foi mais acentuada no primeiro ambiente, considerado desfavorável, ou seja, no ambiente em que os genótipos obtiveram as menores médias para os componentes de produção. Já no segundo ambiente, considerado favorável, houve menor ou nenhuma diferença entre as linhagens. A característica M100 apresentou diferença estatística de apenas de uma linhagem em relação as demais. Já para as demais características não foi constatado diferença estatística entre as linhagens.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; adaptabilidade; safra de verão e de inverno.

INTERAÇÃO GENÓTIPOS × AMBIENTES DE CULTIVARES DE FEIJOEIRO COMUM SOB SISTEMA DA AGRICULTURA NATURAL

Guilherme Souza^{1*}; Yuri Daniel¹; Jamil Gomes¹; Maíra Silva¹; Marcela Martinez¹; Sakae Kinjo¹; Daniel Rocha²

¹Centro de Pesquisa Mokiti Okada – Fundação Mokiti Okada. ²Instituto Agronômico de Campinas. *guilherme.souza@cpmo.org.br

O Brasil apresenta ampla diversidade de variedades de feijão e preferência dos consumidores quanto aos tipos de grãos. A avaliação de cultivares de feijoeiro comum em sistema orgânico auxilia produtores na escolha de novas cultivares adaptadas a esse sistema de produção, potencializando sua produção e permitindo retorno econômico mesmo em pequena área. O objetivo do trabalho foi avaliar os efeitos da interação genótipos × ambientes no desempenho agronômico de variedades de feijoeiro comum oriundos da EMBRAPA Arroz e Feijão/GO, sob sistema da agricultura natural, em três épocas distintas. Os experimentos se desenvolveram em uma área de 400 m² no Centro de Pesquisa Mokiti Okada (Ipeúna/SP) nas épocas de seca 2015, inverno 2016 e águas 2016. As variedades testadas foram dos grupos comerciais: Carioca (BRS Ametista, BRS Estilo, BRS Notável, BRS Pontal e Pérola), Preto (BRS Campeiro, BRS Esteio e BRS Esplendor), Rajado (BRSMG Realce), Cranberry (BRS Executivo), Manteigão (Jalo Precoce), Mulatinho (BRS Marfim), Dark Red Kidney (BRS Embaixador) e Roxinho (BRS Pitanga). Avaliaram-se o número de vagens por planta, grãos por vagem, massa de 100 grãos e a produtividade (Kg ha⁻¹). O delineamento experimental adotado foi de blocos casualizados com quatro repetições com parcelas de 6 m². Para o teste de média utilizou-se Scott & Knott à 5 % de significância. As análises de variância individuais e conjunta foram efetuadas no programa Genes. As análises individuais revelaram efeitos significativos de tratamentos para os caracteres avaliados, exceto, produtividade na época de inverno. Já nas análises conjuntas revelaram efeitos significativos da interação G × A, em nível de 5 % de probabilidade, para todos os caracteres, demonstrando que as cultivares comportaram-se diferentemente de acordo com os ambientes. O material BRS Marfim apresentou 9,0 vagens por planta, se destacando dos demais genótipos. Na contagem de grãos por vagem os genótipos BRS Pontal, BRS Campeiro e BRS Esplendor se sobressaíram, apresentando média de 4,94, 4,59 e 4,82, respectivamente. Todos os cultivares avaliados apresentaram massa de 100 grãos dentro dos padrões normais de comercialização. Em termos de produtividade, o BRS Embaixador se destacou na época da seca (1.526,87 Kg ha⁻¹). Nas outras épocas não houve diferença significativa entre as cultivares. Conclui-se que os cultivares avaliadas têm potencial para serem cultivados no sistema da agricultura natural nos três ambientes.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; desempenho; orgânico

Agradecimentos: Korin Agropecuária Ltda.

INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE LINHAGENS DE SOJA ESPECIAIS PARA ALIMENTAÇÃO HUMANA

Ana Cristina Pinto Juhász^{1*}; Thiago Vilela Tristão²;

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais. ana.juhasz@epamig.br.

²Faculdades Associadas de Uberaba. thiago_vilela_tristao@hotmail.com

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) possui 40% de proteína e 20% de óleo, além de ser importante fonte de vitaminas e minerais. Para incentivar o seu consumo cultivares com características especiais para a alimentação humana, com tegumento uniforme, grãos maiores, boa palatabilidade e menor tempo de cocção, estão em desenvolvimento. Este trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho agronômico de linhagens de soja com características especiais, na safra 2015/2016, em dois ambientes, em fases avançadas do programa de melhoramento genético. Os experimentos foram instalados em dois ambientes: Uberaba e Patos de Minas, nas Fazendas Experimentais da EPAMIG, utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, com oito tratamentos (genótipos) e três repetições. Os dados coletados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, utilizando-se o sistema computacional Genes. Foram avaliadas as seguintes características: altura de plantas e de inserção de primeira vagem, ciclo, cor de tegumento e hilo, peso médio de 100 sementes e produtividade. A interação genótipo x ambiente foi significativa para o ciclo e a altura de plantas. Em Uberaba as plantas ficaram mais baixas em média 13 cm e completaram o ciclo em média 4,7 dias antes de Patos de Minas, sendo a precocidade preferida pelos agricultores. A altura de inserção da 1ª vagem não foi influenciada nem pelos genótipos e nem pelo ambiente, com média de 13,7 cm. Para peso de 100 sementes e produtividade, não houve interação significativa entre genótipos x ambientes, porém houve dentro de genótipos e de ambientes. Em Patos de Minas os genótipos produziram mais e com sementes maiores. A linhagem MGBR13-679002, de tegumento preto, se destacou para o programa de melhoramento para alimentação humana, sendo significativamente mais produtiva nos dois ambientes. A linhagem MGBR13-679006, de tegumento marrom, teve significativamente maior peso de 100 sementes nos dois ambientes e menor ciclo em Uberaba, características importantes para o programa de melhoramento. Não se recomenda o plantio da linhagem MGBR13-679007 em Patos de Minas, devido sua baixa produtividade; As linhagens MGBR13-679002, MGBR13-679006, MGBR13-679004 e MGBR13-680001 estão aptas a permanecerem no programa, e na próxima avaliação características tecnológicas, como palatabilidade e tempo de cozimento serão utilizadas para seleção da(s) linhagem(ns) a ser(em) lançada(s) como nova(s) cultivar(es).

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; características especiais.

Agradecimentos: À FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais) pelo apoio financeiro e bolsa concedida aos autores.

INTRODUÇÃO DO SUPER-CARÁTER "VOLUME DE PIPOCA EXPANDIDA" NA SELEÇÃO DE LINHAGENS DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA DA UENF

Gabrielle Sousa Mafra¹; Janeo Eustáquio de Almeida Filho¹; Guilherme Ferreira Pena¹; Messias Gonzaga Pereira¹; Samuel Henrique Kamphorst¹; Antônio Teixeira do Amaral Junior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro"; Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias; Campos dos Goytacazes-RJ; Brasil. gabrielle.smafra@yahoo.com.br

Em programas de melhoramento de milho-pipoca, o objetivo principal é a obtenção de genótipos que apresentem elevadas médias para as características de interesse aos produtores e consumidores, isto é, elevado rendimento de grãos (RG) e maior capacidade de expansão dos grãos (CE). Tais caracteres apresentam correlação genética negativa, dificultando ganhos simultâneos. A característica volume de pipoca expandida por hectare (VP), resultado do produto entre RG e CE, pode ser uma alternativa para obtenção de ganhos concomitantes em RG e CE. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para as principais características da cultura, bem como da nova característica VP. Para isto, avaliaram-se 16 linhagens (S_7) de milho-pipoca cultivadas em dois locais - Campos dos Goytacazes e Itaocara, respectivamente, regiões Norte e Noroeste Fluminense. O delineamento experimental utilizado foi blocos completos casualizados com quatro repetições por local. As características avaliadas foram: rendimento de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) (RG), capacidade de expansão dos grãos ($\text{mL}\cdot\text{g}^{-1}$) (CE) e volume de pipoca expandida por hectare ($\text{m}^3\cdot\text{ha}^{-1}$) (VP). As análises de variância foram realizadas considerando os efeitos de genótipos como aleatório e de ambientes, como fixo. Os parâmetros genéticos estimados foram: variância genotípica (σ^2_g); variância da interação genótipo x ambiente (σ^2_{ga}); variância residual (σ^2); herdabilidade média % (h^2); correlação intraclasses (CI); coeficiente de variação genético % (CV_g), e razão CV_g/CV_e . Os resultados indicam que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados. Os maiores valores de CV_g foram expressos por VP (36,64 %) e RG (24,83 %), indicando boas chances de sucesso na seleção, uma vez que a estimativa do parâmetro é diretamente proporcional à variância genética. Considerando as características anteriores, juntamente com CE, a razão CV_g/CV_e foi superior à unidade. Tal constatação é desejável no processo de seleção, pois a variação genética supera a ambiental. Os valores de h^2 foram elevados para VP (89,15 %) e RG (85,37 %), e mediano para CE (53,95 %). O coeficiente de correlação intraclasses (CI) foi estimado em 0,53; 0,50; e 0,42 para CE, VP e RG, respectivamente. Conclui-se que a característica VP é uma opção exequível para a seleção fidedigna de genótipos superiores, vez que reúne ganhos nas duas principais características (RG e CE) e com estimativas de magnitudes alvissareiras.

Palavras-chave: Parâmetros genéticos; seleção

Agradecimentos: CAPES e FAPERJ.

ISOLATES CHARACTERIZATION OF *Colletotrichum lindemuthianum* IN COMMON BEAN CROP IN PARANA STATE

Larissa Fernanda Sega Xavier¹; Juliana Parisotto Poletine^{1*}; Maria Celeste Gonçalves Vidigal¹; Maria da Conceição Martiniano de Souza²; Jaqueline Bezerra da Silva¹; Gustavo Buziquia Dartibale¹ and Gabriel Soares Eduardo¹

¹Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brazil. ²Instituto Agronômico de Pernambuco, Recife, PE, Brazil. *Corresponding Author: larissafsx@gmail.com.

Anthrachnose, caused by *Colletotrichum lindemuthianum* fungus, is one of the main diseases that occurs on common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crop, and may cause losses in grain yield as well as depreciation in grain quality. This pathogen shows high genetic variability, and so far have been identified more than 250 physiological races in the world. Paraná State outstands with the largest common bean production in Brazil, presenting the largest number of physiological races of this pathogen. So, the objective of this work was to characterize isolates of *C. lindemuthianum* from collections conducted in different regions of Paraná State. Pods samples with symptoms of anthracnose were collected in Paraná Counties: Bom Sucesso do Sul, Pato Branco, Vitorino, Lapa, Porto Amazonas, Campo Largo, Ponta Grossa, Castro, Pitanga, Corumbataí do Sul and Santa Mariana in 2015/2016 agricultural year. A total of 16 isolados of *C. lindemuthianum* was obtained through monosporic isolation process and evaluated according to the virulence in the set of 12 differential cultivars for anthracnose in common bean. Among 16 isolates characterized, it was identified 11 different races: 1, 9, 17, 25, 27, 72, 73, 81, 89, 95 and 339, proving the existence of high variability of the pathogen in Paraná State. Races 17, 25 and 89 were the most frequent. Races 1, 9, 72 and 73 showed compatibility only with Mesoamericans cultivars, while races 17, 25, 27, 81, 89, 95 and 339 presented compatibility with Mesoamerican and Andean cultivars. Therefore, all characterized races have Mesoamerican origin. In this way, the constant monitoring of *C. lindemuthianum* races in the main regions of common bean cultivation presents great importance to genetic improvement programs aiming to obtain resistant cultivars, being considered the most efficient method for the control of this disease.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L.; Anthracnose; Physiological races

Acknowledgments: L.F.S. Xavier received grants from Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (Capes).

MAPEAMENTO DE QTL ENVOLVIDO NA RESISTÊNCIA AO NEMATÓIDE DAS GALHAS EM ALFACE

Thaís Moreira de Carvalho dos Reis¹; Carla Ferreira de Lima, Luiz Antonio Augusto Gomes², Matheus de Souza Gomes, Terezinha Aparecida Teixeira¹;

¹Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas. ²Universidade Federal de Lavras. *Email do autor para correspondência: thaisiaht@hotmail.com¹;

A alface, pertencente a família Asterácia, é uma das hortaliças folhosas mais consumidas mundialmente, apresentando grande importância comercial. Um dos problemas que afeta seu cultivo é o nematóide das galhas (*Meloidogyne* spp.) que ao infectar o sistema radicular da *Lactuca sativa* diminui ou até mesmo impede que a planta absorva água e nutrientes. Uma das alternativas para controlar o *Meloidogyne* spp. é o uso de cultivares resistentes. Diante disso, tem-se como objetivo avançar nos estudos sobre marcadores moleculares para resistência ao nematoide em alface utilizando marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), afim de encontrar um possível marcador que possa ser utilizado com eficiência em programas de melhoramento. A cultivar Salinas 88, resistente ao nematoide das galhas, foi cruzada com a cultivar Colorado, que possui características exigidas pelo mercado consumidor. As folhas dos parentais (Salinas 88 e Colorado), F1 (Salinas 88 x Colorado) e F2 (Autofecundação F1) foram utilizadas para a extração do DNA, por meio do método CTBA com modificações. Para a obtenção dos marcadores AFLP inicialmente o material genético foi clivado com as enzimas de restrição EcoRI e MseI, posteriormente foi feita a ligação de adaptadores moleculares e amplificação com um par de *primer*, EcoRI-AGC e MseI- CTG. Os fragmentos amplificados foram separados em gel através de eletroforese em poliácridamida 6%. A partir das bandas polimórficas foi feita a análise estatística, construção do mapa de ligação e QTL. Foram obtidas seis marcas moleculares polimórficas entre os diferentes fenótipos analisados, que de acordo com teste de χ^2 verificou-se que a resistência a nemátoides é condicionada por dois locos gênicos. As bandas polimórficas foram utilizadas na construção do mapa de ligação, sendo que quatro se ligaram formando dois grupos de ligação - GL. Para a construção do mapa de ligação adotou-se o valor máximo de recombinação de 30% e o valor mínimo de *LOD score* igual a 3,0. Após formados os GL foi feito o estudo de QTL utilizando os GL formados. Para confirmar a escolha e estipular a distância dos marcadores da QTL, o método de máxima verossimilhança foi utilizado, onde apenas um dos GL gerados apresentou um QTL que atendesse aos parâmetros analisados, com distância de 3.5 cM do marcador. Como foi obtido apenas um QTL, torna-se necessário mais estudos com diferentes pares de *primers* o que permitirá a geração de mais marcas para os grupos de ligação, abrangendo maior parte do cromossomo.

Palavras-chave: *Lactuca sativa* L., *Meloidogyne* spp., AFLP.

MAPEAMENTO E DETECÇÃO DE QTL EM MANDIOCA

Iana Pedro da Silva Quadros¹; Marina Santos Carvalho²; Thiago de Souza Marçal¹; Eder Jorge de Oliveira³; Adésio Ferreira²; Marcia Flores da Silva Ferreira²

¹Universidade Federal de Viçosa. Universidade Federal do Espírito Santo². Embrapa Mandioca e Fruticultura³. *ianaquadros@gmail.com.

A mandioca é típica dos trópicos e fonte de segurança alimentar para mais de 600 milhões de pessoas, utilizada na alimentação humana e animal e na indústria, pela extração de amido e produção de biocombustível. O Brasil é o segundo país em produção, entretanto o incremento em produção é baixo para atender o crescente mercado. A compreensão da arquitetura genética de caracteres agronomicamente importantes é útil para delinear cruzamentos e possibilita a identificação de *loci* controladores de características quantitativas (QTL), no intuito de seleção assistida e clonagem de genes candidatos. Neste trabalho objetivou-se identificar, mapear e caracterizar QTL para as características de altura das plantas (AP), produtividade de parte aérea (PPA), produtividade total de raízes fresca (PTR), teor de matéria seca da raiz (MS) e produtividade de amido (PROD-AMD) de mandioca. Para isto foi utilizada uma população F₁ com 141 indivíduos, oriunda do cruzamento entre as cultivares Fécula Branca e BRS Formosa, mantida em delineamento em blocos, com duas repetições e 16 plantas por parcela para as análises fenotípicas. A genotipagem dos indivíduos foi realizada usando SNPs, microssatélites e minissatélites. O mapa foi construído com abordagem multiponto e a detecção dos QTL realizada por análise de contraste entre médias e intervalo, considerando os diferentes tipos de segregação do QTL. Variabilidade foi observada para todas as características e altas correlações fenotípicas, exceto para MS, com destaque para PTR e PROD-AMD (0,98), bem como alta herdabilidade para AP (74,29%). Também, segregação transgressiva foi detectada para todas as características, indicando complementariedade de alelos dos pais na progênie segregante. O mapa genético representou regiões dos 18 cromossomos da mandioca e foi composto por 283 marcadores em 32 grupos de ligação. Uma região do cromossomo 10 apresentou evidência de pleiotropia. Para AP, PPA e PROD-AMD um QTL comum foi identificado, bem como para PTR e PROD-AMD, três QTL comuns foram verificados. O MS apresentou QTL exclusivos. Estes resultados indicam o controle quantitativo das características estudadas, com QTL de grande e pequeno efeito detectados. Estes são úteis no melhoramento da cultura visando maior produtividade.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; mapa genético; marcadores moleculares

Agradecimentos: UFES, FAPES, CAPES, Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento da UFES, EMBRAPA Mandioca e Fruticultura.

MAPPING OF RESISTANCE LOCI IN SOYBEAN TO CYST NEMATODE RACE 1 WITH SSR MARKERS

Aline Snak¹; André Luiz da Silva²; Fabiane Lazzari³; Ivan Schuster³

¹Universidade Federal do Paraná. ²Instituto Federal do Paraná. ³Coodetec Desenvolvimento, Produção e Comercialização Agrícola Ltda. *E-mail do autor para correspondência: alinesnak@hotmail.com.

Glycine max is one of the most important oil crops grown in the world, mainly because it has high levels of protein, oil and high grain yield. In Brazil, the first report of soybean was dated in 1882 in the state of Bahia; later this crop was introduced in several other states, making Brazil stand out as the second largest producer of this grain, behind only the United States. The soybean cyst nematode (SCN - *Heterodera glycines* Ichinohe) is considered one of the main pests of the soybean crop. It is a compulsory parasite, characterized by the formation of cysts, passing through four juvenile stages. The first symptom of SCN infestation is the presence of chlorotic and less vigorous plants causing losses of up to 100% in productivity. The eradication of SCN is critical, and control is made based on strategies that include resistant cultivars and the integrated management of soybean, crop rotation, nematicides and biological control. The mechanism of resistance to NCS in soybean is a hypersensitivity reaction type, and the development of genetic maps is based on the correlation of the distance between two genes and the frequency of recombination among them. The objective of this study was to include new microsatellite markers on the previously obtained genetic map constructed using the RIL (Recombinant Inbred Lines) HY (cross between Hartwig and Y23) population; developed from the F₂ generation until the F₆ generation; in order to facilitate the mapping of QTLs of soybean resistance to SCN. The extracted DNA was amplified in PCR (polymerase chain reaction) and separated by electrophoresis in 7% polyacrylamide vertical denaturing gel. The obtained data were submitted to analysis in the GQmol program. Of the 155 microsatellite markers evaluated, 96 showed good amplification pattern; segregated in the proportion of 1:1, to be included in the RIL HY linkage map. This map currently consists of 23 linkage groups belonging to 16 chromosomes of the soybean consensus map, totaling 693.70 cM, and serves as a basis for future studies to identify resistance QTLs to SCN.

Key words: *Glycine max*; *Heterodera glycines* Ichinohe; Linkage map

MARCADORES DART-SEQ (IN SILICO E SNPS) NO ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO EM ACESSOS JAPONESES DE ARROZ

Vanessa Rizzi¹; Maisa Curtolo¹; João Paulo Gomes Viana²; Diane Simon Rozzetto¹; Maria Imaculada Zucchi³; José Baldin Pinheiro¹

¹Universidade de São Paulo; Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ); Genética; Piracicaba; São Paulo, Brasil. ²Universidade Estadual de Campinas; Instituto de Biologia; Programa de pós-graduação em Genética e Biologia Molecular; Campinas; São Paulo, Brasil. ³Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Polo Regional de Desenvolvimento Tecnológico do Centro Sul. Rodovia SP 127, km 30, Caixa postal 28, CEP 13400970. Piracicaba, SP, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: vanessarzz@usp.br; jbaldin@usp.br

O mapeamento por associação, também conhecido como mapeamento por desequilíbrio de ligação, é um dos principais métodos para relacionar genes e alelos às características de interesse, através da co-segregação de marcadores genéticos polimórficos com os genes envolvidos na variação das características em estudo. Este trabalho determinou a associação genômica de caracteres agronômicos relacionados a produção de grãos em 186 genótipos de arroz da subespécie japônica pertencentes ao Banco de Germoplasma de Arroz do Departamento de Genética da ESALQ/USP, os quais foram genotipados utilizando a tecnologia DArT-seq. O número de dias para florescimento (NDF), a altura da planta (AP), o comprimento da panícula (CP), produtividade de grãos (PG), a massa de mil grãos (MMG) e o ciclo (CICLO) foram considerados para o estudo. O mapeamento associativo foi realizado com base em 24266 marcadores silico DArTs e 1965 marcadores SNPs através do pacote GAPIT no software R. O desequilíbrio de ligação (DL) mostrou decaimento com o aumento da distância física. Observou-se um total de 113 associações significativas genótipo-fenótipo ($P < 0,001$) quando utilizado marcadores silico DArTs para as seis características analisadas e um total de 21 associações significativas genótipo-fenótipo ($P < 0,001$) quando utilizado marcadores SNPs para quatro características analisadas. As associações encontradas podem ser úteis para iniciar um programa de seleção assistida por marcadores (MAS) ou introgressão de características para aumento da base genética e para mapeamento fino de regiões de interesse.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; germoplasma; genotipagem

Agradecimentos: CNPq e CAPES

MELHORAMENTO DA SOJA PARA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES NA REGIÃO DO SUL DE MINAS GERAIS

Fiorita Faria Monteiro^{1*}; Adriano Teodoro Bruzi¹; Everton Vinicius Zambiazzi¹; Aline Kohn Carneiro¹; Alan Eduardo Seglin¹; Nelson Júnior Dias Vilela¹

¹Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor para correspondência: fififaria@hotmail.com.

A região do sul de Minas vem apresentando crescimento expressivo na cultura da soja, no entanto a região não é tradicionalmente produtora, o que faz com que as empresas de melhoramento genético não desenvolvam cultivares específicas para a região. Para o lançamento de cultivares de soja no mercado são necessários vários anos de pesquisa e avaliações em campo que visem não só a produtividade, mas também a qualidade fisiológica de sementes. Assim, objetivou-se com este trabalho selecionar progênies de soja adaptadas à região sul de Minas Gerais e que apresentem elevada qualidade fisiológica de sementes. Foram avaliadas 129 progênies $S_{0.1}$ e 13 genitores como testemunhas provenientes da safra de verão 2015/2016. As sementes após a colheita foram secas e homogeneizadas, utilizou-se um conjunto de peneiras de crivo circular para uniformização, adotando para os referidos testes as sementes retidas entre 6 e 6,5 mm. Foram avaliados os seguintes caracteres: porcentagem de germinação; porcentagem de emergência e o índice de velocidade de emergência. Foi realizada análise de variância considerando o delineamento inteiramente casualizados. A herdabilidade no sentido amplo obtida pelo teste de germinação foi de 0,54; para o percentual de emergência (PE) de 0,55 e para o índice de velocidade de emergência (IVE) de 0,58, as estimativas obtidas foram de média magnitude indicando influência de fatores ambientais na expressão destes caracteres. O ganho de seleção, sendo $i=30\%$, foi de 7,10%; 5,61%; 6,59%; para germinação, PE e IVE respectivamente. Em função das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, fica evidente a possibilidade de sucesso com a seleção de progênies de soja que apresentem boa qualidade fisiológica de sementes.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merr.; Seleção Recorrente; Genética Quantitativa

Agradecimentos: CAPES, UFLA, CNPq e FAPEMIG.

METODOLOGIA PARA ESPORULAÇÃO DE *Pseudocercospora griseola* in vitro

Paula F. de Pádua¹, Rafael Pereira¹, Luanna B. W. Gomes¹ e Elaine A. de Souza^{1*}

¹Universidade Federal de Lavras, 37200-000, Lavras, MG – Brasil, easouza@dbi.ufla.br

A mancha angular do feijoeiro, causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* se destaca como uma das principais doenças que acometem a cultura. A dificuldade na produção de conídios em laboratório é um dos principais fatores responsáveis por dificultar a avaliação de progênies e linhagens de feijoeiro em condições controladas. Assim, o objetivo deste estudo foi apresentar um novo protocolo para esporulação de *P. griseola* e comparar sua eficiência com outros métodos já descritos na literatura. Foram utilizados três protocolos diferentes para esporulação de *P. griseola*: uso de um novo meio de cultivo para a esporulação proposto nesse trabalho, o meio B.D.A. (batata-dextrose-ágar) e dois outros meios já utilizados, o meio de cultivo F.D.A (folha-dextrose-ágar); meio de cultivo V8. Para avaliação em meio de cultivo B.D.A. os isolados foram repicados para tubos de ensaio contendo aproximadamente 8 ml de meio e avaliados 12 dias após a inoculação. Para a avaliação utilizando os meios de folha (F.D.A.) e V8, os isolados foram primeiramente repicados para tubos contendo B.D.A. e após 15 dias, foi realizada a raspagem do micélio utilizando 5 ml de água destilada. Posteriormente, o micélio foi transferido para placas de *Petri* contendo os meios de folha e o meio V8 e avaliados 6 dias após a inoculação. As placas e os tubos permaneceram em incubadora (B.O.D.) na temperatura de 24°C até o momento das avaliações. A contagem dos esporos foi realizada em câmara de Neubauer®. Foram avaliados três isolados de *P. griseola*; raça 63-63(Psg-3), raça 63-23(Psg-3) e o isolado Psg-115. O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado (DIC) com 4 repetições e 9 tratamentos dispostos em esquema fatorial 3x3. A partir dos resultados obtidos na análise de variância, constatou-se diferença significativa para a fonte de variação isolados. Os meios de cultivo avaliados não apresentaram diferenças significativas entre si. Portanto, verifica-se que todos os protocolos de esporulação avaliados foram eficientes na produção de conídios inóculo. O protocolo para esporulação de *P. griseola* proposto no presente trabalho utiliza meio BDA em tubos de ensaio. Neste caso o tempo para produção de conídios a partir de um disco de micélio é de apenas 12 dias, ao contrário dos demais protocolos avaliados em que são necessários de 30 a 45 dias para produção do inóculo. Desta forma, a principal vantagem desse método é a utilização de apenas um meio de cultura, o que torna o processo mais rápido e prático.

Palavras-chave: Mancha angular; *Phaseolus vulgaris*; meios de cultivo

Agradecimentos: CNPQ, CAPES e FAPEMIG.

METODOLOGIAS DE ANÁLISES DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE GENOTÍPICA NA CULTURA DA SOJA

Robson Fernando Missio¹; Pedro Garcia da Silva Júnior²; Felipe Gustavo Wagner²; Fabio Junior Golnik Zambiasi²

¹Professor do Departamento de Ciências Agronômicas – UFPR – Setor Palotina/Palotina-PR/Brasil. ²Graduando em Agronomia – UFPR – Setor Palotina/Palotina-PR/Brasil. E-mail do autor para correspondência: rmissio@ufpr.br.

A cultura da soja desempenha um papel importante no cenário agrícola brasileiro, sendo responsável por cerca de 40% da produção de grãos no Brasil e 27% na produção mundial. Com isso, há uma busca cada vez maior por cultivares adaptadas e que expressem todo seu potencial genético, visando uma maior produtividade por área e conseqüentemente, uma maior rentabilidade. O trabalho teve como objetivo avaliar duas metodologias de estudo da adaptabilidade e estabilidade genotípica de cultivares de soja transgênica na região Oeste do Paraná. Desse modo, foi realizado um experimento a campo seguindo delineamento experimental de blocos casualizados, com três repetições, arranjos no esquema fatorial (cultivares x épocas), com parcelas de 3,6 m² de área útil. Neste trabalho foram avaliados sete ambientes diferentes (considerados como épocas de plantio) sendo: duas épocas nas safras de 2013/14, três épocas em 2014/15 e duas épocas em 2015/16. Os cultivares avaliados foram: TMG 7262 RR; TMG 7363 RR; TMG 1264 RR; TMG 2158 IPRO; TMG 7060 IPRO; TMG 7062 IPRO e NA 5909 RR. Foram avaliadas a produtividade (Kg ha⁻¹) de cada cultivar nos diferentes ambientes. Para o estudo da estabilidade e adaptabilidade genotípica foram utilizadas as metodologias de Eberhart & Russell e MHPRVG: Método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos preditos, sendo utilizados os softwares Genes e Selegen, respectivamente. Com base na metodologia de Eberhart & Russell, as cultivares TMG 7062 IPRO, NA 5909 RR e TMG 7060 IPRO apresentaram-se estáveis e adaptadas para serem cultivadas no oeste do Paraná. Pela metodologia MHPRVG, as cultivares TMG 7062 IPRO, TMG 1264 RR e NA 5909 RR apresentaram os melhores resultados. Com base na convergência dos resultados obtidos das metodologias de Eberhart & Russell e MHPRVG, as melhores cultivares para adaptabilidade e estabilidade para o oeste do Paraná são: TMG 7062 IPRO e NA 5909 RR.

Palavras-chave: MHPRVG; soja; produção.

Agradecimentos: À Fundação Araucária e a Empresa Tropical Melhoramento e Genética.

MODELAGEM DO ACÚMULO DE SÓLIDOS SOLÚVEIS NO COLMO de genótipos de sorgo sacarino

Mayra Luiza Costa Moura¹; José Airton Rodrigues Nunes²; Jales Mendes Oliveira Fonseca³; Yasmin Vasques Berchembrock⁴; Francielly de Cássia Pereira⁴; Rafael Augusto da Costa Parrela⁵

¹Graduanda em Agronomia – UFLA/Lavras – MG/Brasil. ²Professor Adjunto do Departamento de Biologia – UFLA/Lavras – MG/Brasil. ³Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas- UFLA/ Lavras – MG/ Brasil; ⁴Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas- UFLA/ Lavras – MG/ Brasil. ⁵Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo – EMBRAPA/Sete Lagoas – MG/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: mayraluizacm@hotmail.com.

O sorgo sacarino (*Sorghum bicolor*) apresenta-se como uma das opções para complementação de matéria-prima para a produção de etanol, especialmente na entressafra da cana-de-açúcar. O conhecimento acerca da curva de maturação de genótipos é indispensável para a determinação do período de colheita e planejamento industrial. O objetivo deste trabalho foi descrever por meio de modelos de regressão linear e não-linear o acúmulo de sólidos solúveis totais no colmo de genótipos de sorgo sacarino em função de diferentes épocas de corte. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária, Fazenda Muquém. Foram avaliados oito genótipos em oito épocas de corte [93, 100, 107, 114, 121, 128, 136 e 142 dias após a semeadura (DAS)]. Os genótipos foram dispostos em faixas de oito linhas de 5,0m, espaçadas de 0,60m. Cada parcela foi constituída por uma linha de 5,0m. Os dados do teor de sólidos solúveis totais (SST, °Brix) foi submetido a análise de variância. As médias dos genótipos foram comparadas pelo teste de Student-Newman-Keuls e o efeito da época descrito via modelo de regressão polinomial de segundo grau e logístico. Houve diferença entre os genótipos quanto ao teor de SST, com valores médios variando de 14°brix a 16,12°brix. O efeito da época foi expressivo sobre o teor de SST, com mínimo de 10,7°brix (93 DAS) e máximo de 17,1°brix (142 DAS). Os modelos de regressão quadrático e logístico descreveram adequadamente a resposta média dos genótipos em função da época de corte, com coeficiente de determinação acima de 90%. Os dois modelos não diferiram em capacidade preditiva, contudo o modelo logístico se mostrou mais vantajoso pela interpretabilidade das estimativas dos parâmetros em consonância com a fisiologia da planta. A taxa de acúmulo de SST no colmo em sorgo sacarino é mais acentuada no período inicial após o florescimento, porém esta taxa decai à medida que se aproxima do teor máximo acumulável de SST.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; regressão; curva de maturação

Agradecimentos: FAPEMIG, CNPq, CAPES.

MODELO PREDITOR DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS PARA HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO EM FUNÇÃO DO NÍVEL DE DESFOLHA

Tiago Corazza da Rosa^{1*}; Ivan Ricardo Carvalho¹; Alan Junior de Pelegrin¹;
Adriel Uliana¹; Velci Queiróz de Souza²; Antonio Costa de Oliveira¹; Luciano
Carlos da Maia¹

¹Universidade Federal de Pelotas, Centro de Genômica e Fitomelhoramento.

²Universidade Federal do Pampa.*tiagocorazza@live.com

A identificação dos caracteres determinantes para o rendimento de grãos é de suma importância para o melhoramento genético do milho. Situações de estresse abiótico ou biótico que venham a reduzir a área foliar, associado à fase do ciclo fenológico em que ocorre, podem modificar a dinâmica dos caracteres responsáveis pelo rendimento de grãos. O objetivo deste trabalho foi predizer quais caracteres são determinantes para o rendimento de grãos dos híbridos simples de milho submetidos a diferentes níveis de desfolha. O experimento foi conduzido nas safras 2010/2011 e 2011/2012 em Frederico Westphalen – RS, com delineamento experimental de blocos completos casualizados, em esquema fatorial 2 (safras agrícolas) 3 (híbridos simples de milho: DKB240, P30F53H e DKB250) e 10 (níveis de desfolha artificial), dispostos em três repetições. Os níveis de desfolha foram: ausência de desfolha (AD); desfolha total no estádio V₅ (DV5); desfolha total no estádio V₆ (DV6); desfolha total no estádio V₇ (DV7); desfolha total no estádio V₈ (DV8); desfolha total antecedendo a emissão do pendão (DT); desfolha deixando apenas uma folha abaixo do pendão (FAP); desfolha deixando apenas uma folha acima da espiga (FACES); desfolha deixando apenas uma folha abaixo da espiga (FAES); desfolha deixando apenas uma folha abaixo do pendão e uma folha abaixo da espiga (FAP+AES). Mensurou-se a altura de planta (AP); altura de inserção da espiga (IE); comprimento da espiga (CE); diâmetro da espiga (DE); massa da espiga (ME); massa do sabugo (MS); diâmetro do sabugo (DS); número de fileiras de grãos da espiga (NFG); número de grãos por fileira (NGF); massa de grãos por espiga (MGE); massa de mil grãos (MMG); rendimento de grãos (RG) e prolificidade (PRO). O procedimento de regressão múltipla por *stepwise* foi realizada para identificar quais caracteres foram determinantes para o rendimento de grãos (caráter dependente). Esta análise resultou em um modelo significativo para cada nível de desfolha, no qual foram observadas respostas diferenciadas, onde os caracteres determinantes para cada nível de desfolha foram:

AD= -CE, +MGE; DV5: +MGE, -MS; DV6: +CE, -ME, +MGE, +DS, -MS; DV7: +AP, +MGE, -MS; DV8: +ME, -DS, -MMG; DT: +CE, +NFG, -MGE, -MS; FAP: +NFG, +MMG; FACES: +NFG, -DS, +MMG; FAES: -DS; FAPAES: +PRO, -NFG. As equações geradas apresentam-se eficientes para a predição do rendimento de grãos diante da redução de área foliar, identificando quais caracteres são determinantes para o caráter dependente em cada nível.

Palavras-chave: Stepwise; predição; melhoramento

MULTI-TRAIT BLUP FOR SIMULTANEOUS SELECTION OF YIELD AND EARLINESS IN TROPICAL MAIZE LINES

Leandro F. Mendonça¹; Roberto Fritsche-Neto¹; Ítalo S. C. Granato¹; Filipe C. Alves¹

¹Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz, 13418-900, Piracicaba, SP, Brasil, *E-mail: lfmendonca@usp.br

Maize of second season is sown between January and March in Brazil, after harvest of summer crops. Although the unfavorable weather conditions, many farmers are successful, and second planting maize has become an important crop. The sowing of early hybrids is a strategy to reduce the effects of stress on yield. However, low yields may result from earliness. Thus, the objectives of this study were to investigate tropical maize lines for the possibility of simultaneous selection for yield and earliness and to compare the differences among the simultaneous selection methods. Therefore, 64 lines were evaluated in two locations for grain yield, days to female flowering and grain moisture at harvest. The genotypic values for these traits were predicted using Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor (REML/BLUP) single-trait (univariate) and multi-trait (multivariate) methods. Using three simultaneous selection methods (Additive index, Mulamba-Mock index, and Independent culling levels) with two methods of prediction for genotypic values (single-trait and multi-trait), six simultaneous selection scenarios were considered and then compared via selection gains and accuracy. Because of the weak correlation between these traits, the predictions of genotypic values were similar for single-trait and multi-trait methods. Thus, the single-trait analysis should be prioritized because of its practicality, faster and showed an easier convergence of variance components. The Additive index obtained the highest selection gain for grain yield and simultaneously achieved considerable gains for days to female flowering and grain moisture at harvest. Therefore, the Additive index, using the single-trait prediction method, is the best simultaneous selection method for yield and earliness in tropical maize lines.

Keywords: Correlation; Mixed models; Second season maize

Acknowledgments: Foundation for Research Support of São Paulo State – FAPESP (Process FAPESP n°. 2014/23635-4), the Brazilian Federal Agency for Support and Evaluation of Graduate Education (CAPES) and the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) for financial support.

MULTI-TRAIT GENOMIC PREDICTION FOR NITROGEN RESPONSE INDICES IN TROPICAL MAIZE HYBRIDS

Danilo Hottis Lyra^{1*}; Leandro de Freitas Mendonça¹; Giovanni Galli¹; Filipe Couto Alves¹; Ítalo Stefanine Correia Granato¹; Roberto Fritsche-Neto¹

¹University of São Paulo, Luiz de Queiroz College of Agriculture, Department of Genetics, Piracicaba, São Paulo, Brazil. *E-mail: dnalyra@gmail.com

In maize breeding, genomic prediction may be an efficient tool for selecting single-crosses evaluated under abiotic stress conditions. Besides it, a promising strategy is applying multiple-trait genomic prediction using selection indices (SIs), increasing genetics gains and reducing the time per cycles. In this study, we aimed (i) to compare accuracy of single- and multi-trait genomic prediction (STGP; MTGP), (ii) to evaluate prediction of four selection indices that could contribute to the selection of tropical maize hybrids under contrasting nitrogen conditions and (iii) to compare the use of linear (GBLUP) and nonlinear (RKHS/GK) kernels in STGP and MTGP analyses. It was used 738 maize single-crosses in the experimental trial carried out in Anhembi and Piracicaba Counties, São Paulo State, during the second growing season of 2016. The BLUPs of grain yield of each hybrid under low (GYLN, ton ha⁻¹) and normal N (GYNN, ton ha⁻¹) condition were used to estimate selection indices N-agronomic efficiency (NAE), low-N tolerance index (LNTI), low-N agronomic efficiency (LNAE) and harmonic mean (HM). Variance components estimation was performed by REML, and the GEBV for genotypes was obtained by GBLUP, RKHS, and GK models. Prediction accuracy was evaluated using independent validation with fifty repetitions. The marker matrix was composed by 147K SNPs. It was observed an increase of prediction accuracies for a target trait with relatively low heritability when a genetically correlated trait with higher heritability was considered within the multi-trait GBLUP and GK models. The more predictable index was HM, where for either single-trait GBLUP or RKHS analyses, accuracy values were 0.40 and 0.41, respectively. From multi-trait GBLUP and GK, using the combination of selection indices in MTGP seems to be suitable, increasing accuracy. In general, there was a modest benefit from using single-trait RKHS and GK multi-trait, rather than GBLUP.

Keywords: nitrogen stress; gaussian kernel; genomic best linear unbiased prediction.

Funding: CNPq, CAPES, FAPESP (Process: 2013/24135-2; 2014/26326-2; 2015/14376-8).

NITROGEN USE EFFICIENCY IN OPEN-POLLINATED VARIETIES OF MAIZE

Camila Baptista do Amaral¹; Élcio Hissagy Samecima Júnior¹; Gustavo Vitti Mõro¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP. * E-mail for correspondence: camila.agro07@gmail.com.

Nitrogen (N) is the most absorbed nutrient by the maize (*Zea mays*), and N fertilizer application can significantly increase grain yield. Due to grain yield increase, high N doses are used in experiments in order to select superior maize cultivars, which leads to genotypes that are highly responsive, but not necessarily efficient in N use. Therefore, the aim of this study was to evaluate the N use efficiency of open-pollinated varieties of maize. The experiment was conducted at Jaboticabal, São Paulo, Brazil, and the experimental design used was randomized block, with six treatments and five replications, arranged in a factorial design of 3 x 2 (three varieties and two N levels). The three open-pollinated varieties were represented by two experimental varieties, called A and B, and one control (AL Avaré), and the N levels applied were 100 and 400 mg dm⁻³, representing low and high N levels, respectively. The plots were represented by two pots of 10 L, containing 4 plants each. The plants were harvested at the phenological stage of V₆ (six leaves fully expanded). The traits evaluated were dry mass of the aerial part and of the root, as well the total N content. The total dry mass produced per unit of N applied was also calculated. Nitrogen did not affect dry mass of the root. The dry mass of aerial part was 54% higher under high N level, while total N content was 176% higher in the same conditions. Under high N, the varieties produced, on average, 22 g of total dry mass per unit of N applied, while under low N they produced 69 g of dry mass. Variety 13 accumulated the highest amount of dry mass in the aerial part, a total of 52 g, while varieties 5 and Avaré did not differ, producing an average of 44 g. The varieties did not differ for dry mass of the root, N content or total dry mass per unit of N. There was significant interaction between N level x variety only for dry mass of the root and total dry mass per unit of N. Avaré showed decrease of dry mass of the root under low N level, and the higher value was observed for variety 5 under low N level, followed by variety 13 and Avaré. Under high N level, Avaré presented the highest amount of dry mass of the root, followed by variety 5 and 13. The total dry mass produced per unit of N was higher for the varieties 5 and 13 under low N, followed by Avaré under low N, and the varieties did not differ under high N. It can be concluded that variety 5 and 13 are more N-use efficient than the control Avaré in accumulating total dry mass.

Key-words: *Zea mays*; nitrogen fertilization; dry mass accumulation.

Acknowledgements: We thank CAPES for the scholarship to the first author and FCAV for the support.

NUEVA ESCOBA BLANCA, VARIEDAD DE SÉSAMO DISPONIBLE PARA LOS PEQUEÑOS PRODUCTORES DE PARAGUAY

Rosa María Oviedo de Cristaldo^{1*}; Líder Ayala²; Hugo Rabery²; Marcela Ayala Benítez²; Diego González Espínola²

¹Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. *rosa.cristaldo@gmail.com. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay.

El cultivo del sésamo (*Sesamum indicum* L.) en Paraguay es realizado mayoritariamente por productores rurales con superficies de cultivo que no superan 2 ha. Es un cultivo importante en zonas menos desarrolladas del país y el principal ingreso de cerca de 40.000 familias. El sésamo paraguayo ha conquistado mercados debido fundamentalmente a la calidad y el sabor del grano. La variedad más difundida llamada Escoba y popularmente conocida como Escoba Blanca, reúne dichas características. Fue introducida a mediados de la década del 90 y constituye una mezcla de líneas puras. En los últimos años la variedad fue tornándose muy susceptible a enfermedades con la consiguiente disminución de los rendimientos y la calidad del grano. El objetivo del trabajo fue seleccionar dentro de la variedad Escoba genotipos más resistentes a enfermedades, pero que conservaran el sabor y color de los granos, características requeridas por los mercados y que garantizan los precios de sésamo de tipo confitero otorgados al sésamo paraguayo. Fueron seleccionadas plantas individuales dentro de una población de la variedad Escoba. Se realizaron tres ciclos de selección, en cada ciclo las semillas provenientes de plantas individuales fueron sembradas en hileras manteniendo la identidad de las plantas. Dentro de las hileras también fueron seleccionadas plantas cuando ello fue necesario. Al final de los ciclos de selección se identificaron cuatro líneas que mantenían las características de la variedad Escoba pero con mejor resistencia a virosis y a patógenos del suelo, principales enfermedades que afectan al cultivo. Estas líneas fueron cosechadas en forma masal y durante dos ciclos más fue realizada selección negativa, eliminando plantas fuera de tipo. Una vez depurado el material fueron multiplicadas las semillas y se realizaron los ensayos para protección y registro. La variedad Nueva Escoba Blanca, es una variedad ramificada, con ciclo de 120 días, de porte alto, granos de color blanco, con moderada resistencia a la virosis y a los hongos del suelo y rendimientos promedios de 1.000 kg ha⁻¹. Conserva además el sabor de la variedad de la cual deriva. Fue inscrita en el Registro Nacional de Cultivares Protegidos en Noviembre de 2016 y actualmente se encuentra en fase de multiplicación de semillas para su comercialización.

Palavras-chave: Sésamo; variedad; selección

Agradecimientos: Agencia Internacional de Cooperación del Japón (JICA)

O ESCURECIMENTO DE GRÃOS EM FEIJOEIRO-COMUM COM DIFERENTES ORIGENS É CONTROLADO PELO MESMO GENE?

Ludivina L. Rodrigues^{1*}; Mário H. R. M. Torres¹; Leonardo C. Melo²; Thiago L. P. O. Souza²; Helton S. Pereira^{2,3}.

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. ³Orientador.
*ludivinalrodrigues@gmail.com

O escurecimento dos grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) gera perda no valor comercial do produto e é controlado por um gene com dominância do alelo que confere o escurecimento normal (EN), nos genótipos 1533-15, de grãos do tipo “pinto” e BRSMG Madrepérola, de grãos carioca. Entretanto, não se sabe se o gene responsável pelo escurecimento lento (EL) desses dois genótipos é o mesmo, visto que eles têm origens diferentes. O objetivo deste trabalho foi verificar se os genes que controlam o escurecimento dos grãos nos genótipos BRSMG Madrepérola e 1533-15 são ou não diferentes. Foram realizados cruzamentos e obtidas às gerações F₁ e F₂, em telado. As plantas da geração F₁ foram checadas com marcadores microssatélites contrastantes entre os genitores para garantir a estrutura adequada da geração F₂. Como o escurecimento é expresso no tegumento, que é um tecido materno, a determinação do fenótipo das plantas F₂ requer fenotipagem das sementes na geração F_{2:3}. Foram obtidas seis sementes F₁, sendo confirmada a natureza híbrida de todas elas. A população F₂ foi formada por 67 progênies, nas quais foi avaliado o escurecimento dos grãos colhidos. Após a colheita, as sementes de cada progênie F₂ foi armazenada em embalagens plásticas transparentes, nas condições de temperatura e umidade ambiente, em um galpão. A avaliação do escurecimento foi realizada aos 45, 90 e 130 dias pós-colheita, por meio de uma escala de notas variando de 1 a 5. As progênies com notas menores que 3 foram consideradas como de EL, e as que obtiveram notas maiores ou iguais a 3 foram consideradas de EN. Os genitores e todas as progênies F₂ receberam nota 1 aos 45 dias de armazenamento e nota 2 aos 130 dias. A ausência de segregação em geração F₂ indica que o gene que controla o escurecimento nos dois genótipos é o mesmo. Para confirmação, os dados foram analisados por testes de X² e componentes de variância. Na análise de X², os dados não se adequaram ao modelo monogênico de segregação mendeliana (3:1) e também a modelos de interações gênicas epistáticas com dois genes (15:1; 9:7; 13:3). A variância genética estimada na população F₂ foi estatisticamente igual a zero. Considerando a variabilidade genotípica da população F₂, o número mínimo de genes estatisticamente estimado foi zero. Assim, o gene responsável pelo escurecimento dos grãos é o mesmo nos genótipos com grãos carioca e “pinto”.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; controle genético.

ORS 1403 CULTIVAR DE TRIGO PÃO E ALTA SANIDADE FOLIAR

Rodrigo Oliboni¹; Amarilis Labes Barcellos², Ottoni Sousa Rosa², Rafael Nornberg²

¹Eng. Agr. Pesquisador da OR Melhoramento de Sementes Ltda. Passo Fundo/RS, Doutorando em Genética, Biotecnologia e Melhoramento Vegetal, PPG Fitotecnia, UFRGS, Porto Alegre/RS, e-mail: rodrigo@orsementes.com.br

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos três cereais mais cultivados no mundo. No Brasil foram cultivados em 2016, aproximadamente 2,45 milhões de hectares e uma produção de 6,726 milhões de toneladas. Oscilações no rendimento e na qualidade tecnológica são constantemente observadas nas principais regiões tritícolas brasileiras, devido à instabilidade climática, não realização de rotação de culturas e ocorrência severa de patógenos. O uso de cultivares resistentes é a medida preferencial no controle de doenças. A cultivar ORS 1403, com número 33365 no Registro Nacional de Cultivares, foi originada do cruzamento INIA Tijereta/Alcover//Abalone realizado pela OR Melhoramento de Sementes no verão de 2004/2005. As sementes F₁ foram semeadas em 2005 em telado em Passo Fundo, resultando sementes F₂, sendo estas semeadas em campo, no ano de 2006 em Coxilha/RS, e selecionadas plantas pelo método genealógico. Os mesmos procedimentos em campo foram adotados para as gerações F₃ e F₅ nos anos de 2007 e 2008, enquanto que as gerações F₄ e F₆ foram avançadas em telado, sem seleção, no verão de 2006/2007 e 2007/2008. A geração F₇, semeada em campo no inverno de 2009, foi colhida em massa, dando origem à linhagem ORL 090470 com a genealogia N-34422-L-3U-6U-0T-2U-0T-0. Os Ensaio de VCU foram conduzidos sob delineamento em blocos completamente casualizados com quatro repetições, em parcelas de sete linhas espaçadas 0,17m e quatro metros de comprimento. Os ensaios foram conduzidos nas regiões homogêneas de adaptação tritícolas do Rio Grande do Sul 1 e 2, Santa Catarina 1 e 2, Paraná 1, 2, 3 e São Paulo 2 nos anos de 2012 a 2016. Os rendimentos médios obtidos foram superiores às duas melhores testemunhas em 7,7%, 8,2%, 5,7%, 10% e 13,8% respectivamente, na região do Rio Grande do Sul 2, Santa Catarina 1 e 2 e Paraná 1 e 2 e os rendimentos médios de 4749 kg.ha⁻¹, 4135 kg.ha⁻¹, 4950 kg.ha⁻¹, 6060 kg.ha⁻¹ e 4356 kg.ha⁻¹. Em relação às doenças que ocorreram nas regiões e anos de avaliação, a cultivar ORS 1403 apresentou moderada resistência para *Drechslera tritici-repentis*, resistência durável de planta adulta a *Puccinia triticina*, resistência a *Blumeria graminis* f.sp *tritici*, moderada suscetibilidade para o VMCT e moderada resistência para *Gibberella zeae*. A cultivar ORS 1403 apresenta alto teor de glúten, variando os valores alveográficos (W) de 257 a 411 x 10⁻⁴J e relação P/L de 0,91 a 1,86. Os valores de Estabilidade variaram de 8,7 a 18,8 minutos, enquanto o valor médio do Número de Queda é de 332. Assim, ORS 1403 é classificada como Trigo Pão.

Palavras-chave: rendimento de grãos; sanidade foliar; Trigo Pão.

PARÂMETROS GENÉTICOS DA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE MILHO CRIOULO

Annanda Mendes Costa¹; Natália Penzo Barcelos²; Hugo Tiago Ribeiro Amaro³; João Lucas da Costa Santos de Almeida⁴, Rodrigo de Sousa Chiquito.⁵

^{1 2 4 5} Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul – *campus* Ponta Porã, MS.

³Universidade Estadual de Montes Claros – *campus* Paracatu, MG.
*annanda.costa@ifms.edu.br.

O milho é um cereal de grande importância econômica e social no país. Há uma ampla variabilidade genética no seu germoplasma. Dentre os materiais disponíveis, têm-se as variedades crioulas, que são variedades desenvolvidas, adaptadas ou produzidas por agricultores familiares, assentados da reforma agrária ou indígenas, com características fenotípicas bem determinadas e reconhecidas pelas respectivas comunidades. As sementes dessas variedades são multiplicadas e distribuídas por banco de sementes e entre os agricultores, além disso, podem ser armazenadas e utilizadas nas próximas safras. Portanto é necessário ter sementes de boa qualidade para garantir uma boa produção da lavoura e a continuidade do cultivo das mesmas. Assim, estudos que visam o controle genético dos caracteres relacionados à qualidade fisiológica de sementes podem contribuir com a seleção de genótipos que possuem sementes com qualidade superior. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos relacionados à qualidade fisiológica de sementes de genótipos de milho crioulo. Foram avaliadas sementes de 3 genótipos de milho crioulo (Milho Branco, Milho Asteca e Milho Roxo) oriundos do Programa Banco de Sementes Crioulas do Mato Grosso do Sul do Ministério da Agricultura. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com 4 repetições. Para avaliação da qualidade fisiológica das sementes, foram analisadas as seguintes variáveis: massa de 100 sementes, índice de velocidade de emergência (IVE) emergência de plântulas em leito de areia e condutividade elétrica. Os parâmetros genéticos estimados foram componente quadrático genotípico, coeficiente de determinação genotípico e coeficiente de variação genético. As estimativas dos parâmetros genéticos: componente quadrático genotípico, coeficiente de determinação genotípico e coeficiente de variação genético, foram respectivamente: (9.46; 99.08% e 9.70%) para peso de 100 sementes e (2.51, 80.47% e 18.40%) para condutividade elétrica. Não existe variabilidade entre os genótipos de milho crioulo para os caracteres emergência de plântulas e índice de velocidade de emergência (IVE). De acordo com os resultados, é viável a seleção fenotípica utilizando os caracteres massa de 100 sementes e condutividade elétrica.

Palavras-chave: *Zea mays*; sementes; variabilidade.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Instituto Federal de Mato Grosso do Sul e ao *Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*.

PARÂMETROS GENÉTICOS DE ACESSOS ELITE DE CEVADA SOB IRRIGAÇÃO EM AVALIAÇÃO LOCAL E TEMPORAL

Ricardo Meneses Sayd¹; Renato Fernando Amabile²; Fábio Gelape Faleiro²; Felipe Augusto Alves Brige¹; Carlos Henrique Patriota Moura³; Pedro Ivo Leite Sala¹

¹Universidade de Brasília – Brasília/DF. ²Embrapa Cerrados - Planaltina/DF. ³União Pioneira da Integração Social - Planaltina/DF. E-mail do autor para correspondência: ricardo_sayd@hotmail.com

A seleção de genótipos em diferentes locais é uma estratégia para obtenção de genótipos mais estáveis e adaptados à determinadas regiões. A cevada (*Hordeum vulgare* L.) com viés cervejeiro sofre forte influência ambiental em seus principais caracteres de qualidade de malte, assim com em características agronômicas como rendimento de grãos, acamamento e altura de plantas. Na busca por genótipos mais competitivos, para fomentar a demanda de cevada na região do Cerrado, estudos de parâmetros genéticos em diversos anos e locais tornam-se importantes no intuito de auxiliar o programa de melhoramento de cevada. Dessa maneira, este trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos de 15 genótipos de cevada previamente selecionados com base na produtividade em sistema de produção irrigado no Cerrado em dois anos e em dois locais. Os experimentos foram realizados em 2014 e 2015 nos campos experimentais da Embrapa Cerrados (CPAC) e Embrapa Produtos e Mercado (SPM) no Distrito Federal. Utilizou-se o delineamento experimental de Blocos ao Acaso com quatro repetições, sendo cada parcela formada por seis linhas de cinco metros e 20 cm entre si. As seguintes características agronômicas foram avaliadas: rendimento estimado de grãos, classificação comercial de primeira, segunda e terceira classe, peso de mil sementes, altura de plantas, acamamento e ciclo de espigamento. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 1% de significância. Foram obtidas as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais com a ajuda do programa Genes. Observaram-se diferenças significativas entre os ambientes e acessos para todas as características avaliadas, além da interação genótipo x ambiente significativa, demonstrando a importância da seleção em diversos ambientes. Há possibilidade de se obter ganhos genéticos devido aos parâmetros genéticos (herdabilidade, CVe e CVr) que também evidenciaram a precisão e acurácia experimental. Diferentes genótipos destacaram-se em cada ambiente. No entanto, os genótipos CEV 08, CEV 398 e CEV 417 mostraram-se mais estáveis destacando-se dos demais em mais de um ambiente principalmente em relação às características agronômicas: rendimento de grãos, classificação comercial de primeira e acamamento.

Palavras-chave: recursos genéticos; melhoramento; *Hordeum vulgare* L.

Agradecimentos: Capes e Embrapa Cerrados.

PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS DE PROGÊNIES F_{2:3} DE TOMATEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA A MURCHA BACTERIANA

Bianca Galúcio Pereira Araújo¹; Kleyton Danilo da Silva Costa²; Ana Maria Maciel dos Santos³; Maxwel Rodrigues Nascimento⁴; Rayonay Souza Rodrigues de Lima⁵; Gustavo Henrique Veloso de Barros Xavier⁶; José Luiz Sandes de Carvalho Filho⁷.

¹Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste (CETENE) - bianca.araujo@cetene.gov.br.* ²Instituto Federal de Alagoas - kd.agro@gmail.com. ³Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) – agrom1960@yahoo.com.br. ⁴Universidade Estadual do Norte Fluminense – maxwel.rn88@gmail.com. ⁵UFRPE – rayonaysouza@gmail.com. ⁶UFRPE – gustavoveloso1294@gmail.com. ⁷UFRPE - joseluiz.ufrpe@yahoo.com.br.

O tomateiro é uma hortaliça de grande importância socioeconômica para o Brasil. Durante seu ciclo fenológico a planta sofre estresse por fatores bióticos, dentre eles as várias bacterioses, onde merecem destaque *Ralstonia pseudosolanacearum*. Assim, o objetivo do trabalho foi estudar os parâmetros genéticos de 43 famílias F_{2:3} de tomateiro quanto a resistência à *Ralstonia pseudosolanacearum*. As famílias foram obtidas a partir do cruzamento entre as cultivares Yoshimatsu (resistente) e IPA-7 (susceptível). O experimento foi conduzido em casa de vegetação da Universidade Federal Rural de Pernambuco, no delineamento em blocos casualizados com 45 tratamentos, representados por 43 famílias F_{2:3}, e seus respectivos genitores (Yoshimatsu e IPA-7), em quatro repetições, totalizando 180 parcelas. Cada unidade experimental foi composta por 4 plantas. Foram avaliadas a incidência de murcha bacteriana por meio de escala de notas de 1 a 5, adaptada de Nielsen e Haynes (1960), em que: 1= ausência de sintomas, 2= plantas com até 1/3 das folhas murchas, 3= plantas com até 2/3 das folhas murchas, 4= plantas totalmente murchas e 5= plantas mortas. A avaliação foi realizada aos 10 e 20 dias após a inoculação. Apesar de existir variabilidade suficiente para permitir o melhoramento aos 10 e 20 dias após a inoculação, de maneira geral, observou-se maiores valores dos parâmetros estimados com maior tempo de avaliação, o que pode ser explicado pelo maior tempo para manifestação da doença. Esta observação pode ser vista por meio da maior média aos 20 dias (2,6166) que aos 10 dias (1,3930) e também pelos maiores valores estimados de variâncias fenotípicas total (1,4193), variâncias genéticas entre famílias (0,0851 aos 10 dias e 0,3095 aos 20 dias). A herdabilidade também foi maior aos 20 dias (75,01%) que aos 10 (66,17%). O coeficiente de variação genético entre famílias dividido pelo coeficiente de variação experimental entre famílias ($CV_{ge}\%$) foi de 0,95 aos 10 dias e 1,31 aos 20 dias, indicando que a seleção entre famílias é eficiente tanto aos 10 quanto aos 20 dias.

Palavras-chave: *Ralstonia pseudosolanacearum*; *Solanum esculentum*.

PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS NO MELHORAMENTO DE MILHO SUPERDOCE PELO PROCEDIMENTO REML/BLUP

Nayara Norrene Lacerda Durães^{1*}; Jocarla Ambrosim Crevelari¹; José Arantes Ferreira Júnior¹; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves¹; Messias Gonzaga Pereira¹; Valdinei Cruz Azeredo¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes Darcy Ribeiro.
*E-mail do autor para correspondência: nayaranorrene@gmail.com.

O milho superdoce é um mutante do milho comum, caracterizado por apresentar maior concentração de açúcares e decréscimo do teor de amido. No Brasil o mesmo é usado em escala comercial pelas indústrias de conservas, sendo o plantio para o consumo como milho verde inexpressivo, devido à escassez de cultivares disponíveis. Inferências sobre genótipos em fase de lançamento de cultivares é um processo delicado, pois tais deduções devem recair sobre os verdadeiros valores genotípicos. A predição de valores genéticos usando o BLUP, associado ao procedimento da máxima verossimilhança restrita (REML) tem mostrado resultados expressivos na seleção de genótipos superiores, permitindo a maximização dos ganhos. Com o intuito de aumentar o número de cultivares disponíveis o programa de melhoramento de plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense tem atuado na obtenção e seleção de genótipos superiores que agreguem elevada produtividade e qualidade. O estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e predizer valores genéticos para os caracteres número de espigas por parcela (NE), produção de espigas despalhadas (PCP), produção de espigas empalhadas (PSP) e prolificidade (PROL), pelo método de modelos mistos (REML/BLUP). Noventa híbridos simples obtidos a partir de um cruzamento dialélico parcial entre 19 linhagens endogâmicas de milho superdoce foram avaliados sob o delineamento em látice simples duplicado com quatro repetições em Campos dos Goytacazes e Itaocara/RJ. Todos os caracteres apresentaram considerável variabilidade genética, com coeficientes de variação genética variando de 3,42% a 12,82%. Isto revela possibilidades reais de progresso genético com a seleção. As estimativas da herdabilidade individual e médias no sentido restrito para PCP (0,418 e 0,909) e PSP (0,622 e 0,950), respectivamente, foram de boas magnitudes. A raiz quadrada da herdabilidade ao nível médio resultou em acurácia seletiva na ordem de 0,95 para PCP e 0,97 para PSP, atestando boa precisão experimental e confiança nos parâmetros genéticos estimados, promovendo segurança na seleção. O potencial dos híbridos para fins de melhoramento pode ser observado por meio dos ganhos genéticos para PCP (30,3 g) e PSP (24,7 g) que elevaram as novas médias para 358,1 g e 262,8 g respectivamente. Os híbridos HS1, HS4, HS9, HS10, HS19, HS20, HS21, HS22, HS23, HS27 e HS31 apresentaram os maiores ganhos para a maioria dos caracteres avaliados.

Palavras-chave: Modelos mistos; Estimativas; Procedimentos genéticos

Agradecimentos: UENF, CAPES e CNPq

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM COM GRÃOS PRETOS RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSÁRIO

Mário H. R. M. Torres^{1*}, Ludivina L. Rodrigues¹, Thiago L. P. O. Souza²,
Leonardo C. Melo², Luis C. Faria², Joaquim G. C. Costa², Helton S. Pereira²

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão.*mariohenriquetorres@hotmail.com

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie amplamente cultivada e componente básico na alimentação brasileira. Entre os diversos fatores que afetam a produção de feijão no Brasil, destaca-se a murcha-de-fusário, doença vascular que pode ocasionar perda total ou parcial de produtividade. A existência de variabilidade genética para a resistência à murcha-de-fusário, indica a possibilidade de obtenção de ganho genético para esse caráter. Este trabalho objetivou estimar a herdabilidade e ganho esperado com a seleção direta para resistência a murcha de fusário em feijoeiro-comum com grãos pretos e selecionar linhagens resistentes. Foram conduzidos dois ensaios na safra de inverno, nos anos de 2015 e 2016. Foram utilizadas 116 linhagens obtidas de duas populações, junto com cinco testemunhas. Os ensaios foram instalados em delineamento látice 11x11 triplo, com parcelas de duas linhas de três metros, em área com alta infestação natural do patógeno e sob pivô central, em Santo Antônio de Goiás. Foi avaliada a resistência à murcha-de-fusário, por meio de uma escala de notas variando de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível). Os dados foram submetidos à análises de variância individuais e conjunta, considerando o efeito de tratamentos como aleatório e o de ambientes como fixo. Foram estimados os parâmetros herdabilidade e ganho esperado com a seleção. Existem diferenças significativas ($P \leq 0,01$) entre as linhagens, indicando que existe variabilidade genética, o que possibilita a obtenção de ganhos com seleção. Os genótipos se comportaram de forma semelhante nos dois ambientes já que não foram encontradas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para ambientes. A estimativa da herdabilidade foram de 87% e 83%, nos anos de 2015 e de 2016, respectivamente, e herdabilidade média de 92%, indicando que existe alta correlação entre o valor fenotípico e o valor genético, facilitando a seleção e obtenção de ganhos com a seleção. Os ganhos genéticos corresponderam a aumentos de 39 e 30,7% nos anos de 2015 e de 2016 e médio de -0,97, indicando que a seleção para a resistência à murcha-de-fusário será eficiente, correspondendo ao incremento médio de 35% na resistência. Dentre as 116 linhagens avaliadas, 43 linhagens apresentaram-se mais resistentes do que a melhor testemunha (BRS Expedito). Esses parâmetros indicam que mesmo após a condução das populações em área infestada pelo patógeno, com conseqüente seleção antes da obtenção das linhagens, ainda há a possibilidade de se obter ganhos com a seleção de linhagens para resistência a murcha de fusário.

Palavras-chave: *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*.

PARÂMETROS GENÉTICOS EM FAMÍLIAS DE AVEIA BRANCA SOB DOIS MÉTODOS DE CONDUÇÃO

Vianeí Rother^{1*}; Cezar Verdi¹; Liamara Bahr Thurow¹; Latoia Eduarda Maltzahn¹, Henrique Carbonari¹, Luciano Carlos da Maia¹; Antonio Costa de Oliveira¹

¹Universidade Federal de Pelotas. *v.rother@hotmail.com

A aveia branca (*Avena sativa* L.) é um cereal de inverno cultivado principalmente na região Sul e Centro Oeste do país, com ampla aptidão agrícola. Os programas de melhoramento genético possuem papel fundamental na prospecção de estratégias para facilitar e agilizar a identificação de genótipos de alto potencial produtivo. Existem vários métodos de melhoramento de plantas autógamas, dentre os quais o método SSD e possíveis modificações. O estudo tem por objetivo revelar a contribuição dos parâmetros genéticos e componentes de variância no estudo de caracteres agrônômicos para famílias oriundas de cruzamento artificial sob dois métodos de condução. O experimento foi conduzido no ano de 2015, com famílias oriundas do cruzamento IAC7 x UFRGS19, conduzidas sob dois métodos de condução (SSD Clássico: 30 famílias e SSD modificado: 120 famílias). Foram avaliados os caracteres estatura de plantas (EST) e massa total de grãos (MTG). Os dados foram submetidos a análise de variância e após foram estimados os componentes de variância pelo programa estatístico Genes. Para o caráter EST, no método clássico, 55% da variação fenotípica teve origem nos fatores genéticos. A herdabilidade ampla entre as famílias (0,56) e restrita (0,50) mostra que 89% da herdabilidade é devido aos efeitos aditivos. No método SSD modificado a variância genética foi responsável por 67% da variação fenotípica. A herdabilidade ampla (0,75) e a herdabilidade restrita entre as famílias (0,61), mostra que 81% da herdabilidade é devido a fatores aditivos e assim com grande probabilidade de serem herdados na próxima geração. É possível notar que, o método modificado possui maior herdabilidade restrita entre as famílias, devido a uma maior influência da variação genotípica na variação total. Para o caráter MTG no método SSD clássico, a variação fenotípica foi 96% devido a variação genética entre as famílias. A herdabilidade ampla (0,97) e restrita (0,90) entre as famílias revela que os fatores aditivos são responsáveis por grande parte da variação. Para o método modificado a variação genética foi responsável por 96% da variação total. A herdabilidade ampla (0,96) e restrita (0,80) entre as famílias revela grande influência dos efeitos aditivos na herdabilidade. As herdabilidades restrita entre os dois métodos são semelhantes, ambos com altos índices. Diante disso, é possível observar que a modificação no método SSD não afeta a proporção da influência genética sobre a variação fenotípica entre as famílias para os caracteres avaliados. A modificação no método SSD não afeta significativamente a herdabilidade restrita entre as famílias.

Palavras-chave: variação; método SSD.

Agradecimentos: UFPEL, CGF, CNPQ, CAPES

PERFORMANCE OF SOYBEAN CROSSES THROUGH DIALLEL ANALYSIS IN CONTRASTING RUST ENVIRONMENTS

Rafael Massahiro Yassue^{1*}; Natal Antonio Vello¹; Felipe Maniero Nazato¹;
Elesandro Bornhofen¹; Claudinei Antonio Didone¹

¹ University of São Paulo, College of Agriculture “Luiz de Queiroz”, Department of Genetics. * rafael.yassue@usp.br

Rust (*Phakopsora pachyrhizi*) is one of the main diseases of soybean, being able to cause terrible losses in productivity. An important strategy for its control is the genetic tolerance, defined as the ability of the genotype to withstand the pathogen attack without significantly affecting its productivity. This work aimed to estimate the general (GCA) and specific (SCA) combining ability of 40 crosses (F₂ generation) derived from a partial diallel consisting in ten rust tolerant RR experimental lines (Group I) in crosses with four RR commercial cultivars (Group II). We evaluated the genotypes for seed yield in experiments conducted in two managements of the disease (with and without rust control) by spraying with the appropriate fungicides. The experiments were designed in randomized complete block with four replications. Individual and joint analysis of variance were performed assuming fungicide managements as a fixed effect and genotypes as random. The estimates of GCA and SCA were obtained for each fungicide management and for the average of these two environments using the Griffing methodology (model III) adapted for a partial diallel. Analysis of variance revealed significant effects for genotypes (G) and environments (E). The means of the experiments were 4620 kg ha⁻¹ (with rust control) and 3366 kg ha⁻¹ (without rust control). Joint diallel analysis revealed significant effects ($p < 0.10$) for GCA of groups I and II and for SCA. The progenies x environments interaction was not significant, indicating that there were some parents that contributed to increase seed yielding with constant behavior in both environments. The ratio of the estimate of quadratic components associated with GCA and SCA was 0.929, indicating that additive effects are much more important than non-additive effects for seed yield. The parents who contributed the most to the additive genetic action and presented the highest values of GCA were the lines USP 14-22.010 and USP 14-22.003 for group I and cultivar V Max RR for group II. The highest values of SCA were estimated for the crosses USP 14-22.003 x BMX Potência RR and USP 14-22.009 x V Max RR. We could conclude that: a) there were genetic variability due to the action of additive and non-additive genes; b) from the action of additive and non-additive genes, the best parents showed similar performances in both environments; c) the additive effects are more important than non-additive effects for seed yield.

Keywords: *Glycine max*, *Phakopsora pachyrhizi*, rust tolerance

Acknowledgment: CNPq for financial support.

PHENOLOGICAL DEVELOPMENT AND FLOWERING SYNCHRONY IN S₁, S₂ AND S₃ FAMILIES OF MAIZE LANDRACES

Adán Puc^{1*}; Aluizio Borém¹; Daniela Meira²; Andrei Lunkes²; Alexsander Rigatti²; Alisson Frizon²; Luís Klein²

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, MG. ²Departamento de Agronomia e Ciências Ambientais, Universidade Federal de Santa Maria, RS.
*Correspondence E-mail do autor para correspondência: adanpuc@hotmail.com.

Corn is one of the most studied cereals, being cultivated in most countries in the World. By its large variability and genetic diversity, there is a large quantity of few-studied landraces which may possess favorable alleles for populational breeding programs or obtain inbred lines through successive generations of self-fertilization. So, it is therefore of fundamental to study their phenological development, cycle and flowering synchrony. The aim of this work was to characterize S₁, S₂ and S₃ families from maize landraces with respect to their phenological development, thermal demand, and flowering synchrony, aiming to identify promising families. The experiment was carried out in Frederico Westphalen, Rio Grande do Sul, in 2015/2016 growing season. The experimental design was in augmented blocks. 34 segregating families were evaluated in different generations from four populations of landrace corn (Planalto, Dente de Ouro, Argentino Amarelo and Argentino Branco). Five hybrids were used as checks: AG 8690 PRO3[®], AG 9045[®], P 1630[®], P 1630[®] and 2A525[®]. The plots were two 10-plants-rows spaced by 90 cm, with plant spacing of 20 cm. The fertilization, weed and pest control were carried out according to the recommended. The phenological evaluated traits were: number of leaves issued from planting to germination (VE), total number of leaves issued from planting to last leaf (Vn), considering the duration in days. The characterization of tasseling (VT) and silking (R1), from planting to the time when 50% of plants, by family, released pollen and emitted silks, respectively, in days. The thermal demand was estimated from the sum of degree-days from planting to the time when 50% of the plants were in anthesis stage (VT). The flowering synchrony was estimated by the intervals between VT and R1, in days. The duration of vegetative stages of families was relative with the number of developed leaves. All families had a late cycle, except for ABS₁F1 and PLS₂F2 families, being early and super-early cycle, respectively. The families AAS₁F1, DOS₃F3, ABS₂F2, ABS₃F1, PLS₁F1, PLS₃F1, PLS₃F2 and PLS₃F3 showed flowering synchrony. Also, the families with the greatest number of leaves needed greater thermal demand in order to reach the flowering, indicating that more time is needed to develop a greater number of source-organs to meet the greater biomass.

Keywords: *Zea mays* L.; thermal demand; variability

Acknowledgements: to FAPEMIG, UFV, UFSM and Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología for granting to financial resources and facilities.

PLASTICIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Tácio Peres da Silva¹; Hermínio Bento Inácio¹; Marcelo Eduardo Forni de Mattos¹; Camila de Souza Rodrigues¹; Clésio Teixeira da Silva¹; Moezes de Sousa Reis²; Flávia Barbosa Silva Botelho¹.

¹Universidade Federal de Lavras; ²Pesquisador da Epamig. tacioagro@gmail.com

A fase de avaliação de genótipos para prévia recomendação em diferentes ambientes é uma etapa que requer um alto nível de investimento. Esta avaliação é extremamente importante, especialmente quando o objetivo do melhoramento é selecionar genótipos com alta homeostase, associados à alta produtividade. Assim, o objetivo foi avaliar a estabilidade e adaptabilidade de linhagens de arroz de terras altas em diversas características de interesse agrônomo em múltiplos ambientes. Foram instalados experimentos em nove ambientes (Lavras-MG, Patos de Minas-MG safra 2013/2014; Lavras-MG, Muquem, Lambari-MG e Patos de Minas-MG safra 2014/2015; Lavras-MG, Lambari-MG e Patos de Minas-MG safra 2015/2016), correspondentes às combinações de locais e anos agrícolas. Utilizaram-se treze linhagens elite (Esmeralda, CMG 2170, BRSMG Caçula, BRSMG Caravera, CMG 2085, BRSM Relâmpago, CMG 1511, CMG 2089, CMG 1896, CMG 2097, CMG 1977, CMG 1509, CMG 1987) provenientes do programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Lavras (UFLA), em parceria com a EPAMIG e a EMBRAPA Arroz & Feijão. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições, em parcelas constituídas por cinco linhas de quatro metros, com densidade de semeadura de 80 sementes por metro. Foram feitas as análises individuais para cada ambiente e também a conjunta usando o software estatístico SISVAR. Como análise estatística usou-se o teste de Scott Knott, a 1% de probabilidade. Verificou-se a adaptabilidade e estabilidade por meio de três métodos, Wricke (1965), Annicchiarico (1992), e Lin Binns (1988). Os métodos Annicchiarico e Lin Binns foram semelhantes na identificação de quatro cultivares (CMG 2097, CMG 1896, CMG 2089 e CMG 2085) adaptáveis e estáveis. Os resultados obtidos com a aplicação do método de Wricke não identificaram nenhuma cultivar como estável, considerando desta forma todas semelhantes nos nove ambientes e nos três anos agrícolas.

Palavras-chave: Estabilidade; adaptabilidade; múltiplos ambientes.

Agradecimentos: Agradeço a Capes e a Fapemig.

POPULATION STRUCTURE OF COMMON BEAN LINES FROM VCU TESTING OF SOUTH REGION OF BRAZIL

Rodrigo Chimenez Franzon^{1*}; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹; Marcela Coêlho¹; Lorena Lopes de Sousa²; Giseli Valentini¹; Thiago Alexandre Santana Gilio¹; Gislayne Kelly Coimbra-Gonçalves¹.

¹Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brazil. ²Emater-GO. *Corresponding Author: rfranzon@gmail.com.

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a very important source of protein for the Brazilian population. The common bean breeding programs try to explore the variability present in their germplasm banks in order to obtain new and better cultivars. Microsatellite markers are commonly used to estimate genetic variability among cultivars because they are widely distributed throughout the genome of common bean. The objective of this work was to evaluate the genetic diversity among common bean genotypes from Value for Cultivation and Use-VCU testing of South region of Brazil utilizing microsatellite markers. Genomic DNA was isolated from 39 lines of VCU 2012-2015 testing and amplified by PCR with 34 microsatellite markers. The data obtained were submitted to further genetic analysis using Structure 2.3.4 and GenAIEx 6.5 software. The matrix of C.S. Chord genetic distance, allelic frequencies and PIC values were calculated in Power Marker 3.25 software. Then, based on C.S. Chord genetic distance, *Neighbor Joining Tree* was constructed with Mega 5.2 software. The results revealed the formation of three distinguished clusters ($\Delta K=3$), being the major two clustered composed by lines that belong to the Mesoamerican genic pool. Further, the third major cluster contained lines from the Andean genic pool. The genetic variability among individuals was estimated in 82%, whereas inter-individual was 2%. Additionally, the genetic variability among population was valued as 16% ($F_{st}=0.154$). Fixation index and migration rate (~ 1) were relatively low, demonstrating that genetic drift is turning the populations more distinguishable in relation to their alleles. On the other hand, F_{is} (0.974) and F_{it} (0.978) values were high, showing the low presence of heterozygotes in the three subpopulations and in the total population, respectively, which could be explained by the fact that the lines are in homozygosis. In relation to diversity of the used markers, it was observed a high number of total alleles with an average of 5 alleles per locus. Interestingly, Bmd-45 locus was the ones with 83% of frequency in the lines. The genetic diversity among loci was estimated in 63%, while PIC values varied from 0.24 (locus Bmd-45) to 0.89 (Bmd-17) with an average of 0.58. Given these points, it has been shown that there is variability among the genotypes with the formation of three clusters and the variability inter-individuals was nearly absent.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L; genetic diversity; value for cultivation and use.

Acknowledgment: M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Franzon, R.C., Coêlho, M., Valentini, G. and Gilio, T.A.S. are recipients of fellowship from Capes. Financial support from Capes and CNPq.

POTENCIAL DA POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS DO FEIJOEIRO APÓS 15 CICLOS

Getúlio Caixeta Ferreira^{1*}; Roxane do Carmo Lemos¹; Magno Antonio Patto Ramalho¹.

¹Universidade Federal de Lavras – Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil. *Email: getulio_cf@hotmail.com

O emprego de seleção recorrente em espécies autógamas é crescente. No entanto, são poucos os exemplos em que o processo foi repetido após um grande número de ciclos. No caso do feijoeiro no Brasil, como são realizadas três safras por ano, é possível conduzir um ciclo seletivo para a produtividade de grãos em um ano e meio, avaliando progênies $S_{0:1}$ e $S_{0:2}$ antes da recombinação. O que se questiona é se mesmo após vários ciclos seletivos ainda exista variabilidade genética suficiente para se ter continuidade no sucesso com a seleção. Assim, este trabalho objetivou avaliar a variabilidade genética presente na população de um programa de seleção recorrente após quinze ciclos seletivos. Para isso, foram utilizadas 439 progênies $S_{0:1}$ e 322 $S_{0:2}$ do programa de seleção recorrente do feijoeiro da Universidade Federal de Lavras, juntamente com duas testemunhas, as cultivares Pérola e Carioca. As avaliações foram realizadas em Lavras, MG, com semeaduras em julho e novembro de 2015. O delineamento experimental adotado na geração $S_{0:1}$ foi látice simples 21 x 21, as parcelas foram constituídas de 1 linha de 2m, com espaçamento entre linhas de 0,6m. Na geração $S_{0:2}$, utilizou-se o látice simples 18 x 18, com parcelas de 2 linhas de 2m. Em ambos os experimentos foram semeadas 15 sementes por metro e os tratos culturais empregados foram os mesmos recomendados para a cultura do feijão no estado de Minas Gerais. O caráter avaliado foi a produtividade de grãos em Kg/ha. Com os dados obtidos procedeu-se as análises de variância por geração e foram estimadas as herdabilidades (h^2) e seus respectivos intervalos de confiança. Observou-se que embora as estimativas de h^2 para a seleção na média das progênies não tenham sido de grande magnitude, foram ambas diferentes de zero, permitindo inferir que ainda existe variabilidade genética suficiente para a continuidade da seleção recorrente. Porém, exigindo a melhoria da precisão experimental visando explorar melhor a variabilidade genética existente.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; herdabilidade

Agradecimentos: FAPEMIG, Capes e Cnpq.

POTENCIAL DE INDUÇÃO DE HAPLOIDES EM MILHO

Elcio Hissagy Samecima Junior¹; Lucas Tadeu Mazza Revolti¹; Luiz Eduardo Tilhaqui Bertasello¹; Gustavo Vitti Mõro¹

¹Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal-SP. *E-mail do autor para correspondência: elciosamecimajr@hotmail.com

Para a obtenção de híbridos de milho é necessário o desenvolvimento de linhagens, sendo está uma das etapas mais demoradas e com elevado custo. Melhoristas têm buscado diferentes estratégias para o desenvolvimento de linhagens de maneira mais rápida e com custo reduzido e a utilização de duplo haploide torna-se uma alternativa viável. O objetivo do trabalho foi avaliar a obtenção de possíveis haploides levando-se em consideração o marcador morfológico natural R-navajo. O campo de cruzamento entre dois híbridos simples e linhagens indutoras de haploidia, na safra 2015/16, foi conduzido na FCAV/UNESP, Jaboticabal-SP. Foram semeadas 15 linhas de cada híbrido (A e B) e uma linha de cada uma das 15 linhagens indutoras de haploidia. Os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura do milho. Após a colheita as sementes foram separadas visualmente levando-se em consideração a marcação do marcador morfológico R-navajo. Sementes com endosperma marcado e embrião sem marcação foram consideradas como possíveis haploides e as demais sementes como não haploides. Após a seleção visual, as sementes possíveis haploides e não haploides foram contadas e submetidas à análise do teste de qui-quadrado para comparação entre as frequências observadas e esperadas. O valor da frequência esperada considerado foi 9%, obtido através da média da porcentagem de indução de haploidia de diversas linhagens indutoras compreendidas através de um levantamento na literatura. É importante ressaltar que, devido a não coincidência de florescimento entre alguns materiais e a pouca quantidade de pólen proveniente dos indutores, não foi possível a realização de todos os cruzamentos. Foram obtidas sementes de 18 cruzamentos entre os híbridos e as linhagens indutoras. A taxa de indução dos haploides variou de 1 a 15%, sendo a média 6%. As frequências observadas em 50% dos cruzamentos apresentaram valores significativos para obtenção de possíveis haploides e dentre esses cruzamentos 11% apresentaram valor de frequência observada superior à frequência esperada. Ainda pelo teste de qui-quadrado 50% dos cruzamentos não foram significativos, sendo que 61% dos cruzamentos se mostraram superiores ou iguais à média de indução encontrada na literatura, mostrando que esses cruzamentos podem ser promissores. Conclui-se que os indutores são eficientes na indução de possíveis haploides, e que existe diferença na taxa de indução de haploidia.

Palavras-chave: *Zea mays*; Genética; Melhoramento de Plantas

Agradecimentos: FCAV (Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias), UNESP – Jaboticabal/SP por todo o apoio e a permissão da realização do trabalho.

POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO COMUM NO VALE DO SUBMÉDIO SÃO FRANCISCO

Jerônimo Constantino Borel^{1*}; Simone Leal Vieira¹; Danilo Alves Pereira¹;
Carlos Roberto Silva de Oliveira¹

¹Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf) – Colegiado de Engenharia Agrônômica. *Email: jeronimo.borel@univasf.edu.br.

A região do Vale do submédio São Francisco é um grande polo de produção de frutas e hortaliças em sistemas irrigados. O feijoeiro comum tem nessa região áreas com possibilidade de cultivo solteiro e em consórcio, entretanto carece de pesquisas com materiais adaptados às condições regionais. O objetivo trabalho foi avaliar o desempenho de 64 linhagens de feijoeiro com diferentes tipos de grãos pertencentes ao BAG da Univasf e da Embrapa Arroz e Feijão. O experimento ocorreu entre os meses de Maio a Julho de 2015, no setor de produção vegetal da Univasf em Petrolina-PE. O delineamento utilizado foi o látice triplo 8x8 (64 linhagens). A parcela foi composta por quatro linhas de dois metros, espaçamento de 0,5m com 12 plantas por metro linear. A semeadura foi feita em sistema convencional de plantio. Foi feita uma adubação de cobertura (NPK) com 200 kg.ha⁻¹ de 06-24-11 de acordo com a análise de solo. A irrigação foi por aspersão convencional de acordo com a demanda hídrica da cultura e o controle de plantas daninhas por meio de capinas. Foi feita uma aplicação de inseticida (Imidacloprid, 150 g ha⁻¹) visando o controle da mosca branca (*Bemisia tabaci*) e cigarrinha verde (*Empoasca kraemerii*). Avaliou-se a produtividade de grãos (PROD); o número de dias da semeadura até o florescimento (DPF); o número de dias até a maturação (DPM); porte das plantas (PRT) por meio de uma escala de notas e a massa de 100 grãos (M100). Houve efeito significativo para todos os caracteres avaliados, o que indica grande variabilidade genética e possibilidade de sucesso com a seleção. O número de dias até o florescimento variou de 29 a 37, enquanto que para maturação variou de 55 a 70 dias. A massa de 100 grãos variou de 27g a 43g e as notas de porte de 1 (ereto) a 6,9 (semi-prostrado). A produtividade de grãos estimada variou de 3185 kg ha⁻¹ até 5915 kg ha⁻¹. Esses dados evidenciam o grande potencial da cultura na região em regime irrigado. Foi possível identificar genótipos que apresentaram excelente adaptação às condições da região aliando diferentes tipos de grãos, boa arquitetura de planta, alta produtividade e ciclo precoce. Novos estudos vêm sendo conduzidos e as melhores linhagens poderão em um futuro próximo ser recomendadas para o cultivo e dar suporte a programas de melhoramento genético visando o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas as condições do submédio do Vale do São Francisco.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; estresses abióticos; Melhoramento de plantas.

Agradecimentos: CNPq; Embrapa Arroz e Feijão.

POTENCIAL DE PROGÊNIES DE FEIJÃO CARIOCA QUANTO A RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-FUSÁRIO

Gabriela dos Santos^{1*}; Kharenn Vaillant¹; Renata Oliveira²; Micheli Possobom¹; Ana Laura Carneiro¹; Andreia Caetano¹; José Eustáquio Carneiro¹

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Universidade Federal Rural de Pernambuco.
*gabriela.s.pereira@ufv.br.

O feijoeiro-comum é uma importante cultura agrícola para o Brasil, sendo cultivado em todo país, com destaque para o feijão do tipo carioca. O *Fusarium oxysporum* f. sp. *Phaseoli* (*Fop*) é o agente causal da murcha-de-fusário, o qual causa significativa redução de produtividade no feijoeiro. A utilização de cultivares resistentes é a estratégia mais eficiente para o controle do patógeno. Por essa razão, o objetivo desse trabalho foi obter linhagens de feijão do tipo carioca resistentes à murcha-de-fusário e de alto potencial de produção. Cultivares e linhagens elites de feijoeiro tipo carioca de elevado potencial produtivo (BRS Estilo, VC 13 e VC 25) e resistentes a *Fop* (BRSMG Talismã, CVIII 8511, Pérola, RC-I-8 e CNFC 11965) foram utilizadas em cruzamentos no esquema de dialelo parcial 3x5. As combinações F₁'s foram avaliadas quanto à reação a *Fop* (severidade da doença e redução do crescimento da planta) e produtividade de grãos. As populações VC 25/CVIII 8511 e VC 25/Pérola se destacaram quanto à produtividade de grãos e resistência à murcha-de-fusário, portanto promissoras para extração de linhagens. Dessas duas populações foram derivadas 124 progênies, e a geração F_{2:4} foi avaliada a campo quanto a reação à murcha-de-fusário, crestamento-bacteriano-comum, produtividade de grãos e aspecto comercial de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias das progênies comparadas pelo teste de Dunnett, a 5% de probabilidade. Observou-se efeito significativo de progênies para todos os caracteres avaliados, exceto produtividade de grãos em progênies da população VC 25/Pérola. Das 124 progênies avaliadas, 90 se destacaram como resistentes a murcha-de-fusário (63 progênies da população VC 25/CVIII 8511 e 27 da população VC 25/Pérola), além de se equipararem à testemunha BRSMG Talismã em termos de produtividade e aspecto de grãos. Os resultados obtidos indicam o potencial dessas progênies para extração de linhagens de feijoeiro superiores, especialmente em termos de resistência à murcha-de-fusário.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, resistência; melhoramento genético.

POTENCIAL GENÉTICO DE GENÓTIPOS DE CÁRTAMO PARA PRODUÇÃO DE ÓLEO

Andréia Rodrigues Ramos¹; Maurício Dutra Zanotto¹; Douglas Bassegio¹; Felipe Dos Santos De Oliveira²

¹Universidade Estadual Paulista, Campus de Botucatu, CEP 18610-307, Botucatu - SP, Brasil. ²Universidade Estadual de Maringá. *E-mail do autor para correspondência: andreia-agro@hotmail.com

O cártamo esta sendo considerado uma das oleaginosas mais rústicas para a produção de biodiesel, visto que, a planta se desenvolve em áreas com condições limitantes como a deficiência hídrica. Portanto, esta espécie vem a incrementar a produção brasileira, sendo que um dos objetivos de inserção desta cultura no país é no período de safrinha tardia em condições de cerrado, visando o aproveitamento de maquinários de outras culturas e sendo uma boa alternativa em sucessão com a cultura da soja devido a sua alta resistência hídrica, outra grande vantagem é seu alto potencial de produção de óleo. Objetivou-se avaliar o potencial de produção de óleo em genótipos de cártamo previamente selecionados para produtividade de grãos. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Lageado, pertencente à Faculdade de Ciências Agrônômicas – UNESP, localizada no município de Botucatu – SP. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizado, com cinco repetições, sendo que a semeadura foi realizada de forma manual em abril de 2016, em área de preparo convencional. Os tratamentos foram compostos por três genótipos de cártamo (7329, S-325 e 2106) provenientes do Instituto Matogrossense do Algodão – IMA-MT. Cada parcela experimental foi constituída por cinco linhas com espaçamentos entre linhas de 0,45 m e cinco metros de comprimento, sendo considerado como área útil as três linhas centrais. Avaliou-se ao final do ciclo da cultura, a altura de planta, número de capítulos por planta, número de sementes por capítulo, diâmetro do capítulo e o teor de óleo. As medidas do teor de óleo foram realizadas a partir de um TD-NMR, em espectrômetro (SLK-SG-200 - SpinLock Magnetic Resonance Solutions, Malagueño, Córdoba, ARG) a 25 °C, equipado com um ímã permanente de 0,23 T (9 MHz para ¹H) e uma sonda de 13 mm × 30 mm de área útil, utilizando-se o software Condor IDE com a sequência de pulso CPMG com Qdamper em base seca (BS%). Os resultados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de agrupamento proposto por Scott e Knott ao nível de 5% probabilidade. Portanto, verificou-se que houve diferença significativa para o número de sementes por capítulo e conseqüentemente para diâmetro do capítulo, sendo que o genótipo S-325 apresentou a menor média em relação aos demais. Os genótipos mais promissores para o teor de óleo foram o S-325 e o 7329 apresentando 43,7% de óleo. Conclui-se, que os genótipos S-325 e o 7329 possuem boa capacidade para obtenção de produtividade de grãos e óleo.

Palavras-chave: *Carthamus tinctorius* L.; Oleaginosas; Acessos.

Agradecimentos: Instituto Mato-Grossense do Algodão (IMA - MT) pelo fornecimento dos genótipos e a CAPES pela concessão de bolsa.

POTENCIAL GENÉTICO DE GENÓTIPOS PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS E QUALIDADE DE GRÃOS EM FEIJOEIRO COMUM

José Silva Rodrigues¹; José Orlando Pereira Sales¹; Patrícia Guimarães Santos Melo¹; Helton Santos Pereira²; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza²; Leonardo Cunha Melo^{2*}

¹Universidade federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. *leonardo.melo@embrapa.br

O Brasil é um dos maiores produtores, consumidores e detentores de tecnologias no cenário mundial de feijão-comum. A avaliação da qualidade de grãos das cultivares ampliará a sua aceitação pelos produtores, indústrias e consumidores. O objetivo foi avaliar o potencial genético de linhagens elite de feijoeiro-comum para produtividade, adaptação a colheita mecanizada, qualidade comercial e nutricional dos grãos. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições e parcelas de quatro linhas de 4 metros. Foram conduzidos experimentos de avaliação final com 20 genótipos, sendo 15 linhagens e 5 testemunhas. Os ensaios foram avaliados em 7 ambientes, em duas safras de semeadura (inverno e águas) nos anos de 2016 e 2017, em Goiás e no Distrito Federal. Foram avaliados a produtividade, qualidade comercial (massa de cem grãos, rendimento de peneira, cor do grão na colheita, cor do grão após o armazenamento e defeitos visuais), qualidade nutricional (proteína, ferro e zinco) e adaptação a colheita mecanizada (arquitetura e acamamento). Foram realizadas as análises de variância individuais e conjunta e as médias dos genótipos comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Essas análises de variância mostraram que a maioria dos ensaios apresentaram efeitos de genótipos significativos para todas as características, indicando a existência de variabilidade entre os genótipos. Para produtividade de grãos houve destaque para a linhagem CNFC 15853 (2336 Kg ha⁻¹) não diferindo estatisticamente da cultivar BRS Estilo (2088 Kg ha⁻¹) e com superioridade a Pérola (1979 Kg ha⁻¹). Na avaliação para massa de cem grãos, destacou-se as linhagens CNFC 15839 (26,01g) e CNFC 15801 (25,39g), com médias muito superiores à BRS Estilo (23,64g). Para rendimento de peneira as linhagens CNFC 16902 (86,93%) e CNFC 16709 (85,15%), mostraram superioridade a BRS Estilo (79,32%), que é uma referência de mercado para rendimento de peneira. Na avaliação cor de grão houve destaque para a linhagem CNFC 16709, pois apresentou notas superiores a BRS Estilo para cor do grão na colheita, cor do grão após o armazenamento e para defeitos visuais do grão. Para as variáveis relacionadas a adaptação à colheita mecânica (arquitetura e acamamento de plantas), há destaque para a linhagem CNFC 15850, que mostrou adaptação a colheita mecanizada associada a produtividade de grãos. A linhagem CNFC 15839 foi identificada, até o momento, como a mais promissora para indicação como nova cultivar, pois se classificou no primeiro grupo para a maioria das características agronômicas e de qualidade de grão.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; linhagens elite; qualidade de grãos.

POTENCIAL GENÉTICO DE LINHAGENS ELITE DE FEIJOEIRO-COMUM DE GRÃOS CARIOCA PARA FIXAÇÃO BIOLÓGICA DE NITROGÊNIO

Polianna Alves Silva Dias¹; Patrícia Guimarães Santos Melo¹; Enderson Petrônio de Brito Ferreira²; Helton Santos Pereira²; Leonardo Cunha Melo^{2*}

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail: leonardo.melo@embrapa.br.

Uma das formas de aquisição do N pelo feijoeiro-comum é via fixação biológica de nitrogênio (FBN). Apesar de sua importância, inexistem estudos para seleção de genótipos de feijoeiro-comum sob inoculação com rizóbio em múltiplos ambientes. O objetivo do trabalho foi estudar o efeito da interação de linhagens elite de feijoeiro-comum com a adubação nitrogenada mineral e/ou inoculação com rizóbio e selecionar linhagens com alta adaptabilidade e estabilidade produtiva e alto desempenho agrônomo quando inoculadas com rizóbio. Foram avaliados 19 genótipos do grupo carioca em seis locais, nos Estados de Goiás, Paraná, Mato Grosso e no Distrito Federal, em três diferentes épocas de semeadura (águas, inverno e seca) e em dois anos (2011 e 2012), totalizando 12 ambientes. Foram instalados dois ensaios em cada ambiente (local/época de semeadura/ano), um com adubação nitrogenada mineral (80 kg ha⁻¹ de N) e outro com inoculação das sementes com estirpes de *Rhizobium tropici* e *R. freirei*. O delineamento foi o de blocos ao acaso, com três repetições, parcelas de quatro linhas com quatro metros de comprimento, espaçadas de 0,45 m, com a semeadura de 15 sementes por metro linear. Foram avaliadas a produtividade de grãos, rendimento de peneira, massa de 100 grãos, arquitetura de plantas, tolerância ao acamamento e a reação à antracnose e mancha-angular. Foram feitas análises de adaptabilidade e estabilidade produtiva pelo método gráfico de Nunes. Os resultados mostraram que existe efeito das fontes de N para produtividade de grãos, rendimento de peneiras, massa de 100 grãos, arquitetura de plantas e tolerância ao acamamento, com melhor desempenho das linhagens quando é feita a adubação com N mineral, porém, apenas para tolerância ao acamamento as diferenças afetam a classificação das linhagens. A interação de genótipos com fontes de N para produtividade de grãos não influenciou a seleção das melhores linhagens para os dois sistemas, sugerindo que as melhores linhagens selecionadas sob adubação mineral podem ser indicadas para ambientes sob inoculação. A linhagem CNFC 15086 foi selecionada para o cultivo com adubação nitrogenada mineral ou com utilização de FBN, pois apresentou alta produtividade e ampla adaptabilidade e estabilidade produtiva.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; FBN; adaptabilidade e estabilidade.

POTENCIAL GENÉTICO DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE FEIJÃO-CAUPI

Alane Brito Rodrigues¹; Jean Nascimento de Sousa²; Bárbara Almeida Gomes³; Daniel Augusto Paes Almeida⁴; Daniel Costa de Araújo⁵ Fábio Ribeiro Barros⁶

¹Discente de Agronomia da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA). Balsas, MA, Brasil; e-mail: alane.agro1@gmail.com; ²Discente de Agronomia da UEMA; ³Discente de Agronomia da UEMA; ⁴Discente de Agronomia da UEMA; ⁵Discente de Agronomia da UEMA; ⁶Professor adjunto I, Melhoramento Genético de Plantas da UEMA.

O feijão-caupi era cultivado predominantemente por pequenos agricultores para consumo próprio. Entretanto tem-se observado um interesse crescente por parte dos grandes produtores das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste para cultivo em larga escala, incorporado aos arranjos produtivos como safrinha após o cultivo da soja e do arroz. Nas últimas décadas, várias instituições têm-se mobilizado para realizar pesquisas de melhoramento genético, tendo em vista obter cultivares com maiores produtividades, considerando os interesses de agricultores familiares e empresariais, com foco voltado para o complexo produtor, comerciantes, agroindústria e consumidor. Diante disso objetivou-se realizar cruzamentos entre genótipos de feijão-caupi para selecionar as melhores combinações quanto à produtividade. O estudo foi dividido em duas etapas. Na primeira etapa os cruzamentos foram realizados aos pares em casa de vegetação, visando obter as melhores combinações. Na segunda etapa, as progênies obtidas foram cultivadas a campo para caracterizar o desempenho agrônômico das progênies segregantes. As parcelas foram constituídas de uma fileira contendo dez plantas de cada tratamento com espaçamento de 0,5m. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com nove tratamentos e quatro repetições. Coletaram-se as seguintes variáveis: número de dias para o florescimento (NDF), número de vagens por pedúnculo (NVP), peso de vagem (PV), número de grãos por vagem (NGV). Os dados foram submetidos a análise de variância e teste de média Tukey a 5% de probabilidade. Nessa análise observou-se que os melhores resultados foram obtidos para os tratamentos T1, T2, T6 e T7 respectivamente para as características NDF, NVP, PV e NGV. O estudo demonstra que os tratamentos com melhores desempenhos são promissores e podem ser incluídos em programas de melhoramento genético para aumentar os atuais níveis de produtividade no feijão-caupi.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* L.; potencial produtivo; melhoramento genético.

POTENCIAL GENÉTICO DE UMA POPULAÇÃO DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA PRODUTIVIDADE EM FEIJOEIRO-COMUM

Filipe Cavalcante Farias¹; Danilo Almeida Valente¹; Patrícia Guimarães Melo²;
Leonardo Cunha Melo³

¹Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – EA/UFG (felipefarias@tutamail.com; danilo.almeida015@gmail.com). ²Escola de Agronomia/UFG – Setor Melhoramento de Plantas (pgsantos@gmail.com)

³EMBRAPA (leonardo.melo@embrapa.br).

A seleção recorrente tem algumas vantagens como a obtenção de ganhos genéticos contínuos em caracteres quantitativos e a manutenção e aquisição de variabilidade genética. Portanto, o estudo dos parâmetros genéticos e fenotípicos contribui para melhorar a eficiência da avaliação e a predição do potencial genético das populações de seleção recorrente. O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial genético das famílias obtidas em dois ciclos de seleção recorrente para a produtividade de grãos. Foram avaliadas as 20 melhores progênies do ciclo CI e as 19 melhores progênies do CII e três testemunhas (BRS Cometa, BRS pontal e BRS estilo) em 6 ambientes. Os tratamentos foram dispostos em blocos casualizados com três repetições, as parcelas foram compostas por duas linhas de 4 m, espaçadas de 0,5 m. Foram realizadas análises individuais e conjunta de variância e os graus de liberdade de tratamento foram desdobrados verificou-se em todos os ambientes testados que o coeficiente de variação experimental (CV%) foram satisfatórios variando de 12,31% a 23,71% que são considerados baixo a médio, o que demonstra boa precisão experimental. Houve diferenças entre os tratamentos em todos ambientes. A análise conjunta revelou efeito significativo para todas as fontes de variação testadas, inclusive interação genótipo x ambiente (GxA), que foi altamente significativo ($p \leq 0,01$), indicando que os genótipos apresentaram resposta diferenciada em relação às mudanças de ambiente. Com relação ao coeficiente de determinação genotípica, foi observada alta magnitude, 82% em média, indicando uma maior herdabilidade em relação a este caráter, sofrendo com uma menor influência ambiental. Foi possível identificar variabilidade genética entre as progênies dos dois ciclos, isso permite selecionar as melhores para posteriormente recombinar e ao mesmo tempo extrair linhagens superiores. Assim conclui-se que a população em estudo apresenta variabilidade suficiente para ser explorada, buscando aumentar a frequência dos alelos favoráveis gradativamente.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, interação GxA, variabilidade genética

Agradecimentos: CAPES, EMBRAPA e Escola de Agronomia - UFG

POTENCIAL GERMINATIVO E DESENVOLVIMENTO INICIAL DE INDUTORES DE HAPLOIDIA EM MILHO ADAPTADOS AO AMBIENTE TROPICAL

Roberto dos Santos Trindade¹, Ana C.A. Silva², Déa A. Martins Netto¹, Lauro J.M. Guimarães¹, Isabel R.P. Souza¹, Silvimar A. Guimarães², Bruna L. Mariz², Paulo E.O. Guimarães¹.

¹ Pesquisadores - Embrapa Milho e Sorgo – Sete Lagoas - MG. ² Graduandos em Agronomia – UFSJ/Sete Lagoas-MG - Estagiários da Embrapa Milho e Sorgo. – Autor para correspondência: roberto.trindade@embrapa.br.

A tecnologia de duplo-haplóides em milho permite obtenção de linhagens homozigotas em três gerações, por cruzamento de genótipos-fonte com indutores de haploidia e posterior duplicação cromossômica dos haplóides obtidos. A maioria dos indutores de haploidia em milho são de origem temperada, o que demanda adaptação para uso em regiões tropicais. Este trabalho avaliou o potencial germinativo e o desenvolvimento inicial de indutores de haploidia tropicalizados. O trabalho foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes da Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas-MG, entre dezembro de 2015 e abril de 2016. Foram avaliados os indutores temperados Stock 6 (gimnogenético) e W23 (androgenético); os indutores gimnogenéticos tropicalizados Tail P1 e Tail P2; o híbrido Tail P1 x Tail P2; os indutores androgenéticos tropicalizados 90109, 91202 e 91207 e genótipos não-indutores como testemunhas: as linhagens CMS M019 e CMS M023 e os híbridos simples BRS 1055 e BRS 1060. Para avaliação desses genótipos, quatro rolos com 50 sementes de cada material foram levados para germinador, com temperatura, umidade e luminosidade controladas. Sete dias após semeadura, foram avaliadas as seguintes características: germinação (%); total de plântulas anormais e mortas (%); comprimento de parte aérea e de raiz (cm); razão raiz/parte aérea; massa verde e massa seca de plântulas (mg). A análise estatística considerou um delineamento em blocos ao acaso, com 4 repetições, efetuando-se contrastes ortogonais entre os grupos de genótipos avaliados. Houve efeito significativo de genótipo para todas as características e coeficientes de determinação genotípica entre 77,8 e 93,4, indicando predominância de efeitos genéticos e possibilidade de melhoramento da qualidade fisiológica das sementes dos indutores. Os contrastes ortogonais denotam superioridade das testemunhas sobre os indutores e de indutores maternos sobre indutores paternos para germinação e características ligadas ao vigor e desenvolvimento inicial da plântula. Conclui-se que a multiplicação de indutores de haploidia requer manejo cuidadoso e deve ser feita frequentemente, para se garantir a qualidade da semente, e que há variabilidade para seleção de genótipos com maior germinação e vigor nos indutores em estudo.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; tecnologia de duplo-haplóides; desenvolvimento de cultivares.

Agradecimentos: Ao CNPq e a FAPEMIG, pelo apoio financeiro e a Embrapa Milho e Sorgo, pela infraestrutura para este trabalho.

POTENCIAL NA HIBRIDAÇÃO ENTRE CULTIVARES DE FEIJÃO DO GRUPO ANDINO E MESOAMERICANO

Sibila Grigolo¹; Viviane de Fátima Milcheski²; Ana Carolina da Costa Lara Fioreze²

¹Universidade do Estado de Santa Catarina. ²Universidade Federal de Santa Catarina.

*E-mail: sibilagrigolo@gmail.com

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie não cêntrica, tendo dois centros de domesticação, o andino e o mesoamericano. A ampla variabilidade de características entre esses *pools* gênicos, permite explorar a hibridação entre grupos com finalidade de unir características desejáveis de ambos. Contudo, devido ao isolamento geográfico dos centros sugere-se incompatibilidade genética entre genótipos andino e mesoamericano. Com isso, o objetivo do trabalho foi avaliar o potencial na hibridação entre cultivares de feijão do grupo andino e do grupo mesoamericano. O experimento foi realizado em casa de vegetação, utilizando como genitores as cultivares BRS Executivo e BRS Embaixador, pertencentes ao grupo andino, e BRS Campeiro e IPR Tangará, do grupo mesoamericano. O delineamento experimental foi de blocos casualizados com quatro repetições. Após realização dos cruzamentos em dialelo completo, foram avaliadas: a porcentagem de vagens com sementes (VS), de vagens chochas (VC), de vagens não desenvolvidas (VND), comprimento da vagem (CV) (cm), número de sementes por vagem (S/V), massa da semente (MS) (g), comprimento (CS), largura (LS) e espessura da semente (ES) (mm). Houve diferença significativa para VC, CV, S/V, MS e CS. Todas as variáveis significativas foram diferenciadas em dois grupos. Em média, as cultivares andinas, quando utilizadas como genitor materno, apresentaram três vezes mais VC em comparação com a utilização genitor materno mesoamericano. Em relação ao CV, as maiores médias obtidas (14,54 cm) ocorreram entre BRS Embaixador (♀) com BRS Executivo (♂) e BRS Executivo (♀) com IPR Tangará (♂) e menor média (9,81 cm) pelo BRS Embaixador (♀) com BRS Campeiro (♂). O cruzamento entre a cultivar BRS Embaixador (♀) com BRS Campeiro (♂) resultou na menor quantidade de S/V, com 2 sementes/vagem. Diferentemente, quando hibridado as duas cultivares mesoamericanas, foi apresentado média de 5 sementes/vagem. Para a MS, os cruzamentos e seus recíprocos ficaram alocados em grupos distintos, sendo que quando o genitor materno era andino, as médias resultantes foram maiores, entre 0,58 a 0,90 g, e quando genitor materno era mesoamericano, as médias ficaram entre 0,31 a 0,44 g. O mesmo fato se aplica a variável comprimento médio da semente. Sugere-se que as variáveis são influenciadas pelo genitor materno, caracterizando efeito citoplasmático. A incompatibilidade entre os *pools* gênicos não foi verificada quando utilizado esses genitores andinos e mesoamericanos, visto que houve formação de vagens e sementes que demonstraram potencial de germinação normal nos cruzamentos entre os dois grupos.

Palavras chaves: *Phaseolus vulgaris* L.; cruzamentos recíprocos; pool gênico;

POTENCIAL PRODUTIVO E VARIABILIDADE GENÉTICA EM COMPOSTO DE MILHO COM POTENCIAL PARA RESISTÊNCIA À CERCOSPORIOSE

André Cavalet Chavaglia¹, José Branco de Miranda Filho², Ederson Antônio Civardi³, Edésio Fialho dos Reis^{*4}

¹ Mestrado em Agronomia - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

² Bolsista PNPD/CAPES - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

³ Professor Titular do Departamento de Genética ESALQ/USP

⁴ Professor Associado - Universidade Federal de Goiás – Regional Jataí.

*edesiofr7@gmail.com

O estudo da variabilidade genética em populações é de grande importância para o melhorista, pois possibilita avaliar a qualidade do seu material genético para efeito de seleção e uso em programas de melhoramento. No caso do milho, a combinação de diferentes materiais genéticos, com formação de compostos, permite disponibilizar a variabilidade genética e ampliar a possibilidade de sucesso do melhorista para caracteres de interesse. Objetivou-se no presente trabalho avaliar um composto de milho, denominado RV-02, que foi derivado de híbridos comerciais, para estimar a variabilidade genética e o potencial agrônomo para caracteres relacionados ao desenvolvimento vegetativo, produção e o nível de tolerância à doença foliar cercosporiose. Da população RV-02 foram geradas 182 famílias de meios-irmãos (FMI) que foram distribuídos em 3 experimentos (60, 60 e 62 FMI), plantados em novembro de 2014. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com 3 repetições e parcelas de 4 metros com 20 plantas. Foram utilizadas duas testemunhas sendo uma medianamente suscetível a cercosporiose (SHS5050) e a segunda tolerante a cercosporiose (AG1051). Os genótipos foram avaliados em 12 caracteres quantitativos de interesse agrônomo: florescimento masculino (FM); florescimento feminino (FF); altura de planta (AP); altura da espiga (AE); comprimento do pendão (CP); número de ramificação do pendão (NRP); número de espigas (NE); diâmetro de espigas (DE); comprimento de espigas (CE); peso de espigas despalhadas (PE); peso de grãos (PG) e tolerância à cercosporiose (TDC). Para o caráter PG, as famílias de meios-irmãos produziram em média 5,17 t ha⁻¹, com produção máxima de 9,79 t ha⁻¹ e mínima de 1,98 t ha⁻¹, variabilidade genética aditiva de 312,74 g² planta⁻¹, herdabilidade média de 59,14% e índice de variação de 0,70. Algumas famílias superiores, que não diferiram estatisticamente para produção de grãos, foram classificadas como tolerantes a cercosporiose. As famílias de meios-irmãos possuem variabilidade genética e potencial produtivo para serem exploradas em programas de melhoramento além de tolerância ao fungo *Cercospora zea-maydis*.

Palavra chave: *Cercospora zea-maydis*; famílias de meios-irmãos; *Zea mays*

Agradecimentos: Aos órgãos de fomento à pesquisa CAPES e FAPEG.

POTENTIAL OF CORN GENOTYPES INTERCROPPED WITH BRACHIARIA IN CENTRAL TOCANTINS

Gilberto Coutinho Machado Filho^{1*}; Fabiano Rocha da Silva¹; Robson da Costa Leite¹; Marcelo Almeida Mota¹; Edson Santos Castro¹; Weslany Silva Rocha¹; Jossinara Fontella Ramires¹

¹Universidade Federal do Tocantins, Campus Gurupi. *E-mail: coutinhoagro@hotmail.com

Intercropping consist in growing two or more species with different vegetative cycles and architectures, simultaneously cultivated in same field and same period of time, not necessarily having been sown at the same time. Corn is the most used crop in intercropping systems with forages, especially *Brachiaria* spp. In general, the low corn yields in northern Brazil is a result of high temperatures, low technological level used by farmers and few adapted corn genotypes to abiotic stress conditions. For this reason, the objective of this work was to evaluate the potential of corn genotypes for grain production in intercropping system with Brachiaria grass in central Tocantins. The study was carry out in Porto Nacional, located in the central region of the State of Tocantins. The experimental design was in randomized blocks with four repetitions, in factorial 6x4, being evaluated 5 corn genotypes (G-52, G-54, G-60, G-90 and G-92) and a control DKB 175, in association with three forage species *Brachiaria Brizantha* cv. Marandu (C+B); *Brachiaria Ruziziensis* cv. Ruziziensis (C+R) and *Brachiaria Decumbens* cv. Basilisk (C+D) and single corn (without intercropping). The evaluated characteristics were Cob Length (CL), Number of Grains per Row (NGR), Weight of Cob with Stover (WC) and Grain Weight (GW) corrected to 13% moisture. The genotypes showed significant differences for all characteristics evaluated. According to the results obtained, genotypes G-52, G-54 and G-60 showed higher averages for characteristics WC and GW, and in contrast G-92 presented lower averages for all characteristics. On the other hand, the intercropping showed significant difference only for NGR characteristic. Occurred interaction between genotype and consortium, with significance for the characteristics CL and NGR. The association C+B caused higher averages compared to the other systems. In short, the genotype G-52 indicated superiority on the others and demonstrate potential for the use in intercropping systems.

Keywords: *Zea mays*; Intercropping; Genetic breeding

PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO EM HÍBRIDOS DE SORGO UTILIZANDO MODELO ADITIVO-MATERNO MULTICARACTERÍSTICO

Paulo Eduardo Teodoro^{1*}; Vinícius Junqueira¹, Leonardo de Azevedo Peixoto¹, Sandro Sponchiado², Cícero Bezerra de Menezes³, Flavio Dessaune Tardin³; Leonardo Lopes Bhering¹

¹Laboratório de Biometria, Universidade Federal de Viçosa. ²Universidade do Estado do Mato Grosso. ³Núcleo de Recursos Genéticos e Obtenção de Cultivares; Embrapa Milho e Sorgo. *E-mail do autor para correspondência: eduteodoro@hotmail.com.

Para lançamento de um genótipo de sorgo granífero no mercado é necessário que os híbridos apresentem porte baixo, para reduzir os riscos de acamamento e facilitar a colheita mecanizada; ciclo curto, pois o sorgo é cultivado em vários locais na segunda safra; além de alta produtividade. Este trabalho teve como objetivo avaliar o ganho genético decorrente do uso de um índice restrito para a seleção de híbridos de sorgo que reúnam alta produtividade de grãos, precocidade, e baixo porte. Os componentes de variância necessários pelo IS foram estimados supondo um modelo aditivo-materno multicaracterístico com inclusão de efeito de interação genótipos x ambientes (GxA). Os caracteres altura de plantas, dias para florescimento e produtividade de grãos foram avaliados em 502 híbridos de sorgo, cultivados em Sete Lagoas/MG e Sinop/MT. O experimento foi conduzido em látice com duas repetições. Os efeitos de ambiente e de e repetições/ambientes foram considerados como fixos. Os efeitos aleatórios de genótipos foram ajustados supondo os efeitos genéticos aditivo e materno correlacionados dentro de ambientes. A variância fenotípica de cada caráter foi desdobrada em variância genética aditiva, genética materna e variância residual. A média da altura de plantas nos dois ambientes está no intervalo ideal para a cultura, portanto, foi utilizado o índice de Kempthorne e Nordskog de forma a restringir os ganhos para este caráter em cada ambiente. A correlação genética aditiva entre os caracteres foi de baixa magnitude, o que possibilita selecionar híbridos que reúnam alta produtividade de grãos e precocidade. A seleção direta dos melhores híbridos visando precocidade e menor porte reduziu a produtividade em ambos os locais. A seleção direta com base na produtividade possibilitou ganhos positivos neste caráter em ambos os locais, porém nulos nos demais caracteres. O índice restrito aplicado em Sete Lagoas proporcionou ganhos positivos para a produtividade e a redução do florescimento em ambos os locais, sendo, portanto, uma estratégia de seleção eficiente para selecionar genótipos de sorgo precoces com alta produtividade e de baixo porte.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; índice restrito; matriz de parentesco

Agradecimentos: à FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais) e a Embrapa Milho e Sorgo pela disponibilização de recursos financeiros para esta pesquisa e ao CNPq pela concessão de bolsa produtividade para os dois últimos autores.

PREDIÇÃO DE GANHO POR ÍNDICE DE SELEÇÃO NO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MILHO COMUM

Marcelo Moura Chaves^{1*}; Jakson dos Santos Nascimento¹; Cicero Aritana Wilton Ferreira¹; Laura Leopoldina Sousa¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Junior³

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE. *marcelomoura873@gmail.com

²Doutorando em genética e melhoramento de plantas, UENF/Brasil valter_jario@hotmail.com

³Professor adjunto do curso de Agronomia da Universidade Federal do Cariri; UFCA/Crato-CE, silverio.freitas@ufca.edu.br

O índice de seleção é uma técnica multivariada que associa informações relativas a várias características de interesse agrônomo com propriedades genéticas da população avaliada. Por meio do índice de seleção é constituído um valor numérico, de caráter adicional e teórico, resultante da combinação das características sobre as quais se deseja proceder à seleção simultânea. O presente trabalho objetivou verificar o ganho na seleção de famílias de irmãos completos do primeiro ciclo de seleção recorrente de milho pelo índice de seleção de Mulamba e Mock. O ensaio de competição foi conduzido em dois anos agrícolas consecutivos: 2015 e 2016. Por meio do método de seleção recorrente, em uma amostra da população do milho comum crioulo Salva Terra, obtendo-se 210 famílias. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com repetições dentro de 'sets', com duas repetições e 30 tratamentos. Foram usados como pesos econômicos: coeficiente de variação genético (CVg), desvio-padrão genético (DPg), índice de variação (IV), Herdabilidade (h^2) e os pesos econômicos obtidos aleatoriamente por tentativas (PA), sendo a seleção praticada nas características; Peso de espiga (PE), Peso de grão (PG), Número de espiga por parcela (NE), Florescimento masculino (FM), Espiga mal empalhada (EMP), Número de espiga doente (ED) e Número de espiga atacada por pragas (EP). Os ganhos percentuais preditos para o índice de seleção de Mulamba e Mock, para todos os pesos econômicos, proporcionaram valores positivos para as duas principais características: PE e PG. Neste sentido, o peso econômico CVg obteve os menores ganhos para PE e PG, 12,45% e 12,96%, respectivamente. Quando se utilizou o peso econômico DPg, ocorreram os maiores ganhos para PE e PG, 27,23 e 28,23%. Observa-se que quando utilizado o DPg, PA e IV como pesos econômicos, foram encontrados ganhos percentuais acima de 20% para espigas e grãos. Já o peso herdabilidade (h^2) apresentou a melhor distribuição de ganhos para as características avaliadas, com percentuais de 18,15 e 19,42% para PE e PG, respectivamente e outros atributos desejáveis, como ganho de 2,11% em NE, além das características FM, EMP, ED e EP exibiram ganhos negativos, o que é de grande interesse, esperando-se uma população mais precoce e menos susceptível à pragas e doenças.

Palavras-chave: Ganho genético; seleção; mulamba e mock.

PREDIÇÃO DE GANHOS EM PROGÊNIES DO SEXTO CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM MILHO

Názila Nayara Silva de Oliveira¹; João Cândido de Souza²; Maria Beatriz Pereira da Silva³; Brenna Kelly da Silva Almeida⁴; Gustavo Andrade Cardoso⁵; Murilo Cândido Ruy⁶, Olinda Estefania Ocampos Báez⁷

^{1,2,3,4,5,6,7} Universidade Federal de Lavras. *nayara.sancho@hotmail.com

Dentre os métodos de melhoramento utilizados em milho, a seleção recorrente recíproca (SRR) caracteriza-se por melhorar simultaneamente as populações *per se* e os híbridos obtidos destas. Objetivou-se com o trabalho avaliar o potencial de progênies de irmãos germanos do sexto ciclo (C5) de SRR da Universidade Federal de Lavras (UFLA). O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, localizado em Lavras MG. O delineamento foi em DBCC com duas repetições, composto por 102 progênies e 3 híbridos simples comerciais, com aproximadamente 12 plantas por parcela. Foram avaliados Peso por Parcela (PP) em Kg e peso de 100 grãos (P100) em gramas, realizando-se a contagem de 100 grãos de 5 espigas por parcela. Para PP e P100, foram observadas diferenças significativas ao nível de 95% de confiança com um Coeficiente de Variação (CV) de 21,45% e de 7,65%, para PP e P100, respectivamente, o que mostra uma precisão experimental relativamente boa para o experimento, mesmo com número de repetições reduzido. A herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) foi de 31,09% para PP e 53,7% para P100. Esta h^2_a baixa para PP, provavelmente se deve ao fato de a produção ser um caráter poligênico e conseqüentemente altamente influenciado pelo ambiente. Como a h^2 foi considerada alta para P100, há a grande possibilidade de as diferenças detectadas serem de natureza genética possibilitando a identificação de genótipos superiores a partir de métodos simples de seleção. O ganho com a seleção (Gs) entre as 20 maiores médias foi de 9,32% (0,22kg) para PP (média=2,53Kg/parcela) e as progênies 49, 60, 95 e 101 foram as de maior rendimento, todas com PP acima de 3,14kg. Para P100 (média=35,69g) o ganho correspondeu a 5,93% (2,12g) e as progênies 66, 47, 61 e 81 foram superiores, acima de 40 g, superando a média da melhor testemunha que obteve 2,57kg/parcela e 37,52 g para PP e P100, respectivamente. A presença de várias progênies com maior rendimento que as testemunhas, indicam o potencial do Programa de SRR da UFLA em obter indivíduos superiores aos presentes no mercado o que pode ser reflexo da escolha adequada de populações que mostraram ter boa complementariedade com base no que foi visto. O ganho relativamente alto para ambas as características mostrou que é possível ter progressos substanciais nesse programa de SRR.

Palavras-chave: *Zea mays*; Peso por parcela; P100.

Agradecimentos: UFLA, Cnpq.

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM MILHO VERDE VISANDO MAIOR CAPACIDADE FOTOSSINTÉTICA

Carla Mariane Machado dos Santos¹; Felipe Ribeiro Ilaria¹; Juliana Bezerra Martins¹; Ayure Gomes da Silva¹; Matheus Alves Maciel¹; Luana Mesak¹; Fabrício Rodrigues^{1*}

¹Universidade Estadual de Goiás (UEG), Rodovia GO-330, Km 241, Anel Viário, Ipameri, GO, CEP: 75780-000. *E-mail: fabricio.rodrigues@ueg.br

O objetivo deste trabalho foi predizer os ganhos genéticos e identificar as melhores famílias para as principais características de interesse do programa de melhoramento de milho verde da UEG visando aumento na capacidade fotossintética. A população de trabalho consistiu de 64 famílias de meios-irmãos, obtidas do ciclo C₃ da população CMM, proveniente de uma população crioula da região de Goiás. As famílias foram avaliadas na safra 2016/17, no Câmpus de Ipameri, GO. E, para a identificação das famílias superiores quanto a sua capacidade fotossintética foi utilizada a metodologia adaptada Alvim et al. (2011). Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo cada família de meios-irmãos representada por uma linha de 4 metros, com espaçamento de 0,5 m entre fileiras e com três plantas por metro. Foram avaliadas as características de índice relativo de clorofila (IRC), altura de planta (ALT), altura de espiga (ALTE), no florescimento e, diâmetro de espiga (DIAM), comprimento de espiga (COMP), produtividade de espigas empalhadas (PEE), produtividade de espigas despalhadas (PED), produtividade de espigas comerciais (PEC), na maturação fisiológica. Os índices de seleção empregados para predizer os ganhos foram o sugerido por Mulamba e MockePesek e Baker, sendo atribuídos pesos conforme a média e a exigência do mercado consumidor. Para a realização das análises estatísticas utilizou-se o programa computacional GENES. Existe variabilidade para a capacidade fotossintética, confirmado também pela significância de IRC. O índice de Mulamba e Mocke apresenta maiores ganhos preditos para IRC e COMP, com ênfase para ALT e ALTE, os quais apresentam incrementos de 9,0 e 6,5 cm. Entretanto, o índice de Pesek e Baker possui ganho superior para as três produtividades de aproximadamente 277 kg ha⁻¹, além de 18% no DIAM, característica importante para o mercado. Apesar dessa diferença significativa em produtividade, as famílias de meios-irmãos selecionadas, possuem 54% de similaridade. Conclui-se que o índice de Pesek e Baker foi o que apresentou maiores ganhos preditos, apesar de redução de ALT, ALTE e menor ganho IRC.

Palavras-chave: *Zea mays*; herdabilidade; peso econômico.

Agradecimentos: Agradecemos a UEG por conceder a bolsa PIBIC/UEG a aluna Carla Mariane Machado dos Santos.

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM MILHO VISANDO O CONSUMO IN NATURA

Felipe Ribeiro Ilaria¹; Juliana Bezerra Martins¹; Carla Mariane Machado dos Santos¹; Ayure Gomes da Silva¹; Matheus Alves Maciel¹; Neftali Fonseca Silva¹; Fabricio Rodrigues^{1*}

¹Universidade Estadual de Goiás (UEG), Rodovia GO-330, Km 241, Anel Viário, Ipameri, GO, CEP: 75780-000. *E-mail: fabricio.rodrigues@ueg.br

Os programas de melhoramento são dinâmicos e disponibilizam um elevado número de sementes e, claro, de diferentes bases genéticas, com o intuito de atender a maioria dos produtores brasileiros e dos mais diversos níveis tecnológicos. Entretanto, o número de cultivares destinadas à produção de milho-verde é baixa, existindo a necessidade gerar novas linhagens, híbridos ou variedades capazes de atender esse mercado. O objetivo deste trabalho foi predizer os ganhos genéticos, utilizando dois índices de seleção, para as principais características de interesse do programa de melhoramento de milho verde da UEG. A população de trabalho consistiu de 51 famílias de meios-irmãos, obtidas do ciclo C2 da população MV-03, provenientes do cruzamento dos híbridos CN19-50 e CN26-50, posteriormente, cruzados com o AG1051. As famílias foram avaliadas na safra 2016/17, no Câmpus de Ipameri - GO. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições, sendo cada família representada por uma linha de 4 metros, com espaçamento de 0,5 m entre fileiras e com três plantas por metro. Foram avaliadas as características de índice relativo de clorofila (IRC), altura de planta (ALT), altura de espiga (ALTE), no florescimento e, diâmetro de espiga (DIAM), comprimento de espiga (COMP), produtividade de espigas empalhadas (PEE), produtividade de espigas despalhadas (PED), produtividade de espigas comerciais (PEC), na maturação fisiológica. Os índices de seleção empregados para predizer os ganhos foram o sugerido por Mulamba e Mock e Pesek e Baker, sendo atribuídos pesos conforme a média e a exigência do mercado consumidor. Para a realização das análises estatísticas utilizou-se o programa computacional GENES. Existem diferenças significativas para todas as variáveis estudadas, o que indica a presença de variabilidade e possibilidade de ganho com a seleção. Os índices permitiram a seleção simultânea das características com ênfase para as produtividades, com exceção de IRC no índice de Pesek e Baker, o qual apresentou ganho de -0,99 unidades falker. O índice de Mulamba e Mock apresentaram maiores ganhos para as famílias selecionadas, os quais IRC, ALT, ALTE, PEE e PED possuem valores médios de 6,9; 0,62; 1,9; 7,8; 6,2% superiores. Com base na PEC o índice de Pesek e Baker apresenta melhor resultado, com incrementos na produtividade de aproximadamente 142 kg. Conclui-se que o índice de Mulamba e Mock foi o que apresentou maiores ganhos e maior facilidade para a identificação de famílias superiores.

Palavras-chave: milho verde; herdabilidade; peso econômico.

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE MILHO PIPOCA

Renata Marchiori^{1*}; Priscila Carvalho da Silva¹, Everson Rader¹, Vander André Berres¹, Caroline Alves Gabbi¹, Jallerson Ribeiro de Souza¹, Liliam Silvia Candido¹

¹Universidade Federal da Grande Dourados; *r.marchiori.biotec@gmail.com

A correlação negativa entre os caracteres produtividade e capacidade de expansão já é conhecida e constitui um entrave aos programas de melhoramento de milho pipoca, pois dificulta a obtenção de ganhos simultâneos nessas características com a seleção. Uma alternativa para minimizar os efeitos dessa correlação pode ser utilizar na composição dos índices de seleção uma característica que de alguma forma incorpore componentes de produção e qualidade. Este trabalho foi realizado com o objetivo de prever os ganhos genéticos com a seleção de progênies de milho pipoca baseado em caracteres morfológicos, de produção, capacidade de expansão e volume de pipoca por hectare utilizando diferentes metodologias de índices de seleção. Foram avaliadas 23 progênies S₂ de milho pipoca em Dourados-MS, sendo mensuradas as características altura de plantas (AP) e de inserção de espiga (AE), em cm, número de plantas acamadas e quebradas (AQ), produtividade, em kg ha⁻¹ (PROD), número de espigas por parcela (NE), massa de 1000 grãos, em g (M1000), capacidade de expansão em g ml⁻¹(CE) e volume de pipoca expandida por hectare (VP). Foi realizada a predição de ganhos baseado nos índices Smith (1936) e Hazel (1943) (SH), Mulamba e Mock (1978) (MM), Williams (1962) (W), Pesek e Baker (1969) (PB) e distância Genótipo-Ideótipo (G-I), tendo como peso a herdabilidade obtida para cada característica. A utilização das diferentes metodologias de índices de seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos em todas as características de produção e qualidade. Os ganhos preditos para CE com os índices SH, MM, W, PB e G-I foram, 4,36%, 7,88%, 5,83%, 3,24% e 4,66%, respectivamente e para PROD foram 30,38%, 30,41%, 34,43%, 9,27% e 30,46%, respectivamente. Apesar de prever aumento de 10% de AQ a seleção realizada com base no índice de Mulamba e Mock (1978) previu os maiores ganhos simultâneos em CE e PROD, principais características da cultura. As oito progênies selecionadas pelo índice MM foram 3, 9, 5, 21, 15, 1, 17 e 2, sendo que as progênies 9 e 15 foram selecionadas por todas as metodologias. A utilização da característica volume de pipoca como critério na composição dos índices de seleção avaliados possivelmente favoreceu a predição de ganhos simultâneos em capacidade de expansão e produtividade.

Palavras-chave: capacidade de expansão; herdabilidade; produtividade

PRODUTIVIDADE DE GENÓTIPOS DE MILHO INOCULADOS COM *Azospirillum brasilense*

Gustavo Vitti Mômoro^{1*}; Rodolfo Buzinaro¹; Cláudio Lopes de Souza Júnior²

¹ Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”/Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP Jaboticabal; ² Universidade de São Paulo/Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. *E-mail do autor para correspondência: gvmoro@fcav.unesp.br.

A identificação de genótipos de milho eficientes na associação com *Azospirillum brasilense* é desejável, pois permite aumentar o uso de bactérias diazotróficas e reduzir a adubação nitrogenada na cultura. O objetivo deste trabalho foi avaliar a resposta de genótipos de milho à inoculação com *Azospirillum brasilense*. Foram utilizados 49 genótipos de milho (48 híbridos F1's obtidos do cruzamento entre 6 e 8 linhagens de dois grupos heteróticos em esquema de dialelo parcial, pertencentes ao programa de melhoramento genético de milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP e o híbrido comercial DKB 390) e o inoculante Qualifix Gramíneas (*Azospirillum brasilense*), em 3 experimentos na mesma área: 1) sem inoculação com *Azospirillum* (A) e sem adubação Nitrogenada de cobertura (N) (controle), 2) com A e sem N e 3) sem A e com N. Foi avaliada a produtividade de grãos, realizando-se análise de variância e teste de Tukey. Houve aumento da produtividade tanto quando foi realizada a inoculação quanto a adubação, em relação ao experimento controle, com aumentos de 40% e 75%, respectivamente. As médias para cada genótipo, obtidas nos diferentes experimentos, evidenciam a importância da interação dos genótipos com a inoculação/cobertura, bem como a possibilidade de selecionar genótipos mais eficientes na associação com o *Azospirillum*, pois para muitos genótipos não foi detectada diferença significativa entre a produtividade obtida utilizando N e àquela obtida com o *Azospirillum*. Na comparação com o experimento controle a produtividade do genótipo 2 aumentou 436% com o A e 443% com N. Para o genótipo 11 esse incremento foi de 352% e 442%, para o genótipo 30 de 204% e 228% e para o genótipo 36 de 320% e 385% com A e o N, respectivamente. A comparação da produtividade obtida quando a adubação Nitrogenada foi substituída pela inoculação foi de 99%, 83%, 93% e 87% considerando os genótipos 2, 11, 30 e 36 respectivamente. Algumas associações entre os genótipos e o *Azospirillum brasilense* foram tão eficientes que permitem a substituição parcial da fertilização com nitrogênio pela inoculação. O *Azospirillum brasilense* forneceu resultados satisfatórios para a produtividade de milho, sendo uma alternativa viável e sustentável. Como os genótipos respondem de forma diferenciada em relação à inoculação, a adoção e o desenvolvimento de genótipos mais responsivos pelos agricultores proporcionará maiores ganhos de produtividade com menor utilização de adubação nitrogenada.

Palavras-chave: *Zea mays*; bactérias diazotróficas; eficiência

PRODUTIVIDADE DE LINHAGENS DE MAMONA EM DIFERENTES LOCAIS E EM ÉPOCAS DE SEMEADURA

Jackson da Silva^{1*}; Mauricio Dutra Zanotto¹; Deoclecio Jardim Amorim¹;
Andréia Rodrigues Ramos¹; Maria Márcia Pereira Sartori¹

¹Departamento de Produção e Melhoramento Vegetal, Faculdade de Ciências Agronômicas UNESP/Botucatu. *E-mail: jackson.silva.batalha@gmail.com.

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma planta de origem tropical, com elevada plasticidade fenotípica e ampla adaptação a diferentes ambientes, tendo inúmeras utilidades para indústria. No entanto, a cultura apresenta produtividade nacional média muito pequena, sendo obtido na safra 2015/16 o montante de 465 kg.ha⁻¹. Esse fato se deve a utilização de variedades pouco adaptadas às regiões produtoras, constata-se também a influência da época de semeadura. Diante do exposto, objetivou-se com o presente trabalho avaliar a produtividade de linhagens de mamona em diferentes locais e em épocas de semeadura. Os experimentos foram desenvolvidos em novembro de 2014 (primavera-verão) e em março 2015 (outono-inverno), nos municípios de Botucatu e São Manuel, ambos do Estado de São Paulo. Os tratamentos consistiram em 20 linhagens obtidas da População FCA porte baixo de mamona desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Mamona do Departamento de Produção Vegetal, da Faculdade de Ciências Agronômicas/UNESP, duas épocas de semeadura primavera-verão e outono-inverno em dois locais, Botucatu e São Manuel, sendo o delineamento experimental um fatorial triplo em blocos ao acaso com três repetições. A parcela experimental constitui-se de três linhas de 10 m de comprimento, com espaçamento entre linhas e entre plantas de 1,0 m, sendo a área útil da parcela de 8 m². Na ocasião da colheita, aos 8 meses, avaliou-se a produtividade de grão, esses dados foram submetidos a análise de variância sendo as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Houve influência na produtividade para as diferentes linhagens, locais e épocas de semeadura (p< 0,01). As linhagens 4, 5, 7, 14, 15 e 19 na época de semeadura de primavera-verão para a cidade Botucatu foram as mais produtivas, obtendo de 1469, 1765, 1795, 1573, 1832 e 1585 kg ha⁻¹ respectivamente, já para a cidade de São Manuel as linhagens que tiveram maiores produtividades foram a 1, 8, 11 e 16 com 2799, 2815, 2712 e 2978 kg.ha⁻¹ respectivamente, para a época de primavera-verão. No entanto, as linhagens 4, 5, 7, 15 e 19, apresentaram estabilidade entre os ambientes, tendo produtividade acima de 1300 kg ha⁻¹. Concluindo-se que as linhagens 4, 5, 7, 15 e 19 são as mais adaptadas aos municípios de Botucatu e São Manoel.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L.; adaptabilidade; semeio

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo auxílio financeiro (processo nº 310794/2015-3) e bolsa (processo nº 134541/2016-2).

PRODUTIVIDADE E TEMPO DE COCÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO EM DIFERENTES AMBIENTES E ÉPOCAS DE CULTIVO

Noelly Maria Zimpel Trecenti¹; Acácia Mecejana Diniz Souza^{1*}; Marielle Azevedo de Castro Lopes Secco²; João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹; Cássia Regina Limonta Carvalho¹; Sergio Augusto Morais Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹

¹Instituto Agrônomo (IAC); ²Universidade Estadual de Campinas (Unicamp); *E-mail: acacia@hotmail.com.br

O feijão é importante na alimentação humana pelo seu valor nutricional. Para os programas de melhoramento vários aspectos são considerados: alta produtividade, características relacionadas com a aceitação de mercado por meio da cor do tegumento, tamanho, brilho e cocção. O objetivo do trabalho foi avaliar a influência das épocas de semeadura em 23 genótipos de feijoeiro em ensaios de Valor de Cultivo e Uso para produção de grãos e tempo de cocção nas épocas de semeadura da seca, de inverno e das águas no ano agrícola de 2016. O delineamento experimental foi de blocos casualizados com três repetições. Para produtividade foi utilizado o teste de Dunnett ao nível de 5% de probabilidade comparando-se com as testemunhas IAC Milênio e BRS Pérola para o grupo carioca e IAC Netuno e IAC Una para o grupo preto. Para o teste de cocção, a avaliação das linhagens foi obtida em minutos utilizando o cozedor de Mattson. De acordo com os resultados de produtividade de grãos, os melhores genótipos na época da seca considerando o tegumento carioca foram LP 11-363 (4379 kg/ha⁻¹) e o GEN 12-2F-67 (4188 kg/ha⁻¹) comparado com as testemunhas IAC Milênio (3475 kg/ha⁻¹) e Pérola (3352 kg/ha⁻¹). Para o grupo preto o genótipo CHP 99-65-24 apresentou produtividade média de 3575 kg/ha⁻¹ estando abaixo da testemunha IAC Netuno com produtividade média de 3894 kg/ha⁻¹. Na época inverno a testemunha IAC Milênio do grupo carioca foi superior às linhagens apresentando produtividade média de 2356 kg/ha⁻¹. Para época das águas no grupo carioca destacaram-se os genótipos GEN 45-2F-293P e CHC 01-175-1 com 2423 kg/ha⁻¹ e 2185 kg/ha⁻¹, respectivamente, quando comparado com a testemunha Pérola (1740 kg/ha⁻¹). No grupo preto, para a mesma época, novamente a testemunha IAC Netuno superou as linhagens em produtividade, apresentando 2029 kg/ha⁻¹. Quanto ao tempo de cocção, as linhagens do grupo carioca LP 11-363 e GEN 4-1F-19P mostraram as menores médias, sendo 27,28 min. e 30,33 min., respectivamente, quando comparado com a testemunha IAC Milênio (38,24 min.). O grupo de tegumento preto, o menor tempo foi observado para CHP 99-65-24 com média de 33,27 min. e sua testemunha IAC Una com 31,21 min. Por meio dos resultados foi possível identificar genótipos superiores, permitindo a recomendação de novas cultivares ao setor produtivo, aliando características importantes como capacidade produtiva e menor tempo de cozimento, fatores estes que contemplam ao consumidor e ao agricultor.

Palavras-chave: VCU; *Phaseolus vulgaris* L; cozedor de Mattson.

PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA AGRICULTURA FAMILIAR EM GOIÁS

Luma Mariano Cascão¹; Anderson Gomes da Silva¹; Patrícia Guimarães Santos Melo¹;

¹Universidade Federal de Goiás. *e-mail: lumamarianoagr@hotmail.com

A cultura do arroz de terras altas é plantada praticamente em todas as regiões do Brasil, em uma ampla diversidade de cultivo, que vai desde as lavouras mais tecnificadas até agricultura em pequena escala, explorada por pequenos agricultores. A sustentabilidade da cultura do arroz de terras altas em ambiente de pequenos produtores tem demandado cultivares com características compatíveis com uma agricultura, cujos produtores freqüentemente não dispõem de recursos para investimento em tecnologias como fertilizantes e outros agroquímicos. Neste contexto a Universidade Federal de Goiás, a Embrapa Arroz e Feijão e a Emater implementaram um programa de desenvolvimento de cultivares de arroz direcionadas para a pequena propriedade, utilizando o procedimento denominado de melhoramento participativo. Assim, os objetivos deste trabalho foram selecionar linhagens e cultivares de arroz de terras altas adaptadas ao sistema de produção em que se utiliza pouca tecnologia no manejo. Todos os anos foram implementados os ensaios de Viveiro de Seleção de progênies (VSP), Ensaio de Observação de Linhagens (EOL), Ensaio Preliminar de Rendimento (EPR) e Valor de Cultivo e Uso (VCU). Em todos ensaios foram selecionadas plantas ou progênies que atendessem os objetivos do programa. Nos ensaios finais (VCU) realizou-se estudo de interação de genótipos com ambientes e análise de adaptabilidade e estabilidade de linhagens e cultivares para produtividade de grãos, altura de plantas e dias para florescimento. Os resultados mostraram que a linhagem CSD 09005 apresentou boa adaptação geral, nos ambientes desfavoráveis foi a mais produtiva e respondeu bem a melhoria dos ambientes. Outras duas linhagens que também se destacaram foram CSD 09003 e CSD 09006. Para altura de plantas e dias de florescimento houve pouca variação entre os genótipos na adaptação geral e em ambientes desfavoráveis e favoráveis. A altura média dos genótipos foi de 97 cm e o florescimento de 89 dias. A indicação como cultivares irá depender da viabilidade de produção de sementes em parceria com empresas, uma vez que a UFG não possui estrutura adequada para produção de sementes. Porém, o mais importante neste fase é produzir a semente genética e divulgar estas linhagens entre os agricultores nas Unidades de Avaliação Participativa (UAP), para que possam ser validadas e aceitas ou não pelos agricultores

Palavras-chave: *Oryza sativa*; interação genótipos x ambientes; adaptabilidade e estabilidade.

PROGRESSO GENÉTICO DA REAÇÃO A BRUSONE NAS FOLHAS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS

Matheus Souza de Barros¹; Patrícia Guimarães Santos Melo²;
Odilon P. de Moraes Júnior³; Orlando Peixoto de Moraes⁴.

¹Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG-GO, ²Professora da Universidade Federal de Goiás - GO, Setor de Melhoramento de Plantas, ³Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. ⁴Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão. *mbarros.agro@gmail.com

As doenças em plantas são fatores limitantes do rendimento e da qualidade da produção de culturas agrícolas. A brusone, *Magnaporthe grisea* (Hebert), é uma doença muito disseminada e altamente destrutiva que possui vários hospedeiros. Na cultura do arroz cultivado em terras altas a brusone é a principal doença que afeta vários órgãos da planta, causando perdas expressivas de rendimento e qualidade. A resistência genética é um dos pilares do manejo integrado de doenças de plantas, e se apresenta como o método de controle mais ecologicamente equilibrado, sendo assim, um dos objetivos dos programas de melhoramento. Nesse sentido, o progresso genético da resistência a doenças é um indicador da efetividade das estratégias adotadas pelos melhoristas para o desenvolvimento desse caráter. Este estudo objetivou estimar o progresso genético em treze anos de avaliação de famílias $F_{2:4}$ do programa de melhoramento genético de arroz de terras altas desenvolvido pela Embrapa Arroz e Feijão. Foram avaliados dados provenientes dos ensaios de rendimento de famílias $F_{2:4}$ realizados em treze locais no período de 2003 a 2016. Os ensaios foram delineados em blocos aumentados de Federer, com duas repetições em alguns anos. A avaliação foi realizada mediante a atribuição de notas de severidade da doença, por infecção natural, variando de zero (folhas sem lesões) a nove (mais de 75% da área foliar apresentando lesões típicas de brusone). O progresso genético foi estimado pelo método da regressão linear generalizada das médias de famílias por ano de avaliação. Para a estimativa das médias foi aplicado um modelo de efeitos mistos, em que apenas o efeito dos grupos de famílias (cada grupo representa um ano) e o grupo de testemunhas (as testemunhas em todos os anos foram reunidas em um único grupo) foram considerados fixos. Os resultados indicaram um progresso de 1,53% ao ano, estimado pela equação da reta da regressão $y = 2,315 - 0,035x$, $p(\beta_1 = 0) < 0,05$, em todo o período. O intercepto estimado apresentou uma nota relativamente baixa (2,315) o que indica que as famílias apresentavam um nível satisfatório de tolerância a brusone nas folhas no início do período estudado. Na escala de notas, a nota dois é atribuída a lesões de cor marrom de 1 a 2 mm, necrótica sem centro esporulativo. O coeficiente angular da reta estimada representa o progresso por unidade de tempo (ano), de modo que, o valor (-0,035), apesar da pequena magnitude indica uma redução progressiva da severidade das lesões no decorrer dos anos. Deste modo, o programa de melhoramento tem sido eficiente em promover a resistência genética à brusone nas folhas em arroz de terras altas.

Palavras-chave: *Magnaporthe grisea*; arroz de terras altas; progresso genético.

Agradecimento: Ao Dr. Orlando Peixoto de Moraes (*in memoriam*).

PROGRESSO GENÉTICO DO FEIJOEIRO, BASEADO NA ANÁLISE AGRUPADA COM TESTEMUNHAS COMUNS

Anatércia Ferreira Alves¹; Maria Ivanessa Duarte Ribeiro^{1*}; Deurimar Herênio Gonçalves Júnior¹; Lohaynne de Melo Rodrigues¹; Elton Ferreira Lima¹; Kalyne Pereira Miranda Nascimento¹; Cleonilde da Conceição Silva Queiroz¹

¹Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão. *E-mail: ivanessaribeiro2@gmail.com

Em um programa de melhoramento, várias estratégias podem ser utilizadas e são passíveis de bons resultados. A hibridação é rotina nos programas de melhoramento da atualidade e tem sido a principal fonte de novas linhagens de feijoeiro. A estimativa periódica do progresso genético é fundamental para orientar os melhoristas a respeito das estratégias seletivas utilizadas e das alternativas que poderiam ser adotadas para ampliar sua eficiência. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar o progresso genético de dois ciclos de seleção recorrente com base na avaliação de famílias com testemunhas comuns. Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental de Coimbra, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. A população base, ciclo zero (C_0), foi obtida pela combinação de 20 genitores de grãos tipo carioca, portadores de fenótipos favoráveis para vários caracteres de interesse agrônômico. Os genitores foram recombinados em esquema de dialelo circulante, com cada genitor participando de dois cruzamentos, gerando 20 populações. Dessas populações, foram derivadas as famílias e avaliadas por três safras, nas gerações $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$. O mesmo procedimento de recombinação e avaliação do C_0 foram realizados no ciclo um (C_1). O progresso genético para produtividade foi estimado com base no desempenho das famílias das gerações $F_{2:3}$ (safras do inverno de 2007 e de 2010, sendo 380 famílias), $F_{2:4}$ (safras da “seca” de 2008 e de 2011, 160 famílias) e $F_{2:5}$ (safras do inverno de 2008 e de 201, 40 famílias) de ambos os ciclos C_0 e C_1 , respectivamente. Inicialmente, foi realizada uma análise de variância agrupada e as médias das famílias ajustadas pelo efeito das testemunhas comuns aos dois experimentos. Utilizando as médias ajustadas, foi estimado o progresso genético. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES. As médias ajustadas da produtividade, referente às famílias $F_{2:3}$ no ciclo C_0 , C_1 e testemunha foram de 3021Kg.ha⁻¹, 3736Kg.ha⁻¹ e 3044Kg.ha⁻¹, respectivamente. Referentes às famílias $F_{2:4}$ no ciclo C_0 , C_1 e testemunha foram de 3295Kg.ha⁻¹, 3762Kg.ha⁻¹ e 3189Kg.ha⁻¹, respectivamente. E para as famílias $F_{2:5}$ no ciclo C_0 , C_1 e testemunha foram de 3639Kg.ha⁻¹, 4242Kg.ha⁻¹ e 3491Kg.ha⁻¹, respectivamente. Em todas as gerações as famílias do C_1 foram superiores às do C_0 . Essa superioridade também foi constatada em relação às testemunhas. As estimativas do progresso genético foram obtidas considerando as famílias de cada geração. Os ganhos genéticos para produtividade de grãos foram de 23,7%, 14,2% e 16,6%, para as gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e $F_{2:5}$, respectivamente. Houve uma superestimativa do progresso genético quando se utilizou as famílias em cada ciclo com uso de testemunhas comuns, quando comparados em outros trabalhos com progresso de avaliação simultânea.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; ganho genético; genótipos.

COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS ELITE DE ARROZ IRRIGADO EM ENSAIOS VCU'S EM MINAS GERAIS: SAFRA 2015/2016

Plínio Soares^{1*}; Raphael Gonçalves²; Gabriel Oliveira²; Moisés Reis³; Aurinelza Condé³; Paula Torga⁴

¹Pesquisador EPAMIG/ Sudeste; ²Bolsistas PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG; ³Pesquisadores EPAMIG /Sul; ⁴Pesquisadora Embrapa Arroz e Feijão. *plinio@epamig.br

O arroz, considerado um dos alimentos com melhor balanceamento nutricional, é uma cultura que apresenta ampla estabilidade a diferentes condições de solo e clima, sendo a espécie com maior potencial de aumento de produção, podendo contribuir decisivamente para a melhoria da nutrição e qualidade de vida do povo mineiro. O programa de melhoramento genético de arroz irrigado em Minas Gerais visa identificar genótipos com alto potencial produtivo e ótima estabilidade, sob diferentes condições ambientais, para serem lançados como novas cultivares. O ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) é a última etapa do programa de melhoramento antes do lançamento de novas cultivares. Os VCU's foram conduzidos com 25 genótipos, incluindo cinco testemunhas: Rio Grande, Ourominas, Seleta, Predileta e Rubelita. Estes foram implantados, em novembro de 2015, em condições de solos de várzeas irrigados por inundação contínua, em dois locais: Campo Experimental de Gortuba (CEGR), no município de Nova Porteirinha e no Campo Experimental de Leopoldina (CELP). Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições, cujas parcelas foram constituídas de cinco fileiras de plantas de 5m de comprimento, espaçadas de 30 cm entre si. Como área útil da parcela, colheram-se os quatro metros centrais das três fileiras internas, totalizando 3,60m². A adubação foi realizada de acordo com a análise do solo e exigência da cultura. As características agrônomicas avaliadas foram: produtividade de grãos (kg ha⁻¹), floração (dias), altura de plantas (cm), peso de 100 grãos (g), dimensões de grãos, rendimento de grãos inteiros e perfilhamento. De acordo com os dados das análises de variância individuais e conjunta, não se constatou diferenças significativas entre os ambientes para a produtividade de grãos. porém, para altura de plantas as diferenças foram significativas. Para produtividade de grãos, a média geral dos ensaios situou-se em 6416 kg ha⁻¹. Quanto à floração, a média foi de 103 dias, já para o porte de plantas, a média foi de 100 cm. No que concerne ao rendimento de grãos inteiros, a média dos ensaios foi de 61,00%. De acordo com os resultados obtidos nas safras anteriores e com os apresentados na atual safra, as linhagens elite com maiores chances de serem lançadas como cultivares são: CNAi 9091, BRA 02691 e BRA 031006.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo financiamento dos projetos de pesquisa e concessão de bolsas e à EMBRAPA Arroz e Feijão pelo fornecimento de germoplasma de arroz.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; Arroz de várzea; Lançamento de cultivares.

RENDIMENTO DE GRÃOS E CARACTERES AGRONÔMICOS ASSOCIADOS NO MELHORAMENTO DE SOJA NO BRASIL

Matheus Henrique Todeschini^{1*}; Lucas Vinícius Dallacorte¹; Ricardo Antônio Lucion¹; Thiago Duarte¹; Antônio Henrique Bozi¹; Anderson Simionato Milioli¹; Giovani Benin¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, Campus Pato Branco – PR.
*matheus_todeschini@hotmail.com

Por ser utilizada nos mais diversos ramos da agroindústria, a soja está entre as principais culturas produzidas em nível global. No início do desenvolvimento da cultura no Brasil, por volta de 1970, a produtividade média era de 1.748 Kg ha⁻¹. Atualmente, com inúmeros avanços em genética e manejo, a produtividade média é de aproximadamente 3.000 Kg ha⁻¹. Nesse sentido, pesquisas com progresso genético de caracteres agronômicos são de grande valia em programas de melhoramento, pois podem indicar novos rumos para a continuidade do progresso genético. O objetivo deste trabalho foi caracterizar o rendimento de grãos e caracteres agronômicos de cultivares de soja lançadas no período de 1965 a 2011. O experimento foi conduzido em Pato Branco-PR. Foram avaliados os caracteres altura de planta, inserção da primeira vagem, número de vagens por planta, índice de colheita e o rendimento de grãos. Todos os caracteres avaliados foram significativos a 1% de significância pelo teste t. O rendimento de grãos apresentou um acréscimo de 39.8 kgha⁻¹ ano⁻¹, o que representou um ganho genético de 1.4% ano⁻¹ no período de 1965 e 2011. Este aumento é consideravelmente elevado, quando comparado ao ganho genético da cultura em nível global. O ganho genético no rendimento de grãos esteve associado ao incremento em vagens por planta ($r= 0,47^{**}$), índice de colheita ($r= 0,65^{**}$), inserção da primeira vagem ($r= 0,61^{**}$) e a redução da altura de plantas ($r= -0,56^{**}$), do acamamento ($r= -0.47^{**}$) e do número de ramos por planta ($r= -0.7^{**}$). Conclui-se que os programas de melhoramento genético com a cultura da soja foram eficientes em elevar o número de vagens por planta, índice de colheita e inserção de primeira vagem, e também na redução do acamamento, altura de plantas e número de ramos por planta, culminando em plantas de melhor arquitetura e maior potencial produtivo.

Palavras-chave: *Glycinemax* (L.) Merrill; Rendimento de grãos; Progresso Genético.

PROGRESSO GENÉTICO E EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO DE LINHAGENS DE TERRAS ALTAS VIA MODELOS MISTOS

Amanda Mendes de Moura¹; Monique Carolina Nunes Fernandes¹; Cinthia Souza Rodrigues¹; Clésio Teixeira da Silva¹; Rossiane Oliveira Vilela¹
Flávia Barbosa Silva Botelho¹; Adriano Pereira de Castro²;

¹Universidade Federal de Lavras/UFLA - Lavras - MG/Brasil. ² Embrapa Arroz e Feijão.
*E-mail do autor para correspondência: amandammoura.agro@gmail.com.

Dentro dos programas de melhoramento faz-se necessário a obtenção das estimativas de ganhos genéticos e progresso ao longo dos anos a fim de que se possa avaliar a eficiência do programa na condução e seleção das populações. Os dados tornam-se desbalanceados e, nestes casos, os modelos mistos destacam-se como ferramentas de suma importância na análise dos dados. Assim, objetivou-se verificar o ganho genético e o dinamismo dos ensaios preliminares do programa de melhoramento de arroz de terras altas da UFLA, em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e a EPAMIG. Os experimentos foram conduzidos em um total de cinco ambientes, durante três anos, totalizando 91 genótipos. O caráter avaliado foi produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software R. Adotou-se o procedimento REML/BLUP, em que os componentes de variância foram estimados via REML (restricted maximum likelihood) e a predição das médias ajustadas por meio do BLUP (best linear unbiased prediction). A significância das estimativas de variância foi testada pelo teste de máxima verossimilhança (likelihood test) pela análise de deviance. Avaliou-se o dinamismo dos ensaios preliminares, pela taxa de substituição genotípica entre um ano e outro e, também, obtido o progresso genético de renovação (PGR), o qual considerou a média dos genótipos introduzidos no ano (i) em relação à média dos genótipos excluídos no ano anterior ($i - 1$). O valor do coeficiente de variação (CV) foi de 15,99%, indicando alta precisão na condução experimental, além disso, houve significância para variância genética e de interação genótipos x ambientes, indicando variabilidade entre os genótipos e influência ambiental na expressão fenotípica. Foi detectada taxa média de renovação de genótipos (76%) resultado favorável, indicando dinamismo nestes ensaios. Constatou-se um progresso genético médio de renovação (PGR) de $53,5\text{kg}(\text{ha}\cdot\text{ano}^{-1})$, isto é, em média, os genótipos introduzidos no ano foram superiores aos excluídos no ano anterior. Conclui-se que os ensaios preliminares, nos anos avaliados, foram dinâmicos e eficientes na seleção de genótipos superiores, com ganho médio de renovação de $53,5\text{ kg}(\text{ha}\cdot\text{ano}^{-1})$.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; progresso genético; melhoramento de plantas.

Agradecimentos: Capes, CNPq e FAPEMIG

PROGRESSO GENÉTICO E SELEÇÃO DE LINHAGENS PRECOSES EM ARROZ DE TERRAS ALTAS

Flávia Barbosa Silva Botelho¹; Amanda Mendes Moura¹, Bruno Manoel Rezende de Melo¹, Douglas Goulart Castro¹, Camila de Souza Rodrigues¹, Reinaldo Soares Cozassa¹, Adriano Pereira de Castro².

¹Universidade Federal de Lavras/UFLA - Lavras - MG/Brasil. ² Embrapa Arroz e Feijão
* E-mail do autor para correspondência: flaviabotelho@dag.ufla.br.

A cultura de arroz em sistema de terras altas tem sido considerada de alto risco, devido à ocorrência de veranicos durante a fase de florescimento da planta. O déficit hídrico, em dias que antecedem a floração, resulta em considerável porcentagem de espiguetas estéreis, reduzindo a produtividade de grãos. Desta forma, é desejável no melhoramento, a seleção e obtenção de genótipos que apresentem florescimento precoce, propiciando, o escape das plantas às adversidades climáticas. Assim, objetivou-se avaliar dentro do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFLA, o progresso genético para dias ao florescimento em genótipos pertencentes aos Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Foram avaliadas, na totalidade, 34 linhagens em quatro safras, compreendidas entre 2013/14 a 2016/17, e em três locais. Os experimentos foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados, com três repetições e parcelas constituídas por 5 linhas de 4 metros, espaçadas 0,35 m. Avaliou-se o número de dias decorridos da semeadura até quando 50% das plantas da parcela estivessem com as panículas emitidas. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software R. Em virtude do desbalanceamento dos dados, devido à inclusão e exclusão de genótipos entre uma safra e outra, optou-se pela abordagem de modelos mistos. Os componentes de variância foram estimados via REML (máxima verossimilhança restrita) e a predição das médias ajustadas BLUP (melhor preditor não viesado). O progresso genético entre os pares de anos foi estimado com base nas médias BLUP's, considerando a média das linhagens introduzidas no ensaio em relação às mantidas do ano anterior. O coeficiente de variação (CV) foi de 4,26%, apresentando alta confiabilidade e precisão experimental. A variância genética e a de interação genótipos x ambientes foram significativas pelo teste da máxima verossimilhança restrita (likelihood ratio test) indicando variabilidade entre as linhagens e não coincidência das mesmas nos diferentes ambientes. Observou-se, em média, um progresso genético negativo, fato desejável no melhoramento, pois indica redução nos dias para florescimento, ou seja, introdução de linhagens mais precoces no programa ao longo das safras. O resultado é evidenciado pela equação de regressão estimada, ($R^2 = 0,93$) em que se observou um ganho anual de -1,46 dias ao florescimento. Desta forma, pode-se inferir que houve eficiência na seleção de linhagens precoces ao longo das safras 2013/14 a 2016/17.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L., ganho genético, melhoramento de plantas.

Agradecimentos: Capes, CNPq e Fapemig.

QTL MAPPING FOR PHOSPHORUS EFFICIENCY IN SORGHUM

Karine da Costa Bernardino¹; Maria Marta Pastina²; Pedro Crescêncio Souza Carneiro¹; Robert Eugene Schaffert²; Jurandir Vieira de Magalhães^{2*}

¹Universidade Federal de Viçosa (UFV); ²Embrapa Milho e Sorgo. *Corresponding author E-mail: magalhaes@embrapa.br

The sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) crop has significantly expanded in Brazil in recent years. However, low pH, aluminum (Al) toxicity, low phosphorus (P) availability and low fertility are limiting factors for further sorghum expansion into large areas of the Brazilian Cerrado. Phosphate fertilization has been used to increase available P in the soil thus mitigating P deficiency on tropical regions. However, rock phosphate is a non-renewable natural resource which is being rapidly exhausted, increasing production costs. Thus, the development of cultivars that are more productive under stress is vital for agricultural sustainability in tropical regions. The present study aimed at identifying quantitative trait loci (QTL) for grain yield for sorghum cultivated under low P availability in the soil. For this purpose, a mapping population of 396 recombinant inbred lines (RILs) derived from a cross between contrasting parents for P efficiency, BR007 and SC283, was phenotyped for grain yield under low P availability in the field at the Embrapa Maize and Sorghum research station (Sete Lagoas, Minas Gerais, Brazil). Genotyping was undertaken by sequencing (GBS, genotyping-by-sequencing). Mixed models were fitted to a group of experiments, each disposed as an incomplete block design, to obtain best linear unbiased estimators (BLUEs) for grain yield with the GenStat software. QTL mapping was done with the OneQTL package implemented in R. Heritability was estimated as 0.54 and the coefficient of variation was 34%, indicating potential for QTL identification. We identified single QTL on chromosomes 1, 7, 8, 9 and 10, two each on chromosomes 3 and 4, and three QTL on chromosome 6. QTL on chromosomes 3 (2.63 Mb) and 7 (2.55 Mb) co-localized with *SbPSTOL1* genes previously implicated in controlling root traits. Therefore, our data suggests that these QTL can be used to increase sorghum grain yield under low P conditions. Molecular markers for these QTL have potential use in breeding strategies aimed at developing sorghum cultivars with superior performance under P stress.

Key-words: *Sorghum bicolor*; grain yield; phosphorus stress

Acknowledgements: EMBRAPA, Fapemig e CNPq.

QTL MAPPING OF MULTIPLE TRAITS IN MAIZE: GRAIN YIELD AND KERNEL TRAITS

Sueme Ueno¹; Claudio Lopes de Souza Junior¹

¹University of Sao Paulo; College of Agriculture "Luiz de Queiroz"; Department of Genetics; Piracicaba; Sao Paulo; Brazil; E-mail: sueme@usp.br

Grain yield is a very complex quantitative trait and presents a low heritability coefficient in a plant-basis, whichs low the response to selection in breeding programs. The understanding of genetic architecture of grain yield and related traits could be useful to circumvent the low response to selection. In this context, kernel row number per ear (RN) and kernel number per row (KN) are important grain yield (GY) components, that could directly affects grain yield. The objectives of this research were: (i) estimate genetic parameters for GY, NR and KN, and (ii) verify evidences of pleiotropy involving these three traits. The genetic material was a maize population developed from the cross of two inbred lines following the Design III, consisting of 500 backcrossed progenies to the inbred parents and evaluated in six environments. Estimates of genetic parameters were computed through analyses of variance, and multi-trait composite interval mapping (mCIM) were used for mapping QTL. Two hundred and fifty F₂ plants, that provided rise to the backcrossed progenies, were genotyped with 177 microsatellite markers. Estimates of genetic variances for progenies and for progenies x environment interaction were significant for all traits. The heritability coefficients showed high magnitudes for all traits. The average level of dominance was overdominance for GY (1,30), partial dominance for RN (0,37) and partial dominance for KN (0,98). The dominance variance was higher than additive variance for GY, although for the other traits, the additive variance has been higher than dominance variance estimates. KN presented high and positive genetic correlation to GY, although NR did not. Twenty-two QTL mapped were related to one or more traits, distributed along the eight chromosomes. At chromosomes 4 and 9 no QTL were mapped. All mapped QTL showed small effects. Out of the 22 QTL mapped, 18 QTL had significant effects on the three traits evaluated. Two of these four QTL were related only to GY, one for NR and the other one for KN. However, most mapped QTL did not control the three traits simultaneously, but in pairs of traits. Since the KN and RN are less complex traits than GY, the large number of pleiotropic QTL for the three traits could allow the use of indirect marker-assisted selection to GY to enhance the response to selection.

Keywords: maize; QTL mapping; pleiotropy.

Acknowledgments: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) and CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico).

QTL REGIONS AND CANDIDATE GENES ASSOCIATED WITH TUBER SPROUTING IN POTATO

Dilson A. Bisognin^{1*}; Norma C. Manrique-Carpintero² and David S. Douches²

¹Federal University of Santa Maria, Department of Plant Science, CEP 97105-900, Camobi, Santa Maria, RS, Brazil. ²Michigan State University, Department of Plant, Soil and Microbial Sciences, East Lansing, Michigan, 48824, USA. *Corresponding author: dilson.bisognin@ufsm.br

Tuber dormancy and sprouting are important traits in commercial potato varieties. In this study, we combined *Solanum tuberosum* dihaploids and the diploid wild species *S. chacoense*, *S. berthaultii*, and *S. phureja* to develop a linkage map with genome wide single nucleotide polymorphism (SNP) markers to search and analyze quantitative trait loci (QTL) associations with tuber dormancy and sprouting. The parents and progeny of 129 individuals were genotyped with the Infinium 8303 SNP Potato array, resulting in 3,013 segregating loci covering a total genetic distance of 774.7 cM of the potato genome. Phenotypic data were collected from 120 clones of the progeny, which produced enough tubers in the greenhouse for evaluations. All tubers of two replications were weekly evaluated for dormancy and for apical dominance release and type. There was genetic variation within the population for all evaluated traits and a high correlation (0.80) between dormancy and apical dominance release. Estimations of broad sense heritability were moderate (0.43) for tuber dominance loss type and high for dormancy (0.79) and apical dominance (0.78) release. QTL for tuber dormancy and sprouting were mapped on chromosomes 2, 3, 5, 6, 7, 9 and 11, explaining from 9.5 to 16.3 of the phenotypic variance. Searching the potato genome browser v4.03 gene annotation, we identified candidate genes associated with all major phytohormone/carbohydrate regulation in close linkage with QTL in this interspecific hybrid population. These findings are in agreement that abscisic acid and ethylene play important role in tuber dormancy, and indole-acidic acid, cytokinins and gibberellins in releasing dormancy and promoting sprouting and growth. Specifically, QTL on chromosome 2 was associated with abscisic acid responsive genes, on chromosome 3 with abscisic acid responsive and signaling genes, and on chromosome 7 with gibberellins, indole-acidic and abscisic acid signaling genes. We found that the QTL on chromosomes 2, 3 and 7 are good candidates for marker assisted breeding, since they were associated to both dormancy and apical dominance release and should be useful for both situations, either to delay or accelerate tuber sprouting in new potato cultivars. New genetic approaches leading to the identification of genes associated with QTL in different backgrounds are needed for a better understanding of the regulation of tuber dormancy and sprouting, because they are major traits with economic and practical values for new potato cultivars.

Key words: dormancy; apical dominance; marker assisted breeding.

QTLs ASSOCIATED WITH HYDRIC STRESS IN COMMON BEAN

Julio Cesar Ferreira Elias¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹; Giseli Valentini¹;
Thiago Alexandre Santana Gilio¹; Alexandre Catto Calvi¹; Vânia Moda-Cirino²;
Qijian Song³

¹Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brazil. ²Instituto Agronômico do Paraná, Londrina, PR, Brasil. ³Soybean Genomics and Improvement Laboratory, USDA-ARS, Beltsville, MD, USA. *Corresponding Author: juliocesar_net@hotmail.com

The present work had as objective to use single nucleotide polymorphism (SNP) markers from the BARCBean6K_3 Beadchip to identify quantitative trait loci (QTL) associated with drought-tolerance traits in 160 RILs lines of common bean derived from IAPAR 81 (tolerant to drought) × LP97-28 (susceptible to drought) cross. Drought stress and no drought stress experiments were conducted, under field conditions, at Centro Técnico de Irrigação of Universidade Estadual de Maringá in agricultural years of 2014 and 2015. Characteristics related to phenology, grain yield and yield components were evaluated. Each line was genotyped with 5.398 SNPs in BARCBean6K_3 in order to identify quantitative trait loci associated with traits related to drought tolerance in common bean. Statistical analyses of phenotypic data were performed using the Selegen software. The genetic distance, construction of genetic maps and QTLs identification were carried out by using JoinMap, MapChart and QTLCartographer softwares, respectively. The results showed that plant height and 100 seed weight features of drought stress experiments were stable in comparison to no drought stress ones. On the other hand, the mean yield, grain yield per day and number of pods per plant were significantly reduced, when the lines were submitted to water stress. The linkage map of RIL population IAPAR 81//LP97-28 measuring 815.9 cM was constructed using 773 SNP markers. The map included all eleven bean chromosomes with an average distance of 1.34 cM between markers. A total of 16 QTLs were identified in five chromosomes (Pv01, Pv02, Pv07, Pv08 and Pv11). Quantitative trait loci associated with grain yield per day and 100 seed weight (SW) were mapped to Pv07 and Pv08. The linkage observed between QTLs and the characteristics yield per day and SW could be useful for simultaneous selection for both characteristics in common bean.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L; Recombinant inbred lines

Acknowledgments: Acknowledgment: M.C. Gonçalves-Vidigal received grants from CNPq. Elias, J.C.F. and Valentini, G. are recipients of fellowship from Capes. Financial support from Capes and CNPq.

QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE VARIEDADES DE MILHO CRIOULO DO BANCO DE SEMENTES DO MATO GROSSO DO SUL

Natália Penzo Barcelos¹; Annanda Mendes Costa²; Hugo Tiago Ribeiro Amaro³;
João Lucas da Costa Santos de Almeida⁴

^{1 2 4}Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul – *campus* Ponta Porã, MS.

³Universidade Estadual de Montes Claros – *campus* Paracatu, MG.

*nataliapenzo@hotmail.com.

O milho (*Zea mays*, L.) é um dos principais cereais cultivados no mundo e possui grande importância econômica no país, sendo utilizado na alimentação humana e animal. A qualidade da semente é fundamental para o cultivo de qualquer espécie vegetal e pode influenciar a uniformidade, a velocidade e a porcentagem de emergência em campo. A utilização de sementes de boa qualidade influencia na uniformidade da população, baixa incidência de doenças transmitidas pelas sementes e no vigor das plântulas, conseqüentemente traz benefícios à produção. Variedades crioulas são mais adaptadas às condições locais, tendem a tolerar melhor as variações ambientais e são mais resistentes ao ataque de patógenos. A preservação das sementes de variedades crioulas de milho representa, além de um resgate cultural, a garantia de biodiversidade. O objetivo deste trabalho foi caracterizar diferentes variedades crioulas de milho em relação à qualidade fisiológica de sementes de genótipos do banco de sementes do Mato Grosso do Sul. Foram utilizadas três variedades de sementes de milho crioulo, milho Branco, milho Asteca e milho Roxo, provenientes do Programa Banco de Sementes Crioulas do Mato Grosso do Sul do Ministério da Agricultura. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com quatro repetições. As avaliações da qualidade fisiológicas das sementes foram realizadas por meio dos seguintes testes: massa de 100 sementes, emergência de plântulas e índice de velocidade de emergência (IVE). Os resultados da emergência de plântulas mostraram-se altamente satisfatórios em todas as variedades, não se diferiram estaticamente, 93% para o milho Asteca, 95% para o milho Roxo e 96% para o milho Branco. De acordo com os dados obtidos com o peso de 100 sementes, verifica-se que houve diferença significativa entre as variedades, sendo o milho branco superior (34.6 g), seguido pelo milho roxo (32 g) e milho asteca (28,5 g). As variedades mostraram-se superiores quanto ao índice de velocidade de emergência, sem diferença significativa, sendo para o milho Branco 5,15 dias após a semeadura, milho Asteca 5,45 dias e milho Roxo 5,48 dias. As sementes de milho crioulo das diferentes variedades avaliadas apresentaram altas porcentagens de emergência e índice de velocidade de emergência de plântulas, portanto sementes de alta qualidade fisiológica.

Palavras-chave: *Zea mays*; sementes; qualidade fisiológica.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Instituto Federal do Mato Grosso do Sul e ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento.

QUANTIFICAÇÃO DO TEOR DE ÓLEO EM MAMONEIRA: OTIMIZANDO O MÉTODO GRAVIMÉTRICO

Conceição A. da S. Donato^{1*}; Yslai S. Peixoto¹; Gisella M. S. S. dos Santos¹; Marília I. F. Rocha¹; Daniela dos S. Silva¹; Leandro S. Peixoto¹

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano. *E-mail do autor para correspondência: cidinhadonato11@hotmail.com

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma oleaginosa de expressiva importância socioeconômica para o Semiárido. Os programas de melhoramento buscam características de interesse, dentre elas o teor de óleo é um dos mais importantes para a seleção em populações segregantes. Na quantificação do teor de óleo pelo método *Shoxlet*, o solvente utilizado é o hexano, que é tóxico e de alto custo. Sendo também um método demorado e poucas amostras podem ser feitas de uma só vez. O objetivo do trabalho foi quantificar o teor de óleo das sementes pelo método da gravimetria reduzindo o uso de solvente e aumentando a quantidade de genótipos avaliados em uma única vez. O experimento foi conduzido no IF Baiano *campus* Guanambi-BA. Foram utilizadas as cultivares IAC 2028, IAC 226, IAC Guarani, BRS Nordestina, BRS Paraguaçu, BRS Energia, EBDA MPA11 e EBDA MPB32. Neste experimento foi utilizado microtubos de 2 ml contendo 100mg, 200mg, 300mg, 400mg e 500mg e 1,5ml de solvente. As extrações variaram de 1, 2, 3, 4, 5 e 6 horas, com troca do solvente a cada 1h de agitação. As análises estatísticas foram realizadas por meio do Software R e o pacote *ExpDes*. Na análise de variância foi observado a significância dos efeitos simples de quantidade de amostras e tempo de extração e a não significância das cultivares. A interação tripla e as interações duplas que envolve as cultivares foram não significativas, sendo apenas a interação dupla quantidade de amostras x tempo de extração significativa. Após a verificação da significância da interação quantidade de amostras x tempo de extração procedeu-se a análise de regressão. Observou-se que quanto maior a quantidade de amostras utilizada menor é o teor de óleo extraído. Uma possibilidade para este resultado é que o poder de extração do solvente fica inversamente proporcional a quantidade de amostra. Sendo que os melhores valores foram encontrados com 100 e 200mg de amostra, independentemente do tempo de extração. Quando observamos o tempo de extração verifica-se que quanto maior o tempo, ou seja, mais lavagens, maior é a quantidade de óleo extraída. Entretanto, observou-se que a quantidade de óleo extraída está abaixo do indicado pela literatura para estas cultivares, provavelmente, devido ao poder de solubilidade do solvente. Neste sentido, propõe-se aumentar o número de lavagens diminuindo o tempo de agitação, realizando uma lavagem a cada 30 minutos ou realizar mais lavagens de 1 hora. Conclui-se então que o método é promissor e permite a avaliação de uma grande quantidade de genótipos em uma única vez.

Palavras-chave: Biodiesel; Gravimetria; Soxhlet

Agradecimentos: Ao CNPq e ao IF Baiano

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Phaseolus vulgaris* A DIFERENTES DENSIDADES POPULACIONAIS DO CARUNCHO *Zabrotes subfasciatus*

Valdete C. Ambrozio^{1*}; Thallita S. Guimarães^{2**}; Alessandro A. B. dos Santos¹; Alex J. S. Floriano²; Thaysa C. M. Gomes²; Bianca A. M. Lourenço²; Marco A. A. Barelli²;

¹Universidade Estadual de Maringá, PR, Brasil, Departamento de Agronomia.

²Universidade do Estado de Mato Grosso, MT, Brasil, Departamento de Agronomia

*Email: vallcamposs@hotmail.com

O feijão é uma importante leguminosa cultivada em vários países, sendo muito utilizado como fonte de nutrientes devido as suas características proteicas e energéticas. Esta leguminosa sofre ataque de diversas pragas no armazenamento que provoca perdas na produtividade, dentre as pragas que danificam os grãos de feijão armazenado, temos a espécie *Zabrotes subfasciatus*, sendo esta amplamente utilizada em testes de resistência de cultivares e linhagens de feijão no Brasil. Vários trabalhos são realizados utilizando este caruncho no estudo de resistência, entretanto pouco se sabe sobre a densidade populacional de *Z. subfasciatus* ideal para realizar testes de resistência, desta forma o objetivo deste trabalho foi determinar a densidade populacional ideal de casais de carunchos, para avaliar a resistência em genótipos de feijão. Os testes foram realizados em condições controladas de temperatura e umidade no Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia da UNEMAT, Campus de Cáceres – MT, em blocos ao acaso em esquema fatorial simples 4x4, com oito repetições. Os tratamentos constituíram-se da combinação de quatro densidades populacionais de insetos sendo: sete, doze, dezessete e vinte e dois casais de insetos de *Z. subfasciatus* em quatro genótipos de feijão comum, nos quais são Unemat-17, Unemat-33, IAC-Bolinha (suscetível) e Arc 1 (resistente). Os insetos permaneceram por sete dias em contato com os grãos, após este período de confinamento, os insetos foram retirados sendo avaliados emergência de machos e fêmeas e o período de desenvolvimento do ovo a adulto. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância, sendo as médias de todos os parâmetros comparadas pelo teste de Tukey ($P \leq 0,1$) através do recurso computacional do programa SISVAR. De acordo com os resultados, para teste de resistência a densidade populacional ideal de *Zabrotes subfasciatus* é de 17 ou 22 casais de insetos, sendo indicado 17 casais para este estudo. O aumento da densidade populacional não interfere na resistência do genótipo Arc1, pois o mesmo apresentou baixa emergência de insetos. O genótipo Unemat-17 e Unemat-33 podem ser utilizados em teste de resistência como suscetível, pois os mesmos apresentaram ser mais suscetível que o genótipo IAC-bolinha que é utilizado em teste de resistência por apresentar alta suscetibilidade aos carunchos. O aumento da densidade populacional (7, 12, 17 e 22 casais) não interfere no período de desenvolvimento de *Z. subfasciatus* para os genótipos Unemat-17 e Unemat-33.

Palavras-chave: Insetos pragas; Grãos armazenados; Populações de insetos.

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA AO NEMATOIDE *Meloidogyne javanica*

Lorena Lopes de Sousa^{1*}; Gabriela Freire Ferreira¹; Renato Andrade Teixeira²; Fernanda de Cássia Silva¹; Mara Rubia da Rocha²; Claudia Barbosa Pimenta¹

¹Emater-Convênio Fapeg/Emater. ²Universidade Federal de Goiás-UFG. E-mail do autor para correspondência: *lorenna@emater.go.gov.br

O estado de Goiás é o quarto maior produtor nacional de soja, *Glycine max* (L.), com produtividade média de 3300 kg ha⁻¹. Entre os fatores que afetam a produtividade, encontra-se o nematoide das galhas (*Meloidogyne javanica*) que é considerado um dos mais prejudiciais para a cultura, e um dos métodos de controle eficaz é o uso de cultivares resistentes. O objetivo desse trabalho foi avaliar a reação de genótipos de soja em relação ao nematoide *M. javanica*. O experimento foi conduzido na Estação Experimental Nativas do Cerrado-Emater, Goiânia-GO, em condições de casa telada. Onze genótipos de soja (8 linhagens- GO07 6683-2, GO10 7546-8, GO10 7556-12, GO10 7564-3, GO10 7566-3, GO10 7575-1, GO10 7578-8, GO10 7581-1 e 3 testemunhas-BRS 7380, Hartwig e BRS Santa Cruz) provenientes do Banco de Germoplasma da Emater foram utilizadas nesse experimento. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado com 10 repetições, onde cada parcela constituiu-se de uma planta em copo plástico de 500 mL contendo uma mistura de solo + areia (1:1) autoclavados. Aos treze dias da semeadura, as plantas foram inoculadas individualmente com 4000 ovos e juvenis (J2) do nematoide. Trinta dias após a inoculação, os nematoides foram extraídos das raízes e os genótipos avaliados quanto ao número de nematoides por 10 gramas de raiz (NE/10g) e fator de reprodução (FR). Os dados obtidos para NE/10g foram transformados em $\sqrt{x + 0,5}$ para realização da análise de variância e as médias dos tratamentos comparados pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). Os resultados demonstraram diferença estatística para a variável NE/10g, na qual houve a formação de três grupos pelo teste de Scott-Knott. Os valores médios para NE/10g variaram de 54 a 160 com média geral de 94. Observou-se que todos os genótipos diferiram estatisticamente da testemunha suscetível BRS Santa Cruz e os genótipos mais resistentes apresentaram menores números de NE/10g de raízes, sendo estatisticamente iguais as testemunha resistente (BRS 7380) e moderadamente resistente (Hartwig). Quanto ao FR, as linhagens GO10 7556-12 e GO10 7575-1 foram consideradas resistentes, além das testemunhas resistentes (FR < 1). Os demais genótipos foram classificados como suscetíveis (FR > 1). Portanto, faz-se necessário a busca de novos genótipos resistentes ao nematoide *M. javanica* para utilização no programas de melhoramento de soja da Emater no estado de Goiás.

Palavras-chave: *Glycine max*; Nematoide das galhas; Resistência genética.

Agradecimentos: Fapeg, pela concessão de bolsa; UFG pela parceria no laboratório de Nematologia.

REAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO COMUM À *Xanthomonas axonopodis* pv.

Sara Regina Silvestrin Rovaris^{1*}; Tamires Ribeiro¹; Cleber Vinicius Giaretta Azevedo²; José Antônio de Fátima Esteves¹; Sergio Antônio de Moraes Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹

¹Instituto Agronômico - IAC. *E-mail do autor para correspondência: sarasr.rovaris@gmail.com, ²Doutorando da UNESP Jaboticabal.

O crestamento bacteriano é uma das principais doenças responsáveis pela queda da produtividade em feijoeiro, principalmente quando aliada as altas temperaturas, predominante em países de clima tropical como o Brasil. Dentre as estratégias para o controle da doença destacam-se a rotação de culturas e o uso de cultivares resistentes. Diante o exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de 58 linhagens de feijoeiro quanto ao patógeno causador do crestamento bacteriano comum. Sementes das 58 linhagens e da testemunha suscetível (Rosinha G2) foram germinadas em condições de laboratório e transplantadas para vasos contendo 500g de substrato (composto orgânico e solo) e acondicionadas em casa de vegetação. A inoculação foi realizada no estágio V2 do desenvolvimento das plantas pela técnica de agulhas múltiplas, utilizando o isolado 11.280, proveniente do Centro de Fitossanidade do IAC. Posteriormente, os vasos foram acondicionados em câmara úmida, por um período de 48 horas, com temperatura na faixa de 25°C a 28°C. Após esse período, foram transferidos para casa de vegetação. A avaliação foi realizada dez dias após a inoculação, utilizando-se a escala de notas de 1,0 a 9,0 sendo: 1,0 a 2,0 plantas livres de sintomas da doença; 3,0 a 6,0 com pequenas áreas encharcadas e, 7,0 a 9,0 necroses no tecido vegetal. O experimento foi realizado sob delineamento experimental de blocos inteiramente ao acaso, com quatro repetições sendo compostas por um vaso com duas plantas. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott e Knott, a 5% de probabilidade. Conforme o resultado da análise de variância foi observado diferença significativa entre os tratamentos, indicando diferentes níveis de resistência entre as linhagens. Dentre as 58 linhagens, apenas seis apresentaram resistência ao patógeno, 21 foram classificadas como medianamente resistentes e 31 suscetíveis. A linhagem de tegumento carioca: C10-2-4/2 e as de tegumento preto: Pr10-4-4/11, Pr10-5-2/2, Pr10-5-2/1, Pr10-3-5/10 e Pr10-3-4/1, apresentaram resistência ao patógeno. Pelos resultados, conclui-se que 10% das 58 linhagens foram classificadas como resistentes ao crestamento bacteriano, destacando-se as linhagens de tegumento preto.

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris* L., crestamento bacteriano, resistência genética.

REAÇÃO DE MULTILINHAS E LINHAGENS DE FEIJOEIRO À MISTURA DE RAÇAS DE *Colletotrichum lindemuthianum*

Samanta Gabriela Medeiros Carvalho¹; Larissa Carvalho Costa¹; Elaine Aparecida de Souza^{1*}

¹Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor para correspondência: easouza@dbi.ufla.br.

A antracnose causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* é uma das doenças de maior destaque na cultura do feijoeiro, provocando perdas expressivas na produção quando são utilizadas cultivares suscetíveis e as condições ambientais são favoráveis ao desenvolvimento do patógeno. Entre as estratégias de controle da doença está a utilização de multilinhas, ou seja, mistura de cultivares de feijoeiro agronomicamente uniformes mas que apresentam diferentes alelos de resistência ao patógeno. No entanto, há pouca informação sobre o uso de multilinhas. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar, em condições de campo, a reação de linhagens de feijoeiro per se e em diferentes combinações à mistura de quatro isolados de *C. lindemuthianum*. Foram utilizados nove tratamentos, sendo seis linhagens de grão tipo carioca, duas multilinhas compostas por duas linhagens cada, e uma multilinha constituída por quatro linhagens. O experimento foi conduzido no delineamento de blocos completos casualizados, com seis repetições. Uma mistura equitativa de inóculo das raças 65, 73, 81 e 89 de *C. lindemuthianum*, foi preparada na concentração de $1,2 \times 10^5$ conídios ml⁻¹. A inoculação foi realizada 15 dias após o plantio, com o auxílio de uma bomba costal. A avaliação de severidade da doença foi realizada em intervalos de 10 dias, a contar do 12º dia após a inoculação até a colheita, de acordo com a escala descritiva de notas proposta por Schonoonhoven e Pastor-Corrales (1987). A produtividade de grãos também foi avaliada ao final da colheita. As multilinhas apresentaram notas médias de severidade da doença inferiores às linhagens per se. A linhagem CI-107 apresentou a maior nota média (6,0), e a mistura proveniente das linhagens MAV-3.36 e CVIII-39.24 a menor nota (2,3). Quanto à produtividade, constatou-se que a linhagem Pérola apresentou o menor peso médio (215,8g), e a linhagem MAII-22 o maior peso (893,3g). A multilinha composta por quatro linhagens exibiu o melhor desempenho (710g). De acordo com os resultados obtidos, a utilização de multilinhas é uma estratégia eficiente para atenuar os sintomas de antracnose no feijoeiro e reduzir as perdas de produtividade.

Palavras-chave: antracnose; *Phaseolus vulgaris*; resistência genética.

Agradecimentos: CAPES, FAPEMIG e CNPq.

REAÇÃO DE PROGÊNIES DO FEIJOEIRO À DIFERENTES RAÇAS DO AGENTE CAUSAL DA ANTRACNOSE

Maiara de Oliveira^{1*}; Larissa Carvalho Costa²; Rita de Kássia Siqueira Teixeira²; Magno Antônio Patto Ramalho²; Ângela de Fátima Barbosa Abreu³.

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ/USP; ²Universidade Federal de Lavras - UFLA; ³Embrapa Arroz e Feijão. *Email para correspondência: maiaraoliveira@usp.br.

A Antracnose cujo agente causal é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* é uma das principais doenças da cultura do feijoeiro. A utilização de cultivares resistentes tem sido a forma mais eficaz e econômica de controle da doença. No entanto, a alta variabilidade genética e patogênica deste fungo tem dificultado a obtenção de cultivares com resistência durável, o que implica na necessidade de introdução de novos alelos de resistência. Sempre que possível uma nova linhagem deve ser resistente ao maior número de raças do patógeno. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar progênies $S_{0.4}$ do feijoeiro com relação à resposta a diferentes raças de *C. lindemuthianum*. Foram avaliadas 34 progênies $S_{0.4}$, oriundas do ciclo XIV do programa de seleção recorrente para produtividade de grãos no feijoeiro da Universidade Federal de Lavras, e duas testemunhas, as cultivares Pérola e Carioca. As avaliações foram realizadas isoladamente para as raças 65, 81 e 89. Devido a grande variabilidade encontrada dentro de isolados da raça 65, as progênies e testemunhas foram avaliadas quanto à reação a dois isolados distintos pertencentes à esta raça. Foram preparadas soluções de esporos na concentração de $1,2 \times 10^5$ conídios ml^{-1} . As inoculações foram realizadas em casa de vegetação, com temperatura e umidade controladas, após a completa expansão das folhas primárias. Foi utilizado o delineamento em blocos completos casualizados, com duas repetições, sendo a parcela constituída por nove plantas. A severidade da doença foi avaliada de acordo com uma escala descritiva de notas de 1 a 9 sendo 1, planta sem sintoma e 9, planta morta. Essas notas foram atribuídas por dois avaliadores, por planta. Verificou-se alto nível de resistência entre progênies, sendo o número de progênies resistentes muito superior ao de suscetíveis, para todas as raças avaliadas. No entanto, apenas duas progênies foram resistentes a todas as raças utilizadas. A raça 89 foi a mais agressiva e as raças 81 e a 65 isolado 1610, as menos agressivas. Além disso, verificou-se que as progênies avaliadas foram mais resistentes que as testemunhas comerciais. Essas informações são importantes para os programas de melhoramento que visam obter cultivares resistentes a antracnose do feijoeiro.

Palavras-Chave: *Colletotrichum lindemuthianum*; *Phaseolus vulgaris*; Resistência genética.

Agradecimentos: UFLA, FAPEMIG, CAPES e CNPq.

RECOMENDAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA COM ALTA ESTABILIDADE PARA O CERRADO UTILIZANDO MODELO AMMI

Flavio Dessaune Tardin¹; Edison Ulisses Ramos Junior²; Rodrigo Luis Brogin²;
Vicente de Paulo Campos Godinho³, Frederico José Evangelista Botelho³;
Paulo Eduardo Teodoro^{4*}

¹Embrapa Milho e Sorgo. ²Embrapa Soja. ³Embrapa Rondônia. ⁴Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. * eduteodoro@hotmail.com

No Brasil, a soja é cultivada em todas as regiões do país, sobretudo na macrorregião sojícola 402 (Macro 402), que possui posição de liderança no contexto nacional, compreendendo as principais regiões de produção mato-grossenses, bem como a região sul de Rondônia. Devido a grande extensão territorial do país, é comum que condições edafoclimáticas distintas ocorram entre os diferentes locais. Essas diferenças contribuem, por sua vez, para a ocorrência da interação Genótipos x Ambientes (GxE). Este trabalho teve como objetivo selecionar genótipos de soja que reúnam simultaneamente alta produtividade de grãos e estabilidade aos ambientes da Macro 402, utilizando o modelo de efeitos principais aditivos e interação multiplicativa (AMMI). A produtividade de grãos de 12 genótipos de soja foram avaliadas em ensaios de competição de cultivares, implantados em sete diferentes locais, em cinco Municípios (Sinop-MT, Nova Mutum-MT, Vilhena-RO, Castanheiras-RO e Porto Velho-RO), localizados na região da Macro 402, cultivados na safra 2014/2015. A interação GxE significativa revelou a necessidade de utilizar métodos para recomendação dos genótipos com adaptabilidade e estabilidade produtiva. Os métodos foram complementares quanto à recomendação dos melhores genótipos. A análise AMMI recomendou MG/BR46 (Conquista) (G10) de forma generalizada para o conjunto de ambientes aqui avaliados. Os ambientes Nova Mutum (NM) e as duas épocas de semeadura em Porto Velho (PV1 e PV2) foram considerados como os mais estáveis por apresentarem as menores coordenadas para o eixo PC1.

Palavras-chave: Glicine max; Interação Genótipos x Ambientes; Análise AMMI.

Agradecimentos: à FAPEMIG pelos recursos aportados para divulgação deste trabalho, ao CNPq pela bolsa de produtividade e a Embrapa pelo aporte de recursos para esta pesquisa.

REDE DE CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES FENOTÍPICOS DE CULTIVARES DE *Coffea arabica*

Francyse Edite de Oliveira Chagas^{1*}; Ivan de Paiva Barbosa¹; Marcia Elaine Guimarães Lana²; Vanessa Vitoriano Pereira³; André Fraga Sudário³; Pedro Henrique Silva Ferreira³; Antônio Carlos Baião de Oliveira⁴

¹Mestranda(o) do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES. ²Graduanda em Matemática, UFV/Viçosa – MG. ³Graduando em Agronomia, UFV/Viçosa – MG. ⁴ Pesquisador Embrapa Café / EPAMIG. * francyse.chagas@ufv.br.

A construção de redes de correlações é uma técnica útil, pois permite caracterizar sistemas complexos criando um modelo gráfico que apresenta associações par a par entre e dentro de grupos predeterminados de caracteres. Objetivou-se avaliar a correlação fenotípica entre caracteres morfoagronômicos com os caracteres sensoriais da bebida de cultivares de *Coffea arabica* com resistência a ferrugem. Os experimentos foram instalados em delineamento com blocos casualizados, três repetições e 11 tratamentos em três municípios da região das Matas de Minas: Senhora de Oliveira, Araponga e Paula Cândido. Foram avaliadas as cultivares Araponga MG1, Catiguá MG1, Catiguá MG2, Catiguá MG3, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H419-1, Pau-Brasil MG1, Sacramento MG1, H419-3-3-7-16-4-1 e Catucaí Amarelo 24/137, todos com resistência a ferrugem e a cultivar Catucaí Vermelho IAC 144 suscetível a ferrugem. As avaliações e coleta de amostras de grãos do tipo cereja foi realizada entre os meses de maio a agosto de 2016. Após colhidos, os grãos foram submetidos a secagem via úmida para posterior avaliação das características sensoriais da bebida segundo o protocolo da *Specialty Coffee Association of America* (SCAA). Os dados foram submetidos a análise de variância e a partir da matriz de correlações fenotípicas de Pearson foram construídos os gráficos de rede de correlações, com base no algoritmo de Fruchterman-Reingold e corte de 0,6 ($|r_{ij}| \geq 0,6$ foram destacadas), utilizando-se o programa Genes em integração com o programa R GENES (Cruz, 2016). Na análise de variância os genótipos apresentaram resposta significativa para interação genótipo e ambiente. Em todos os ambientes as variáveis sensorial, Fragância/Aroma, Sabor, Acidez, Corpo, Finalização, Equilíbrio, Final e Total se apresentaram altamente correlacionadas. O grupo de variáveis morfoagronômicas apresentaram no geral baixas correlações dentro do grupo e baixas correlações com os atributos sensoriais. O vigor vegetativo apresentou correlação negativa com a intensidade de ferrugem e cercosporiose em todos os ambientes, sendo de maior magnitude no município de Araponga. No município de Araponga, a produtividade apresentou correlação positiva e alta com atributo sensorial finalização, correlação positiva e alta entre altura de plantas e o atributo acidez e positiva e alta entre diâmetro de copa e diâmetro de caule. Em Paula Candido a altura de plantas apresentou correlação positiva e alta com a produtividade e o diâmetro de copa e correlação positiva e alta entre o vigor e tamanho de frutos. Por outro lado, em Senhora de Oliveira o vigor apresentou correlação alta com a altura de plantas mas negativa com o tamanho de frutos. Assim, no presente trabalho de acordo com as associações entre as variáveis, os genótipos com maior nota para um atributo apresentaram no geral uma tendência para superioridade dos demais atributos, no entanto com baixa associação destes com as variáveis morfoagronômicas.

Palavras-chave: caracteres sensoriais, associação, melhoramento, qualidade de bebida

Agradecimento: FAPEMIG, CAPES

REDES NEURAIS ARTIFICIAIS E ANÁLISE DISCRIMINANTE LINEAR COMO ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM SOJA

Murilo Viotto Del Conte¹; Diego Santos Oliveira²; João Marcos Soares Ferreira²; Jean Luca Jokoski²; Felipe Lopes da Silva^{3*}

¹Doutorando no Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa. ²Graduando em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa. ³Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa. *vdcmurilo@gmail.com.

Os processos de seleção que ocorrem em programas de melhoramento de soja, por vezes são realizados visando a seleção simultânea de caracteres. Por vezes a seleção é realizada visualmente sob critérios do melhorista ou por uso de métodos estatísticos geralmente baseados em regressões lineares. Na ocasião da seleção, são escolhidas plantas ou mesmo progênies as quais são mais promissoras para prosseguirem no programa de melhoramento. Neste sentido o presente trabalho teve como objetivo avaliar o potencial do uso das redes neurais artificiais (RNA) para discriminar indivíduos promissores de não promissores de acordo com critérios pré-estabelecidos. O experimento foi conduzido sob delineamento de blocos casualizados em casa de vegetação contendo 15 tratamentos (linhagens) e 5 repetições. A parcela experimental foi constituída de dois vasos com duas plantas cada. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias para maturação, altura na maturação, diâmetro de hipocótilo, número de hastes laterais, número de nós na haste principal, número de vagens, número de grãos, peso de grãos por planta e teor de óleo no grão. Foram estabelecidos critérios relacionados ao bom desempenho de caracteres produtivos e de teor de óleo, de modo que os indivíduos que atenderam os critérios estabelecidos compuseram a população 1 (indivíduos selecionados) e os demais, a população 2. Posteriormente, foram realizadas análises discriminante conforme proposto por Fisher, Anderson e sob abordagem de RNA do tipo perceptron multicamadas com três camadas ocultas treinada com algoritmo da retropropagação. As análises foram realizadas utilizando o programa Genes. As análises de Fisher e Anderson apresentaram taxa de erro aparente de 10,68% no processo de treinamento e 5,45% no processo de validação, enquanto o uso de RNA na análise discriminante proporcionou taxa de erro aparente de 0% no treinamento e 0% na validação. Para tal solução, foram necessários 2 neurônios com função de ativação tipo sigmoide logística em cada uma das três camadas ocultas. Conclui-se que a RNA tem eficiência superior às metodologias tradicionais de análise discriminante não se baseando apenas em funções lineares e pode ser aplicada em programas de melhoramento para fins de seleção, seguindo critérios pré-estabelecidos pelo pesquisador.

Palavras-chave: redes neurais artificiais; análise discriminante; *Glycine max* (L.) Merr

Agradecimentos: Ao Cnpq pela bolsa concedida e à FAPEMIG pelos recursos investidos.

RESGATE DE EMBRIÕES E TRATAMENTOS ALTERNATIVOS À COLCHICINA PARA A DUPLICAÇÃO CROMOSSÔMICA EM MILHO

Hingrid Ariane da Silva¹; Alessandra Guedes Baleroni¹; Amanda Tami Kuroda¹; Robson Akira Matsuzaki¹; Marcelo Akira Saito¹; Andréia de Oliveira¹; Giovana Dal Lago Garcia¹.

¹Universidade Estadual de Maringá, Av Colombo, 5790, Campus Universitário, 87020-900 – Maringá - PR. E-mail do autor para correspondência: amandakuroda@hotmail.com

A obtenção de duplo-haploides pode ser feita por métodos *in vivo* ou *in vitro*. O método *in vitro* pode ser realizado por meio de resgate de embriões, em que os embriões haploides e imaturos, provenientes de um cruzamento de indução, são transformados geneticamente e em seguida duplicados por meio de agente antimitóticos, inseridos no meio de cultivo, regenerando assim uma planta diploide homocigota para todos os locis, inclusive para o transgene inserido. A duplicação *in vitro* ou de plântulas provenientes de cruzamento *in vivo* geralmente é baseada no uso de colchicina. Dessa forma, o seguinte trabalho teve por objetivo avaliar o efeito de APM (amiprofos-methyl) e pronamida combinados, sobre a duplicação cromossômica e sobrevivência de embriões resgatados, em comparação ao método tradicional com colchicina. Para isso, embriões imaturos, provenientes de cruzamentos de indução entre os genótipos A188 e B73 e o indutor UH400, foram coletados em até 15 dias após a polinização e incubados em meio MS (Murashige e Skoog) contendo diferentes agentes antimitóticos (colchicina 0,05%, 50µMol de APM+10µMol de pronamida, 10µMol de APM+2µMol de pronamida, bem como controle com água) por 11 horas. Em seguida, os embriões foram removidos e regenerados em meio MS até a formação da parte aérea e raízes e então transplantadas para casa de vegetação. Foram avaliadas as características: a razão de duplo-haploides (DH) por haploides, a proporção de plantas duplicadas, ambos identificados por citometria de fluxo, proporção de embriões e plantas sobreviventes bem como a expressão da antocianina em embriões e plântulas e sua eficiência em identificar falsos-positivo, em comparação à citometria de fluxo. Foi identificado que a colchicina 0,05% foi mais eficiente para duplicar cromossomos por meio do resgate de embrião. A combinação APM (50µMol)+pronamida (10µMol) teve efeito inferior à colchicina, mas, no entanto, promissor. Os agentes antimitóticos não interferem na sobrevivência, sendo a mortalidade variável com o genótipo-fonte. A proporção de haploides putativos obtidas durante a fase de embrião e de plântula, segundo a expressão por antocianina, é maior quanto mais maduro é o embrião coletado. Apesar de se relacionarem bem, a citometria de fluxo revelou uma grande dimensão de incoerências na proporção de diploides ou tetraploides classificados como haploides ou DHs classificados pela pigmentação por antocianina.

Palavras-chave: APM; pronamida; duplo-haploides.

RESISTÊNCIA A MÚLTIPLAS DOENÇAS EM ACESSOS DE MILHO-PIPOCA PROVENIENTES DO CIMMYT

Marcelo Vivas¹; Railan do Nascimento Ferreira Kurosawa²; Julio Cesar Gradice Saluci¹; Ariane Cardoso Costa¹; Juliana Saltires Santos²; Antonio Teixeira do Amaral Júnior²

¹Laboratório de Engenharia Agrícola, ²Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Av. Alberto Lamego, 2000, CEP 28013-602, Campos dos Goytacazes, RJ. E-mail:mrclvivas@hotmail.com

As doenças estão entre os fatores que reduzem a produtividade na cultura do milho, sendo ainda mais expressivas no milho-pipoca. Neste sentido a resistência genética aparece como uma das principais medidas de controle. Entretanto, estudo sobre fontes de resistência às principais doenças da cultura do milho-pipoca ainda são restritos. Dado o exposto, o presente trabalho teve por objetivo investigar a performance de acessos de milho-pipoca provenientes do CIMMYT quanto a resistência à *Fusarium sp.*, *Bipolarismaydis* e *Exserohilumturcicum*. O experimento foi conduzido em condições de no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, sendo nove acessos do CIMMYT: ARZM-05083, ARZM-07049, ARZM-13050, BOYA-462, BOZM-260, CHZM-13134, PARA-172, URUG-298-A, URUG-298-R. As unidades experimentais foram compostas por linhas simples de 3,0 m, contendo 16 plantas por linha. O semeio foi realizado manualmente com espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,90 m entre linhas. Avaliou-se em seis plantas por parcela, a incidência e severidade de *B. maydis* e *E. turcicum* em folha. Após a colheita avaliou-se a incidência de espigas com podridão por *Fusarium spp.* e a severidade de espigas com podridão por *Fusarium spp.*, considerando todas as espigas colhidas na parcela, sendo, posteriormente obtida uma média. Os dados foram submetidas à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey (0,05). O acesso PARA-172, apresentou a menor média, tanto para *B. maydis* quanto *E. turcicum*. Considerando a duas doenças foliares, observa-se um grupo intermediário formado por ARZM-05083, ARZM-07049, BOYA-462 e URUG-298-A. Já para *Fusarium spp.*, destacam-se os acessos ARZM-05083, BOZM-260, PARA-172, URUG-298-A e URUG-298-R. Considerando a resistência aos três patógenos, além de PARA-172, destacam-se os acesso ARZM-05083 e URUG-298-A. Recomenda-se, portanto, a extração de linhagens provenientes destes acessos para incremento da variabilidade genética. Ademais, estudos moleculares, conduzidos por outros autores, alocaram os três acessos em destaque em três grupos distintos, a saber: URUG-298-A (primeiro grupo), ARZM-05083 (segundo grupo) e PARA-172 (terceiro grupo). Acessos selecionados como potencial para resistência as doenças, pertencem a grupos distintos, ratificando assim o potencial destes acessos como variabilidade adicional em programas de melhoramento de milho-pipoca.

Palavras-chave: *Bipolaris maydis*, *Exserohilum turcicum*; *Zea mays*.

Agradecimentos: FAPERJ, UENF.

RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO AO *Zabrotes subfasciatus* ATRAVÉS DO TESTE SEM CHANCE DE ESCOLHA

Valdete C. Ambrozio^{1*}; Alessandro A. B. dos Santos¹; Thallita S. Guimarães²; Thaysa C. M. Gomes²; Bianca A. M. Lourenço²; Alex J. S. Floriano²; Marco A. A. Barelli²;

¹Universidade Estadual de Maringá, PR, Brasil, Departamento de Agronomia.

²Universidade do Estado de Mato Grosso, MT, Brasil, Departamento de Agronomia

*Email: vallcamposs@hotmail.com

Na fase de armazenamento de grãos de feijão ocorrem diversas perdas na produtividade, pois, a qualidade dos grãos é altamente comprometida pela presença de insetos pragas. O *Zabrotes subfasciatus* é considerado uma das principais pragas de grãos armazenados, sendo que o ataque deste afeta diretamente a qualidade dos grãos tornando-os inviáveis para o consumo e comércio. Objetivou-se avaliar a resistência de diferentes genótipos de *Phaseolus vulgaris* L., em teste sem chance de escolha, utilizando 34 genótipos de feijoeiro do BAG-UNEMAT, e dois genótipos oriundos do IAC (resistente) e EMBRAPA (suscetível). O experimento foi conduzido no Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia da UNEMAT, no delineamento inteiramente casualizado com oito repetições. As características avaliadas foram a oviposição, ovos viáveis e porcentagem de ovos viáveis, número de adultos emergidos, duração do período de desenvolvimento de ovo a fase adulta dos insetos, porcentagem de insetos emergidos, pesos dos machos e fêmeas, peso seco dos insetos machos e fêmeas, peso seco total dos insetos e porcentagem de mortalidade. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento pelo emprego do método hierárquico de ligação média entre grupos e análise de componentes principais. De acordo com os resultados de componentes principais, o primeiro componente principal (CP1) concentrou 63,55% da variabilidade contida nas características originais, sendo as seguintes características que mais contribuíram: total de insetos emergidos, peso seco total de insetos, porcentagem de emergência, peso seco de insetos machos e porcentagem de mortalidade. O segundo componente principal (CP2) concentrou 19,22% da variabilidade, sendo as que mais contribuíram foram o número de insetos machos emergidos, peso de insetos fêmeas e peso de insetos machos. Por meio da análise de agrupamento e de componentes principais, foi possível classificar os genótipos de acordo com o tipo de resistência, não preferência para alimentação e/ou antibiose, dividindo-os em grupos, de acordo com o grau de similaridade entre os mesmos. Os genótipos foram divididos em três grupos distintos, onde o primeiro grupo alocou 31 genótipos classificados como suscetíveis, o segundo grupo foi constituído pelos genótipos, 5, 33, 3 e 19 moderadamente resistentes e o terceiro grupo foi formado apenas pelo genótipo 36, classificado como resistente.

Palavras-chave: praga de grãos armazenados; *Bruchidae*; insetos.

RESPONSIVIDADE DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS VIA REGRESSÃO NÃO-LINEAR

Cynthia Souza Rodrigues¹; Tácio Peres da Silva¹; Bruno Manoel Rezende de Melo¹; Rucyan Wallace Pereira¹; Flávia Barbosa Silva Botelho¹; José Airton Rodrigues Nunes¹.

Universidade Federal de Lavras/ UFLA¹. cynthia-sr@hotmail.com

Nos programas de melhoramento de plantas, a busca de genótipos com alto rendimento de grãos em ambientes mais variados é um dos objetivos mais importantes. Neste contexto, estudo detalhado da interação genótipos x ambientes por meio de métodos apropriados ajudam a minimizar o risco de recomendação. Com isso, o objetivo desse trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz de terras altas, visando a seleção de genótipos superiores. Foram avaliadas 20 linhagens de arroz de sequeiro do ensaio de VCU, pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Arroz da UFLA, em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e Epamig. Os experimentos foram conduzidos em 7 locais distintos nos anos agrícolas de 2014/2015. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, e parcelas constituídas por três linhas de quatro metros e densidade de semeadura de 80 sementes/metro. Os dados de produtividade de grãos (kg/ha) foram analisados pelo método da análise de variância, e a adaptabilidade e estabilidade das linhagens foram descritas via modelos de regressão não-linear propostos por Toler. A acurácia seletiva foi alta (0.89), podendo afirmar que houve alta precisão experimental. As linhagens diferiram quanto à produtividade média nos locais, ou seja, indicando diferença nas adaptabilidades atribuídas à variabilidade genética existente. O efeito de locais foi significativo, indicando diferenças ocasionadas por fatores macroambientais que influenciaram na produtividade de grãos. Houve interação linhagens x locais, indicando que as linhagens apresentaram desempenhos relativos não coincidentes nos diferentes locais. A partir do ajuste dos modelos de regressão não-linear de Toler, observou-se que as linhagens 2, 5 e 17 apresentaram resposta duplamente desejável, ou seja, apresentam resiliência frente à piora da qualidade ambiental, e demonstraram capacidade de explorar satisfatoriamente as condições ambientais favoráveis. As linhagens 1, 3, 4, 7, 8, 9, 14 e 20 exibiram adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ($B1 > 1$), enquanto que as linhagens 6, 10, 12, 13, 16, 18 e 19 foram consideradas de resposta desejável a ambientes desfavoráveis ($B1 < 1$). As linhagens 11 e 15 foram as de pior desempenho, apresentando resposta duplamente indesejável. Pode-se concluir que as linhagens 2, 5 e 17 podem ser selecionadas tanto para ambientes de alta qualidade, como para ambientes de pobre qualidade.

Palavras-chave: Método de Toler, interação genótipo x ambiente, *Oryza sativa*.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

SCREENING NÃO-DESTRUTIVO DE GENÓTIPOS DE EUCALIPTO RESISTENTE A MURCHA-DE-CERATOCYSTIS PELO MÉTODO DE DISCO FOLIAR

Regina Gonçalves dos Santos Oliveira¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹;
Willian Bucker Moraes¹; Liana Hilda Golin Mengarda¹

¹ Universidade Federal do Espírito Santo, 123rgsoliveira@gmail.com

A murcha causada por *Ceratocystis fimbriata* Ellis & Halsted é uma das principais doenças em plantios comerciais de eucalipto. Os principais sintomas são murcha, cancro, escurecimento do cerne e morte da planta. O uso de clones de eucalipto resistentes é a melhor alternativa de controle. Sendo assim, objetivo deste estudo foi o desenvolvimento de um método de detecção fenotípica precoce e não destrutiva em plantas de eucalipto infectadas com *Ceratocystis fimbriata*. Foram utilizadas mudas de quatro clones comerciais, com seis meses de idade: AEC 1528, BA 7346, CO 1407, BA 6021. Sendo inoculados 0,1 ml da suspensão $2,5 \times 10^6$ esporos mL⁻¹ do fungo, com seringa, na nervura mediana dos discos foliares (Ø2 cm) de cada clone, acondicionados em placas de Petri com cinco repetições contendo 10 discos foliares. Para a comparação dessa metodologia de discos foliares foi feita a inoculação do fungo no caule dos mesmos clones (10 plantas por clone), com disco (Ø5mm) de meio MEAY de cultura, colonizado pelo fungo. Para estes métodos, após inoculação a severidade da doença das plantas em função do tempo foi avaliada. Após seis dias nos discos foliares e após 50 dias no xilema, utilizando escala de frequência em moderadamente suscetível, suscetível, altamente suscetível, moderadamente resistente, resistente e altamente resistente. Os valores médios de severidade da doença por dia para cada genótipo nos discos foliares foram plotados em relação ao tempo e posteriormente calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Foi adotado o delineamento inteiramente casualizado (DIC). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e avaliados pelo teste F, em nível de 5% de probabilidade. A comparação entre as médias foi realizada pelo teste de Tukey (5% de significância), com auxílio do programa R e plotado em Boxplot, para ambos os métodos. Com base na metodologia de avaliação precoce foi possível distinguir clones suscetíveis de resistentes e os clones AEC 1528 mostrou-se resistente. Os clones CO 1407, BA 6021 e BA 7346 foram suscetíveis ao fungo *C. fimbriata*.

Palavras chave: murcha-de-*Ceratocystis*; resistência; xilema

Seleção de cultivares precoce de soja para a região Sul de Minas Gerais

Antônio Henrique Fonseca de Carvalho^{1*}; Adriano Teodoro Bruzi¹; Flaviane de Oliveira Ribeiro¹; Gustavo Oliveira de Moraes¹; Mayra Ribeiro Bernado¹; Rafael Henrique Borges¹

¹Universidade Federal de Lavras (UFLA). *E-mail do autor para correspondência: antonio.carvalho@dag.ufla.br.

Com o advento da segunda safra nas regiões produtoras de grãos, a obtenção de cultivares de soja cada vez mais precoce e produtivas vem se tornando essencial para que se obtenha sucesso na consolidação do sistema de produção. Em função disso, o objetivo do proposto trabalho foi de avaliar a adaptabilidade de cultivares comerciais de soja na região Sul de Minas Gerais. O experimento foi conduzido nos municípios de Itutinga, Lavras, e Nazareno na safra 2016/2017. O delineamento experimental utilizado foi latices 7 x 7 triplo com 3 repetições. Os tratamentos foram compostos por 49 cultivares de diversas procedências, com parcelas compostas de 2 linhas de 5 metros, espaçadas de 0,5 metros, perfazendo-se uma área útil de 5 m² por parcela. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância com auxílio do pacote SISVAR e as médias comparadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade. Foram avaliados produtividade (kg.ha⁻¹), altura de plantas (cm), inserção do primeiro legume (cm), acamamento e maturidade absoluta em dias. As maiores produtividades foram obtidas pelos cultivares RK 6813 RR, LG 6017 IPRO e DESAFIO RR com médias estimadas de 83.49, 82.75 e 82.67 sacas por hectare, respectivamente. Para a maturação absoluta, observou-se que o cultivar RK 6813 RR destacou-se, com 123 dias do plantio até atingir a maturação fisiológica, estágio R9. Os resultados permitem inferir que existem cultivares precoces e com bom desempenho agrônomo, viabilizando assim a realização da segunda safra na região em questão.

Palavras-chave: *Glycinemax*; Maturidade Absoluta; Produtividade.

Agradecimentos: CNPQ; FAPEMIG; Pesquisa Soja; DAG.

SELEÇÃO DE GENITORES PARA A OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DE SORGO GRANÍFERO COM ALTO DESEMPENHO PRODUTIVO

Flávio Dessaune Tardin^{1*}; Sandro Sponchiado²; Lênio Urzêda Ferreira³; Cícero Beserra de Menezes¹; Aisy Botega Baldoni⁴; Marco Antônio Aparecido Barelli²; Paulo Eduardo Teodoro⁵

¹Embrapa Milho e Sorgo. ²Universidade do Estado de Mato Grosso. ³Universidade Federal de Goiás. ⁴Embrapa Agrossilvipastoril. ⁵Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. *flavio.tardin@embrapa.br

A seleção de genitores é essencial no melhoramento genético de plantas, sendo baseada no desempenho de progênies para caracteres de baixa herdabilidade como a produtividade de grãos. Uma das principais estratégias de seleção de genitores são os cruzamentos dialélicos. Esse estudo propôs selecionar potenciais genitores de sorgo para obtenção de híbridos de alto desempenho produtivo na região Médio-Norte do Mato Grosso. Para isso, foram realizados cruzamentos biparentais entre quatro linhagens, utilizadas como macho, e dez utilizadas como fêmeas (macho-estéreis). Cruzamentos intergrupos foram utilizados ajustando-se ao modelo Griffing IV, visando predição das capacidades de combinação, geral (CGC) e específica (CEC). Os híbridos foram avaliados em campo em delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições. O ensaio foi conduzido em Sinop-MT, na estação experimental da Embrapa Agropastoril, seguindo-se as recomendações técnicas da cultura. Avaliaram-se a produtividade, o florescimento e altura de planta. As predições foram realizadas mediante a aplicação de modelos mistos, considerando-se os componentes de variação pré-existentes no modelo adotado bem como os demais inerentes ao delineamento experimental. Observou-se que os efeitos das CGC foram predominantes diante da CEC para a produtividade, sugerindo uma maior contribuição de efeitos aditivos para a expressão desse caráter. Nos demais caracteres, foram observadas menores contribuições dos efeitos não-aditivos. Os genitores machos que apresentaram as CGC mais favoráveis em relação à produtividade foram: M4, M3, M1 e M6, respectivamente. As fêmeas com maior potencial produtivo foram: F42, F15, F14, F21, F16, F22, F20, F54, F19 e F30, respectivamente. Quanto às CEC, as combinações mais promissoras para a obtenção de híbridos foram: F42M1, F54M4, F22M4, F19M1, F21M3, F30M4, F54M6, F21M1, F14M3, F19M6. A seleção de genitores mediante capacidades de combinação pode elevar a eficiência no contexto de seleção de genitores, direcionando esforços e recursos àqueles cruzamentos e genitores potenciais, reduzindo, assim, dispêndios excessivos no programa de melhoramento genético. Ademais, os genitores avaliados nesse estudo, assim como híbridos derivados destes, são potencialmente competitivos para o uso na região.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; Modelos Mistos; Capacidade Geral de Combinação.

Agradecimentos: à Embrapa pelos recursos à pesquisa, ao CNPq pela bolsa de produtividade e à Fapemig pelos recursos para divulgação deste trabalho.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI SUPERIORES EM ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE GRÃOS VERDES VIA GGE BILOT

Maurisrael de Moura Rocha^{1*}; Teresinha de Jesus Feitosa de Sousa²; Raylson Rodrigues de Sousa²; Jaqueline Luz Moura Sousa²; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini³; Lindomar Maria da Silveira⁴; Kaesel Jackson Damasceno-Silva¹; José Ângelo Nogueira de Meneses-Júnior¹

¹Embrapa Meio-Norte. ²Universidade Federal do Piauí. ³Universidade Federal do Ceará. ⁴Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *E-mail do autor para correspondência: maurisrael.rocha@embrapa.br.

O mercado de vagens e grãos verdes tem crescido a cada dia, principalmente na região Nordeste do Brasil e representa uma alternativa de produção ao mercado de grãos secos. No entanto, predomina no comércio as cultivares locais, com baixa produtividade e qualidade comercial. O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de feijão-caupi superiores em adaptabilidade e estabilidade produtiva de grãos verdes via GGE Biplot. Foram avaliados 16 genótipos em sete ambientes dos estados do Ceará, Piauí e Rio Grande do Norte, sob condições de irrigação, entre os anos de 2012 a 2015. Adotou-se o delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições. Realizaram-se análises de variâncias individuais e conjunta e a adaptabilidade e estabilidade da produtividade de grãos verdes foi analisada via GGE Biplot. Os ambientes, genótipos e interação genótipos x ambientes diferiram significativamente ($p < 0,01$), indicando a existência de variabilidade entre ambientes e entre genótipos e um comportamento diferencial dos genótipos com os ambientes. Os dois primeiros componentes explicaram, respectivamente, 55% e 18% da variação total, explorando 78% da variação GGE. Foram distinguidos 2 mega-ambientes, sendo o maior (I) composto pelos ambientes TPI12, TPI13, PCE13 e MRN15, e o menor (II), incluindo os ambientes ACE13, ACE15 e MRN14. Os ambientes TPI13, PCE13 e MRN15 foram os mais discriminantes, enquanto PCE13 foi o mais representativo. G11 foi considerado o genótipo ideal, seguido por G3. TPI13 foi escolhido o ambiente ideal, seguido de PCE13. Os genótipos 3 (MNC00-595F-27) e 11 (BRS Tumucumaque) foram os que mais associaram alta produtividade e estabilidade de grãos verdes nos ambientes de teste dos estados do Ceará, Piauí e Rio Grande do Norte.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; feijão-verde; produtividade.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, UFPI, UFC, UFERSA, CAPES e CNPq.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO POR MEIO DE SEDIMENTAÇÃO EM SDS

Josiane Conte^{1*}; Cátia Meneguzzi¹; Alana Madureira¹; Ana Claudia Rosa¹;
Thiago Duarte, Matheus Giovane Stoco, Giovani Benin¹

¹ Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), Via do Conhecimento, km 1, CEP 85503-390, Pato Branco – PR, josiane_conte@hotmail.com*

O trigo é um dos principais cereais utilizado na indústria alimentícia. Um dos principais desafios dos melhoristas de trigo é selecionar genótipos que apresentem alta qualidade industrial e alta produtividade de grãos. Existem vários métodos disponíveis para avaliar a qualidade industrial de trigo, e dentre eles, alguns são mais onerosos, demandam mais tempo e um maior volume de sementes, diferentemente de outros que necessitam de um menor volume de sementes e são mais rápidos, porém, possuem a desvantagem de não apresentarem alta credibilidade. A alveografia é um dos métodos mais utilizados para avaliar a qualidade industrial e possui boa correlação com a qualidade de proteína do trigo, fornecendo a força de glúten (W) oriunda pelas proteínas gliadinas e gluteninas. Um dos principais fatores limitantes é o elevado tamanho de amostra para realização do teste. O teste de sedimentação em SDS (Dodecil sulfato de sódio) é rápido, demanda menores quantidades de amostras para sua realização e possui baixo custo. Assim, os objetivos do trabalho são: avaliar a correlação entre os parâmetros do teste de alveografia e sedimentação em SDS de diferentes cultivares de trigo em diferentes ambientes de cultivo da região Sul do Brasil, com ênfase a definição de critérios de seleção mais eficientes. As sementes de trigo foram oriundas de experimentos conduzidos em Abelardo Luz - SC, Cascavel-PR, Guarapuava-PR e Não Me Toque-RS no ano de 2014, em duas épocas de semeadura. Foram avaliados 25 genótipos, entre linhagens e cultivares, em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU). Realizou-se os testes de alveografia e sedimentação em SDS. Os resultados demonstraram que a sedimentação em SDS possui uma interação genótipo x ambiente significativa, devendo ser avaliada em diferentes locais de interesse para o programa de melhoramento. O teste de sedimentação em SDS foi positivamente associado ($r= 0,65^{**}$) com o teste de alveografia, podendo ser utilizado como substituto a seleção de genótipos com elevada força de glúten. Os genótipos CD 12666, CD 12240, BRS Guamirim e CD 1104 obtiveram maiores valores na análise de sedimentação em SDS. BRS Guamirim apresentou maior estabilidade na análise de sedimentação em SDS nos ambientes avaliados.

Palavras-chave: *Triticum aestivum*; qualidade industrial, seleção precoce.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA COM BASE NA QUALIDADE MALTEIRA PARA O AMBIENTE IRRIGADO DO CERRADO

Renato Fernando Amabile¹; Ricardo Meneses Sayd²; Felipe Augusto Alves Brige²;
Carlos Henrique Patriota Moura³; Pedro Ivo Leite Sala²

¹Embrapa Cerrados - Planaltina/DF. ²Universidade de Brasília – Brasília/DF. ³União Pioneira da Integração Social - Planaltina/DF. E-mail do autor para correspondência: renato.amabile@embrapa.br

É crescente a demanda por genótipos de cevada mais promissores e adaptados às condições de cultivo irrigado no Cerrado. Genótipos com elevados valores para rendimento de grãos, alta porcentagem de grãos de primeira classe e com ciclo precoce vêm sendo selecionados por essas serem as características essenciais do ponto de vista agrônomo. No entanto, para a consolidação do cultivo da cevada na região central do Brasil são necessários genótipos com qualidade malteira. Características como teor de proteína, beta-glucanas, extrato de malte, entre outras - dentro dos padrões mínimos exigidos assim como a estabilidade dos genótipos, devem ser utilizadas como critério de seleção nos programas de melhoramento de cevada. Este trabalho teve como objetivo caracterizar e quantificar a variabilidade genética de genótipos de cevada com base nos dados de qualidade malteira e selecionar os mais próximos em relação ao ideótipo. Os experimentos foram conduzidos utilizando 38 genótipos elite de cevada cervejeira, os quais foram semeados em maio e colhidos em setembro de 2015 nos campos experimentais da Embrapa Cerrados (CPAC) e Embrapa Produtos e Mercado (SPM) no Distrito Federal. A análise de micromalteio foi realizada no laboratório de micromaltagem da Malteria do Vale, Taubaté-SP. Avaliaram-se as seguintes características de qualidade: teor de proteína, extrato de malte, índice Hartong, viscosidade, cor após fervura, nitrogênio solúvel, índice Kolbach, cor do mosto, friabilidade, vidrados, vidrados EBC e beta-glucanas. Com auxílio do programa Genes foi realizada a análise descritiva dos dados de qualidade e estimada as distâncias euclidianas médias dos genótipos em relação ao ideótipo. Os valores atribuídos ao ideótipo foram os valores considerados ótimos ou ideais para cada característica de acordo com a EBC (European Brewery Convention). Foram estimadas as correlações de Pearson para cada par de características. Os resultados obtidos mostram que as magnitudes e a significância das correlações foram semelhantes nos dois ambientes avaliados. A correlação entre Kolbach e Hartong foi positiva e de maior magnitude para ambos ambientes. Os genótipos BRS 180, PFC 213679, PFC99318, PFC 213356 e PFC 213069 foram os que mais se aproximaram geneticamente em relação ao ideótipo, sendo assim selecionados afim de suprirem a demanda por genótipos com alta qualidade malteira no Cerrado. As médias das características encontram-se dentro dos padrões exigidos pela indústria. Os resultados apresentados demonstram o potencial da cevada produzida no Cerrado para atender o mercado de malte existente.

Palavras-chave: melhoramento genético; ideótipo, *Hordeum vulgare* L.

Agradecimento: Embrapa Cerrados.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA DIFERENTES ESTRATÉGIAS MULTIVARIADAS

Lidiane Aparecida Silva^{1*}; Paulo Eduardo Teodoro¹; Leonardo de Azevedo Peixoto¹; Márcio Henrique Pereira Barbosa²; Leonardo Lopes Bhering¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral. ² Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia. *E-mail do autor para correspondência: lidianeufv2007@gmail.com

A cana-de-açúcar (*Saccharum sp.*) é uma cultura energética de grande importância econômica no cenário mundial. A contribuição do melhoramento genético no desenvolvimento do setor sucroenergético tem sido cada vez mais relevante. Em programas de melhoramento é interessante a aplicação de técnicas multivariadas visando maximizar os ganhos em vários caracteres simultaneamente. Neste contexto, este estudo teve como objetivo verificar a aplicação de diferentes estratégias de seleção multivariada para predizer os ganhos genéticos, visando a seleção de genótipos superiores de cana-de-açúcar. Foram avaliados 40 genótipos de cana-de-açúcar do banco de germoplasma do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Universidade Federal de Viçosa integrado à Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (PMGCA/UFV- RIDESA), em delineamento experimental utilizando blocos incompletos com duas repetições. Os seguintes caracteres foram avaliados: matéria seca (Ms), sólidos solúveis totais (Brix), sacarose aparente no caldo (Pol), sacarose aparente na cana (Pcc), fibra (Fb), pureza (Pur), açúcares totais recuperáveis (Atr), lignina (Lig), celulose (Cel), hemicelulose (Hem) e cinzas (Cnz). Foi verificada a correlação entre os caracteres através da rede de correlações fenotípicas e análise de trilha utilizando o Atr como variável dependente principal. Para predizer os ganhos com a seleção dos genótipos superiores foram avaliadas diferentes estratégias: seleção direta e indireta, Índice Base, Índice Multiplicativo e Índice baseado em soma de ranks. As maiores correlações com o caráter Atr foram observadas entre os caracteres Pol, Pcc, Pur, Brix e Fib. Estes caracteres foram os mais eficientes na seleção direta e indireta proporcionando maiores ganhos simultaneamente nas demais características avaliadas. Todavia, os maiores ganhos genéticos totais foram preditos quando se utilizou os índices de seleção, destacando o Índice Multiplicativo e o Índice Base, que permitiram maximizar os ganhos em todos os caracteres quando comparados à seleção direta de qualquer característica avaliada. Portanto, a aplicação de índices de seleção com enfoque multivariado se destacou proporcionando alta eficiência na seleção de genótipos superiores para diferentes características simultaneamente, sendo uma estratégia eficiente para aplicação em programas de melhoramento de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas; Análise multivariada; Biometria.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, CNPq e FUNARBE.

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO EM VÁRIOS AMBIENTES

Jane Rodrigues de Assis Machado¹; Lauro José Guimarães¹; Roberto dos Santos Trindade¹; Adelmo Silva Resende¹; Paulo Evaristo Oliveira Guimarães¹; Walter Fernandes Meirelles¹; Marcos Carrafa²; Cinei Terezinha Riffel².

¹Pesquisador - Embrapa Milho e Sorgo. E-mail autor correspondente: jane.machado@embrapa.br; ²Professor - Cascavel, PR; ³ Professor (a) SETREM - Sociedade Educacional de Três de Maio.

Mesmo sendo o milho uma das espécies mais cultivadas no Brasil, a média de produtividade brasileira ainda é baixa comparada ao potencial de produção que se pode alcançar. Entre os diferentes objetivos dos programas de melhoramento de milho das empresas públicas e privadas, o maior potencial genético de produção tem sido o principal deles. Para estimar esse objetivo, a seleção de híbridos superiores deve ser realizada em mais de um ambiente, pois assim permite avaliar a variabilidade genética no ambiente individualmente, nos vários ambientes e a interação genótipo x ambiente (IGA). O objetivo desse trabalho foi estimar os ganhos de seleção direta e indireta de híbridos de milho em vários ambientes. Os experimentos foram conduzidos em oito locais da região Sul, na safra 2014/15. No Rio Grande do Sul, os locais foram: 1. Passo Fundo; 2. Panambi; 7. Vacaria e 8. Três de Maio. No Paraná: 3. Cascavel, 4. Guarapuava, 5. Ponta Grossa e 6. Londrina. Foram avaliadas cinco testemunhas e 20 híbridos experimentais do programa de melhoramento de milho da Embrapa para região subtropical. O delineamento foi de blocos casualizados com duas repetições e parcela constituída de duas linhas de cinco metros com espaçamento de 80 cm e cinco plantas por metro. Para este trabalho foi avaliada a produtividade de grãos em kg ha⁻¹ corrigido para 13% de umidade. Para estimar os ganhos por seleção em vários ambientes foi utilizado o programa computacional GENES. Foram estimados ganhos por seleção direta (em cada ambiente) e indireta (em outro ambiente), tomando como base as médias gerais dos ensaios e os ganhos de seleção por ambiente com base no índice de LIN & BINNS (Pi). Nas análises de variância individuais houve diferença significativa entre tratamentos nos ambientes 3, 4, 6 e 8, (todos ao nível de 1% de probabilidade) e os coeficientes de variação (CVs) variaram de 8% (ambiente 6) a 23% (ambiente 2). A análise de variância conjunta apresentou diferença significativa para genótipo, ambiente e IGA ao nível de 1% de probabilidade. O CV foi igual a 13,7%, indicando que os ensaios foram conduzidos de maneira adequada e obtida média geral de 10.010 kg ha⁻¹, 40% a mais que a média regional na safra 2014/15 e herdabilidade média de 68%. A seleção aplicada foi de 20%, portanto, foram selecionados os cinco melhores híbridos. Os ambientes 8, 6, 4 e 3 apresentaram maiores ganhos de seleção 18,4%, 15,4%, 15,1% e 12,6%, respectivamente. Dos 25 híbridos avaliados foram selecionados, com base na média geral e pelo índice Pi, três testemunhas (AG 9045 Pro 2, P30F53YH, Status Vip Tera) e dois híbridos experimentais (1M1631 e 1M1594).

Palavras-chave: *Zea mays*; híbridos; IGA.

Agradecimentos: À Embrapa Milho e Sorgo, Embrapa Trigo e ao CNPq .

SELEÇÃO de híbridos de milho para precocidade em condições de estresse de N

Vidomar Destro de Souza Filho¹; Maria Eduarda Jardim Silva¹; Tatiane Freitas Horta Trindade¹; Mateus Cupertino Rodrigues¹; Sirlene Viana de Faria¹; Rodrigo Oliveira DeLima¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

A precocidade é um dos fatores chave para a produção de milho em larga escala, pois possibilita ao produtor antecipar a janela de plantio, escalonar a produção e evitar possíveis situações de estresse. Além disso, é importante selecionar material genético precoce em condições de baixo nitrogênio (N), com intuito de reduzir a quantidade de N adicionado ao solo e atender pequenos produtores que não tem condições de fazer adubação de N. Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar híbridos de milho para precocidade em condições de baixo N no solo. Para isso, 101 híbridos experimentais desenvolvidos pelo programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, Programa Milho[®], e nove híbridos comerciais foram avaliados para dias para florescimento masculino (FM) e dias para o florescimento feminino (FF), na safra de 2016/2017, em Coimbra-MG. Utilizou-se delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de quatro metros espaçadas 0,8m entre si. A adubação foi de 196 Kg ha⁻¹ de MAP, no plantio, e 100 Kg ha⁻¹ de KCl, em cobertura, no estádio de V5. Para caracterizar o estresse de N, não foi feita adubação com fertilizantes a base de N. Os caracteres FF e FM apresentaram diferença significativa ($P < 0,01$) para efeito de híbridos. Os coeficientes de variação experimentais foram 2,70% e 3,29% para FM e FF, respectivamente. Esses foram muito baixos e, portanto, o experimento apresentou alta precisão experimental. As estimativas do coeficiente de determinação genotípica (H^2) foram de 0,73 e 0,64 para FM e FF, respectivamente. As estimativas são consideradas altas e, assim, aproximadamente dois terços da variância fenotípica é devido a variação genética entre as médias dos híbridos. As médias foram de 67,62 dias 68 dias para FM e FF, respectivamente. Foram selecionados os 10% de híbridos mais precoces e simulou-se o ganho por seleção (GS) desses híbridos. O GS foi de -3,73% para FM e -4,08 % para FF. Conclui-se que há variabilidade genotípica entre os híbridos experimentais de milho para florescimento masculino e feminino e é possível identificar híbridos mais precoces.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; variação genotípica; estresse abiótico

Agradecimentos: Ao CNPq, Capes e Fapemig pelo apoio financeiro.

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO TOLERANTES AO ESTRESSE HÍDRICO DURANTE A EMERGÊNCIA DE PLÂNTULAS

Marcela Pedroso Mendes Resende^{1*}; Viviane Maria de Abreu²; Édila Vilela de Resende Von Pinho²; Izabel Costa Silva Neta²; Heloísa Oliveira Santos²; Renzo Garcia Von Pinho²

¹Universidade Federal de Goiás. ²Universidade Federal de Lavras.
*marcelapmr@ufg.com

A obtenção de cultivares tolerantes ao estresse hídrico é fundamental para o desenvolvimento da produção agrícola frente à realidade das mudanças climáticas no mundo. O objetivo desse estudo foi selecionar híbridos de milho tolerantes ao estresse hídrico durante a fase de emergência de plântulas. Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Agricultura e no Laboratório de Análises de Sementes da Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG. Quatro linhagens previamente identificadas como tolerantes ao estresse hídrico foram cruzadas em esquema de dialelo parcial com outras quatro linhagens não tolerantes ao estresse na safra 2013/2014. As sementes dos 32 híbridos simples resultantes (considerando os recíprocos) foram colocadas para germinar em bandejas em condições normais de umidade do substrato, em que a capacidade de retenção de água foi ajustada para 70%, e em condição de estresse, com capacidade de retenção ajustada em 10%. Avaliou-se o índice de velocidade de emergência, o comprimento da parte aérea e o comprimento radicular das plântulas em ambas as condições. Foi obtida a correlação de Spearman entre as duas condições ambientais e entre cada condição e a média dos dois ambientes. Também foram obtidos o índice de seleção de genótipos em relação à tolerância ao estresse (IS), o índice Z, e o gráfico de classificação dos genótipos quanto à tolerância e responsividade ao estresse hídrico. Os valores dos índices IS e Z foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo Teste de Scott-Knott por ambiente e na média dos ambientes. Observou-se valores significativos e de alta magnitude para as correlações de todas as características entre os dois ambientes e entre cada ambiente e a média de ambos, indicando que, para essa população, a seleção dos híbridos quanto às características relacionadas à emergência de plântulas não se altera expressivamente entre as duas condições de cultivo. Todas as metodologias permitiram a identificação de híbridos tolerantes ao estresse durante a emergência de plântulas, e foi possível a seleção seis híbridos promissores para serem recomendados a condições de estresse hídrico.

Palavras-chave: índice de seleção; *Zea mays*; vigor de sementes

SELEÇÃO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA EM ENSAIOS DE VCU POR MEIO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO

Paulo Rogério Selestino^{1*}; Eduardo Henrique Bizari¹; Paloma Helena da Silva Libório¹; Ivana Marino Bárbaro-Torneli²; Guilherme Henrique Bevilacqua¹; Aretha Arcenio Pimentel Corrêa¹; Sandra Helena Unêda-Trevisoli²

¹FCAV-UNESP, Jaboticabal-SP-Brasil;. ²Pesquisadora Científica, APTA - Pólo Regional de Colina/SP ². *E-mail do autor para correspondência: pr.selestrino@hotmail.com.

Nos programas de melhoramento genético de plantas, o processo de seleção é complexo e altamente influenciado pela interação genótipo x ambiente. Uma das alternativas é a utilização dos índices de seleção, que permite a seleção de genótipos desejáveis por meio dos caracteres de importância agrônômica avaliados. O objetivo do presente trabalho consistiu na seleção de linhagens avançadas de soja pertencentes a um ensaio de VCU (Valor de Cultivo e Uso) por meio do índice de seleção baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock. O experimento foi conduzido em Jaboticabal-SP no ano agrícola 2016/2017. Foram avaliados 35 genótipos, sendo 31 linhagens avançadas, além de quatro testemunhas (IAC-23, CD-205, IAC-Foscarin 31 e CD-216). O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliados os caracteres agrônômicos: número de dias para o florescimento (NDF); número de dias para a maturidade (NDM); altura da planta no florescimento (APF); altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); acamamento (Ac); valor agrônômico (VA) e produtividade de grãos (PG). Para o índice de Mulamba e Mock foram adotados como parâmetros de avaliação o peso econômico 1 para os caracteres VA, Ac e NDM e peso 10 para PG, devido ao fato de ser o principal caráter a ser considerado. Houve a seleção de 31,4% dos 35 genótipos avaliados (11 linhagens superiores). Para os caracteres NDF, NDM, APM, AIV e Ac, foi desejado um decréscimo nos valores, visto que é desejável genótipos precoces, com baixo acamamento e valores adequados para APM e AIV. As razões CVg/CVe apresentaram valores superiores à unidade para os caracteres NDF, APM, AIV, Ac e próximos a unidade para os caracteres NDM e PG, indicando situação satisfatória para a seleção. Com exceção do caráter VA (47,15%), os demais valores de herdabilidade foram superiores a 63%, indicando bons ganhos de seleção a serem obtidos, nestas condições. Foram selecionadas as linhagens 16, 2, 32, 11, 20, 21, 9, 22, 1, 30 e 8, com boas possibilidades de manutenção destas linhagens no ensaio de VCU. O índice baseado na soma de “ranks” apresentou ganho total de 22,18%, proporcionando importante incremento na média para o caráter PG (8,08%) além de ganhos desejáveis para os demais caracteres, indicando a eficácia do índice no presente estudo.

Palavras-chave: *Glycine max*, ganho com seleção, Mulamba e Mock

Agradecimentos: CAPES e FAPESP.

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E RESISTÊNCIA À DOENÇAS

Érica Munique da Silva¹, Gabriel Mendes Villela², Marcela Pedroso Mendes Resende^{1*}, Flávia Barbosa Silva Botelho²

¹Universidade Federal de Goiás. ²Universidade Federal de Lavras.
*marcelapmr@ufg.com

Dentre as alternativas para lidar com a seleção para múltiplos caracteres no melhoramento de plantas, a estimação de índices de seleção tem se mostrado bastante eficiente, pois permite combinar a informação de várias características em único valor. Além da produtividade de grãos, uma das maiores preocupações do melhoramento de arroz de terras altas é a obtenção de linhagens resistentes à doenças, pois elas afetam a qualidade dos grãos e o valor final do produto. O objetivo desse estudo foi verificar se existe correlação entre as principais doenças do arroz avaliadas simultaneamente através de um índice de seleção, e a produtividade de grãos. O ensaio foi realizado na safra 2015/2016 na área experimental do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras, utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições. Vinte linhagens elite de arroz de terras altas foram avaliadas para produtividade de grãos (t/ha) e para as doenças mancha parda, escaldadura, brusone foliar, brusone de pescoço e mancha de grãos. Para isso, utilizou-se uma escala de notas de 1 à 9, em que a nota 1 foi dada para parcelas em que a maioria das plantas não apresentaram sintoma de doença, e a nota 9 para parcelas com sintomas severos. As notas de cada doença foram padronizadas por parcela e, após a soma dos valores padronizados das cinco doenças, foi obtido um índice Z, combinando as informações das cinco doenças em uma variável única. Realizou-se uma análise de variância para a produtividade de grãos e para o índice Z, e foram obtidas as correlações genética, fenotípica e ambiental entre essas duas variáveis. Posteriormente, foram selecionadas as 10% melhores linhagens para produtividade e para o índice Z separadamente. Observou-se diferença significativa entre as linhagens para ambas as variáveis. A correlação genética entre a produtividade de grãos e o índice Z foi de $r_G = -0,86^{**}$, a correlação fenotípica média foi de $r_F = -0,62^{**}$, e a correlação ambiental foi $r_E = -0,09^{ns}$. A alta magnitude da correlação genética indica que as linhagens que apresentaram maior resistência às doenças também apresentaram alta produtividade. Entretanto, não houve coincidência entre as linhagens selecionadas para maior produtividade de grãos e para o índice Z. Apesar disso, as linhagens selecionadas para produtividade apresentaram bons valores para o índice. Como a produtividade geralmente é prioridade nos programas de melhoramento, a seleção para essa característica deve ser priorizada tentando-se conciliar com boas notas para resistência à doenças.

Palavras-chave: índice de seleção; melhoramento de plantas; genética quantitativa

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA DE COZIMENTO RÁPIDO E DE ESCURECIMENTO TARDIO

Fernanda Daltrozo Arns^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Cleiton Renato Casagrande¹;
Henrique Caletti Mezzomo¹; Skarlet De Marco Steckling¹

¹Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS.
*E-mail: fernandaarns@hotmail.com.

O desenvolvimento de cultivares de feijão carioca (tegumento bege e estrias marrons) que apresentam grãos de cozimento rápido, de coloração clara e de escurecimento tardio representa vantagens tecnológicas. Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram avaliar se as linhagens de feijão carioca diferem em relação ao tempo de cozimento e à coloração do tegumento dos grãos e verificar o efeito do tempo de armazenamento e da época de cultivo sobre esses caracteres. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, na Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS. Os tratamentos foram combinados em um esquema trifatorial, constituído por nove linhagens de feijão (FAP-F3-2, LEC 03-14, CNFC 11 954, C 10-2-4/41, CNFC 11-948, CHC 01-175-1, LP 11-363, Pérola e Carioca), quatro tempos de armazenamento (0, 2, 4 e 6 meses) em câmara fria (3°C e umidade relativa de 70%) e duas épocas de cultivo (safra 2014 e safrinha 2015). O tempo de cozimento foi avaliado após 8 horas de imersão dos grãos em água destilada, com um cozedor de Mattson. Os parâmetros da coloração dos grãos (“L”, a* e b*) foram quantificados em um colorímetro portátil. As seguintes interações foram significativas: linhagem (L) x tempo de armazenamento (T) x época de cultivo (E) para o valor b*; L x T para os valores “L” e b*; e L x E para os valores “L”, a*, b* e cozimento. Para as linhagens LEC 03-14 e C10-2-4/41, nenhuma equação de regressão foi ajustada para os valores de “L”, portanto o tegumento dos grãos permaneceu claro mesmo após seis meses de armazenamento. Para as demais linhagens, foi possível o ajuste de uma equação de 1º ou de 2º grau, ou seja, haverá um período máximo de armazenamento, sem escurecimento dos grãos. Para o valor b*, não houve resposta linear ou quadrática apenas para as linhagens LEC 03-14, CNFC 11 954, LP 11-363 e Pérola. Nas outras linhagens foram observadas alterações de tonalidade na faixa do azul ao amarelo (valor b*) com o armazenamento. O tempo de cozimento e os valores de “L”, a* e b* variaram amplamente entre as linhagens e as épocas de cultivo. A linhagem C10-2-4/41 apresentou o menor tempo de cozimento e o maior valor de “L” nas duas épocas avaliadas. Para a linhagem FAP-F3-2 foram observados os maiores valores de a* e b* nas duas épocas de cultivo, entretanto os grãos foram escuros (menor valor de “L”). A linhagem C10-2-4/41 apresenta cozimento rápido, coloração de tegumento claro e escurecimento tardio dos grãos e será selecionada pelo programa de melhoramento.

Palavras-chave: qualidade tecnológica; interação genótipo x ambiente; variabilidade genética.

Agradecimentos: CAPES, CNPq.

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO COM ARQUITETURA DE PLANTA ERETA COM MAIOR PRECISÃO EXPERIMENTAL

Skarlet De Marco Steckling^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Greice Rosana Kläsener¹; Sandra Maria Maziero²; Cleiton Renato Casagrande¹

¹Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS. *E-mail: kati_ste@hotmail.com. ²Agropecuária na Associação Sulina de Crédito e Assistência Rural, Boa Vista do Cadeado-RS.

O desenvolvimento de cultivares de feijão com arquitetura de planta ereta representa vantagens tecnológicas. Por isso, os programas de melhoramento precisam considerar estatísticas de maior precisão experimental no processo de seleção de linhagens de feijão de arquitetura ereta. O coeficiente de variação experimental (CV) tem sido muito utilizado para avaliar a precisão experimental. Entretanto, esta estatística não considera o nível de variação genotípica expressa no caráter. O objetivo desse trabalho foi identificar estatísticas de maior precisão experimental para uso na seleção de linhagens de feijão de arquitetura ereta. Para tanto, 23 experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijão foram conduzidos na Universidade Federal de Santa Maria, entre os anos de 1998 a 2015. O delineamento experimental usado foi blocos ao acaso, com número de repetições variando de três a quatro. O número total de linhagens avaliadas foi 166, sendo que cada experimento foi constituído por 13 a 26 linhagens. Os seguintes caracteres foram avaliados: acamamento com o uso de escala de notas (1 = plantas eretas e 9 = plantas caídas, tocando o solo), inserção da primeira vagem e inserção da última vagem. A análise de variância foi realizada para cada experimento e foram obtidas as estatísticas: CV, coeficiente de determinação genético (h^2) e acurácia seletiva (AS). Com o uso do CV, 65,22%, 91,30% e 95,65% dos experimentos de VCU apresentaram $CV \leq 25\%$ para acamamento, inserção da primeira vagem e inserção da última vagem, respectivamente. Esse critério é requerido para a produtividade de grãos e possibilita o uso dos resultados obtidos nos VCU para fins de registro de novas cultivares de feijão no Registro Nacional de Cultivares. Quando se considerou a h^2 , o percentual de experimentos que apresentaram precisão muito alta foi inferior, variando de 60,87% (acamamento e inserção da primeira vagem) a 73,91% (inserção da última vagem). Pela AS, o percentual de experimentos com precisão alta e muito alta foi de 73,91% (acamamento), 78,26% (inserção da primeira vagem) e 82,61% (inserção da última vagem). A estatística AS considera um maior número de parâmetros para avaliar a precisão experimental: variância genética, variância residual e número de repetições. O uso da acurácia seletiva possibilita maior precisão experimental na seleção de plantas de feijão de arquitetura ereta.

Palavras-chave: variabilidade genética; parâmetros estatísticos; eficiência na seleção.

Agradecimentos: CNPq.

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO DE COZIMENTO RÁPIDO BASEADA EM CARACTERES MORFOLÓGICOS DOS GRÃOS

Nerinéia Dalfollo Ribeiro^{1*}; Fernanda Daltrozo Arns¹; Henrique Caletti Mezzomo¹; Sandra Maria Maziero²

¹Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS. *E-mail: nerineia@hotmail.com. ²Agropecuária na Associação Sulina de Crédito e Assistência Rural, Boa Vista do Cadeado-RS.

A identificação de linhagens de feijão de cozimento rápido pelo uso de caracteres morfológicos dos grãos contribui para a seleção precoce de germoplasma superior. Por isso, o objetivo desse trabalho foi analisar as correlações lineares existentes entre os caracteres morfológicos dos grãos e o tempo de cozimento, visando a seleção indireta de linhagens de feijão carioca de cozimento rápido. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, na Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS. Os tratamentos foram combinados em um esquema trifatorial constituído por nove genótipos de feijão (FAP-F3-2, LEC 03-14, CNFC 11 954, C 10-2-4/41, CNFC 11-948, CHC 01-175-1, LP 11-363, Pérola e Carioca), quatro tempos de armazenamento dos grãos (0, 2, 4 e 6 meses) em câmara fria a 3°C e 70% de umidade relativa e duas épocas de cultivo (safra 2014 e safrinha 2015). As determinações realizadas foram massa de 100 grãos, comprimento (C), largura (L), espessura (E), C/L, E/L, parâmetros da coloração ("L", a* e b*), absorção (%) e tempo de cozimento dos grãos. Os coeficientes de correlação linear de Pearson foram estimados com o uso da matriz de correlação fenotípica, sendo verificada a significância dos coeficientes pelo teste *t* de Student. As linhagens de feijão carioca diferiram para todos os caracteres avaliados e isso permite a seleção com base em caracteres morfológicos dos grãos e no tempo de cozimento. Os coeficientes de correlação apresentaram magnitude diferente nas duas épocas de cultivo. No entanto, correlação de alta magnitude e positiva foi obtida entre a massa de 100 grãos e o comprimento dos grãos ($r= 0,75$ e $0,70$) e negativa entre o grau de achatamento dos grãos (E/L) e o tempo de cozimento dos grãos ($r= -0,70$ e $-0,80$), nas duas épocas de cultivo. Portanto, o aumento da medida de comprimento dos grãos de feijão carioca, resultou em maior massa de 100 grãos. Já, o aumento da relação E/L, que indica o grau de achatamento dos grãos, resultou em menor tempo de cozimento dos grãos. Grãos de feijão carioca cheios ou semi-cheios apresentaram tempo de cozimento mais rápido do que os grãos achatados. O uso da relação E/L mostra-se promissora para seleção indireta de grãos de feijão carioca de cozimento rápido.

Palavras-chave: qualidade tecnológica; interação genótipo x ambiente; análise de correlação.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO PARA QUALIDADE TECNOLÓGICA E CONCENTRAÇÃO DE MINERAIS

Henrique Caletti Mezzomo^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Skarlet De Marco Steckling¹; Cleiton Renato Casagrande¹; Maykon Júnior da Silva¹

¹Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS.

*E-mail: hc_mezzomo@hotmail.com.

O desenvolvimento de linhagens de feijão com maior massa de 100 grãos, de cozimento rápido e com maior concentração de minerais nos grãos representa avanços tecnológicos para a cultura. Sendo assim, os objetivos desse trabalho foram avaliar se as linhagens de feijão diferem para a massa de 100 grãos, o tempo de cozimento e a concentração de minerais nos grãos e selecionar linhagens de feijão superiores para esses caracteres. Os experimentos foram conduzidos na Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria-RS, em cultivo de safra 2014 e de safrinha 2016. O delineamento usado foi blocos ao acaso, com três repetições. Os tratamentos consistiram da avaliação de 16 genótipos de feijão, sendo 13 linhagens obtidas pelo Programa de Melhoramento de Feijão da UFSM e três cultivares (testemunhas). A massa de 100 grãos foi avaliada a 13% de umidade e o tempo de cozimento dos grãos, em um cozedor de Mattson. Os minerais foram quantificados por digestão nítrica-perclórica e leitura em espectrofotômetro de emissão ótica para fósforo e em absorção atômica para potássio, ferro, zinco e cobre. Interação genótipo x ambiente significativa foi obtida para todos os caracteres avaliados, exceto para a concentração de fósforo. Os genótipos DF 08-29, Pérola e Guapo Brilhante foram agrupados no grupo de maior massa de 100 grãos nas duas épocas. O tempo de cozimento variou de 11 min e 04 s (DF 08-29, safrinha 2016) a 29 min e 47 s (Guapo Brilhante, safrinha 2016). Todas as linhagens avaliadas apresentaram cozimento rápido, ou seja, inferior a 20 minutos, exceto a Guapo Brilhante. Para potássio, a aplicação do teste de Skott-Knott não possibilitou a estratificação entre os genótipos, no mesmo nível de significância. Entretanto, todos os genótipos avaliados apresentaram alta concentração de potássio nos grãos ($> 12 \text{ g kg}^{-1}$ de matéria seca - MS), com exceção da linhagem DF 07-13, na safra 2014. No grupo com os maiores valores de ferro e de zinco, independente da época de cultivo, foram enquadradas as linhagens DF 08-21, DF 07-11 e DF 07-10. No entanto, apenas a linhagem DF 08-20 apresentou concentração de ferro superior a 95 mg kg^{-1} de MS, nas duas épocas, valor preconizado pelos programas de biofortificação de feijão. Os genótipos DF 08-26, DF 08-21, Guapo Brilhante, DF 08-22, DF 08-28 e DF 08-20 foram enquadrados no grupo com os maiores valores de cobre nas duas épocas. A linhagem DF 08-20 apresenta cozimento muito rápido, alta concentração de potássio, ferro e cobre e será selecionada pelo programa de melhoramento.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente; tempo de cozimento; biofortificação.

Agradecimentos: CAPES, CNPq.

SELEÇÃO DE LINHAGENS ELITE DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA RESISTÊNCIA À DOENÇAS

Ailton José Crispim Filho¹; Gabriel Mendes Villela²; Marcela Pedroso Mendes Resende^{1*}; Flávia Barbosa Silva Botelho²

¹Universidade Federal de Goiás. ²Universidade Federal de Lavras.
*marcelapmr@ufg.com

A ocorrência de doenças na cultura do arroz de terras altas reduz a produtividade e prejudica a qualidade dos grãos, contribuindo para depreciar o valor do produto final no mercado. Um dos principais métodos para o controle de doenças é a utilização de cultivares resistentes. Além de ser extremamente eficiente, essa estratégia tem menor custo para o produtor e reduz o uso de produtos químicos na lavoura. Por isso, a obtenção de cultivares resistentes à doenças é um dos principais focos dos programas de melhoramento de plantas. O objetivo desse estudo foi selecionar linhagens elite de arroz de terras altas para as doenças mancha parda, escaldadura, brusone foliar, brusone de pescoço e mancha de grãos. O experimento foi conduzido na safra 2015/2016 na área experimental do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras, utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições. Vinte linhagens elite de arroz de terras altas foram avaliadas para essas doenças utilizando uma escala de notas de 1 à 9. A nota 1 foi dada para parcelas em que a maioria das plantas não apresentaram sintoma de doença, e a nota 9 para parcelas com sintomas severos. A seleção foi realizada para todas as doenças simultaneamente utilizando os índices de seleção da soma de postos (I_{MM}) e da soma das variáveis padronizadas (Z) obtidos por parcela. Realizou-se uma análise de variância para cada índice, e foram estimados os coeficientes de variância genética, variância fenotípica média e herdabilidade (h^2). Também realizou-se o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott para cada índice e foi obtida a correlação de Pearson (r) entre os índices. As linhagens apresentaram diferença significativa para ambos. Os coeficientes de herdabilidade dos índices foram semelhantes, sendo $h^2 = 80,11\%$ para o índice Z , e $h^2 = 81,52\%$ para o índice I_{MM} . A correlação entre os índices foi de apenas $r = 0,58^{**}$. Contudo, observou-se que o agrupamento das médias foi muito semelhante entre os índices, especialmente para as linhagens mais resistentes. Dessa forma, foi possível selecionar dez linhagens com alta resistência para as doenças mancha parda, escaldadura, brusone foliar, brusone de pescoço e mancha de grãos. Como foram avaliadas linhagens elite altamente produtivas, as linhagens selecionadas tem grande potencial de se tornarem cultivares comerciais resistentes às principais doenças do arroz.

Palavras-chave: índice de seleção; melhoramento de plantas; genética quantitativa

SELEÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE FEIJÃO POR DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO

Vitória de Almeida Moreira¹; Izabela Rodrigues Sanches¹; Thais Lana Lobo Santana¹; Bruno Ettore Pavan¹.

¹ Unesp, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira; Av. Brasil, Centro, 56, Ilha Solteira-SP, CEP 15385-000; E-mail: vitorialmeidamoreira@gmail.com

O feijão-comum é um dos mais importantes constituintes da dieta os brasileiros, fazendo necessário o aumento de sua produção e produtividade atendendo a demanda crescente por alimentos. A principal forma de aumentar a produtividade da cultura é via melhoramento genético, sendo suas chances de êxito é dada pela seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica, dessa forma este trabalho objetivou selecionar linhagens de feijão para a região de cerrados de baixa altitude por meio de diferentes índices de seleção. O experimento de campo foi conduzido no município de Ilha Solteira no inverno do ano agrícola de 2015. Foram avaliadas 73 linhagens e três testemunhas em delineamento em blocos aumentados, exceto para o caráter aspecto de grãos, com parcelas experimentais de quatro linhas com 4 metros sendo a parcela útil as duas linhas centrais. Os caracteres de produção avaliados foram: produção de grãos por hectare, aspecto de grãos, altura média de 6 plantas por parcela, número de dias para o florescimento, massa de 100 sementes, altura da inserção da primeira vagem e diâmetro médio do hipocótilo de 6 plantas por parcela. Inicialmente os dados foram submetidos a análise de variância por variável resposta, sendo determinados os componentes de variância e parâmetros genéticos para cada característica, como, variância genotípica, fenotípica e ambiental, herdabilidade no sentido amplo, diferencial de seleção (adotando uma pressão seletiva de 40%), ganho de seleção e ganho de seleção em porcentagem. As estimativas dos progressos genéticos na seleção foram estimados por três diferentes índices de seleção, o índice clássico de Smith (1936) e Hanzel (1943), sem pesos e parâmetros de Elston e Oda soma de rank's de Mulamba e Mock. Os materiais genéticos testados apresentaram baixa variabilidade genética dificultando a seleção, resultando em baixos ganhos genéticos. Apesar do índice de Elston ter obtidos ganhos totais superiores aos demais índices, ele não pode ser considerado o melhor como um todo, pois os ganhos foram desequilibrados, gerando ganhos altos em algumas características e baixos em caracteres de muita importância, como produtividade e número de grãos por vagem. Os índices Elston, Mulamba e Mock proporcionaram ganhos positivos para todos os caracteres, já o índice Clássico promoveu ganhos positivos somente para massa de 100 sementes, altura de planta e aspecto de grãos. O índice de Mulamba e Mock, apesar de não apresentar os maiores ganhos, proporciona progressos desejáveis, permitindo ganhos equilibrados no conjunto dos caracteres, mostrando-se adequado para esse experimento com maior facilidade na sua execução.

Palavras chaves: *Phaseolus vulgaris*; progresso genético; seleção multivariada.

SELEÇÃO DE LINHAGENS PRECOSES DE FEIJÃO COM O USO DE DIFERENTES ESTATÍSTICAS

Greice Rosana Kläsener^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Skarlet De Marco Steckling¹; Sandra Maria Maziero²; Cleiton Renato Casagrande¹

¹Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS. *E-mail: rosanaklasener@hotmail.com. ²Agropecuária na Associação Sulina de Crédito e Assistência Rural, Boa Vista do Cadeado-RS.

O desenvolvimento de cultivares precoces de feijão atende à demanda dos produtores rurais. A precocidade tem sido avaliada pela floração (número de dias da emergência a abertura da primeira flor) e ciclo (número de dias da emergência a maturação). A seleção de linhagens precoces de feijão deve ser realizada com precisão experimental. Isso implica em identificar medidas de precisão experimental que avaliem predominantemente as diferenças genéticas entre as linhagens em avaliação. O objetivo desse trabalho foi identificar estatísticas de maior precisão experimental para uso na seleção de linhagens precoces de feijão. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três a quatro repetições, dependendo do ano, na Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS. O número de linhagens avaliadas em cada experimento foi variável, totalizando 166 linhagens de diferentes obtentores. Um total de 23 experimentos de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de feijão foram analisados entre os anos de 1998 a 2015. Na parcela útil foram avaliados os caracteres da precocidade: floração e ciclo. Os dados obtidos para cada experimento foram submetidos a análise de variância, sendo obtidas as seguintes estatísticas: coeficiente de variação experimental (CV), diferença mínima significativa pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade (DMS), coeficiente de determinação genético (h^2) e acurácia seletiva (AS). Todos os experimentos avaliados apresentaram baixos escores das estatísticas CV e DMS, exceto no cultivo de safrinha de 2014. Nesse caso, a seleção de linhagens de feijão com floração e ciclo precoces foi realizada com precisão experimental em 95,65% nos experimentos de VCU. Entretanto, é preciso considerar que essas estatísticas independem da variabilidade genética e podem estar associadas a maior variância residual. De acordo com a h^2 , o percentual de experimentos que apresentou precisão muito alta foi de 65,22% para a floração e de 86,96% para o ciclo. Quando se usou a AS, o percentual de experimentos com precisão alta e muito alta foi 73,91% para a floração e de 91,30% para o ciclo. A estatística AS engloba as informações da variância genética, da variância residual e do número de repetições, por isso propiciou o correto ordenamento das linhagens precoces de feijão. A acurácia seletiva deve ser usada como parâmetro de maior precisão experimental na seleção de linhagens precoces de feijão.

Palavras-chave: variabilidade genética; parâmetros estatísticos; eficiência na seleção.

Agradecimentos: CNPq.

SELEÇÃO DE LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJÃO DO GRUPO CARIOCA COM ALTO POTENCIAL DE RENDIMENTO, AMPLA ADAPTAÇÃO E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO

Ana Rafaela Gouvêa^{1*}; Vânia Moda Cirino¹.

¹Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR. *anarafaclag@icloud.com

O feijão *Phaseolus vulgaris* L. é uma leguminosa de grande importância nutricional, social e econômica, sendo o Brasil seu principal produtor. A área cultivada com feijão na última safra foi de aproximadamente 2.800 hectares com uma produção de 2.700 toneladas, das quais 68% referem-se ao grupo comercial carioca, 17% ao grupo preto e 15% ao feijão caupi, atendendo as exigências do mercado consumidor. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética para potencial de rendimento de grãos, a interação genótipo por ambientes, a estabilidade e adaptabilidade para rendimento de grãos e sanidade das plantas em linhagens promissoras do grupo carioca. Esses estudos foram realizados nos ensaios preliminares estabelecidos na safra das águas de 2016 e na safra da seca de 2017 em três ambientes do Paraná, Londrina, Santa Tereza do Oeste e Ponta Grossa. Em cada ambiente foram conduzidos 15 ensaios, constituídos por 18 linhagens promissoras desenvolvidas pelo Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR e pelas testemunhas IPR Tangará e IPR Campo Gerais. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições e parcelas de duas linhas com 4m, espaçadas 0,5m entre linhas e população de 12 plantas por metro linear. No estádio R7 foi avaliado o ciclo, hábito de crescimento, porte da planta e reação às doenças, adotando a metodologia proposta pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical - CIAT. Os dados de rendimento foram transformados para kg.ha⁻¹, corrigidos para 13% de umidade e submetidos à análise de variância e teste de agrupamento de médias de Scott e Knott a 5% de probabilidade. As análises conjuntas da variância para cada ensaio revelaram efeitos significativos para a interação genótipo por ambientes para a maioria dos ensaios, o que possibilitou o estudo da adaptabilidade e estabilidade fenotípica pelo método de Eberhart e Russel de 1966. Do total das 270 linhagens avaliadas nos 15 ensaios, 92 superaram o rendimento médio das testemunhas, apresentando-se como resistentes ou moderadamente resistentes às doenças, associada à ampla adaptabilidade e estabilidade de produção. As linhagens que se destacaram no Ensaio Preliminar serão promovidas para o ensaio de determinação do Valor de Cultivo e Uso – VCU, podendo futuramente serem registradas para cultivo, tornando-se mais uma opção de cultivar do grupo comercial carioca.

Palavras-chave: Melhoramento genético; rendimento de grãos; resistência às doenças.

Seleção de marcadores SNP em sorgo para recuperação do genoma recorrente em RETROCRUZAMENTO ASSISTIDO

Michele Jorge da Silva^{1*}; Cynthia Maria Borges Damasceno²; Cláudia Teixeira Guimarães²; Beatriz de Almeida Barros², Marcos de Oliveira Pinto², José Eustáquio de Souza Carneiro¹ Rafael Augusto da Costa Parrella²

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Embrapa Milho e Sorgo. *michele.jorge@ufv.br

Uma das limitações do método de retrocruzamento convencional é o longo tempo necessário para se completar o processo, fazendo com que o genótipo-elite utilizado como genitor recorrente muitas vezes se torne obsoleto. Dessa forma, os marcadores moleculares apresentam-se como uma ferramenta importante para aumentar a eficiência desse processo, uma vez que possibilitam a identificação de indivíduos com maior proporção do genoma recorrente. O objetivo deste trabalho foi a seleção de marcadores SNP polimórficos entre genótipos de sorgo de interesse para posterior utilização em etapas de retrocruzamento assistido. Os 14 genótipos de sorgo utilizados, pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Milho e Sorgo, foram: CMSXS652, CMSXS643, BRS506, BRS 511, CMSXS170, IS 23777, QL3-Índia, 9503062, ATF14B, QL3-Texas, SC414R, BR012R566, 9910032 e 947216. DNA genômico foi extraído para cada amostra, sendo posteriormente quantificado em espectrofotômetro (NanoDrop® ND-1000) e diluído para a concentração de 10 ng/μl. Utilizando-se o ensaio KASP (*Kompetitive Allele-Specific PCR*, LGC Genomics), foram testados um total de 99 marcadores SNP para a identificação daqueles polimórficos entre as linhagens de sorgo avaliadas. A reação de amplificação foi realizada com 5 μL de Kasp Master Mix, 5 μL de DNA genômico e 0,14 μL de Kasp Assay Mix, seguindo por diversos ciclos de amplificação recomendados pela LGC. A intensidade da fluorescência das amostras foi quantificada por meio do leitor de microplacas FLUOstar Omega Filter-based multi-mode microplate reader (BMG Labtech) e a genotipagem foi realizada utilizando-se o software KlusterCaller 1.1 (LGC Genomics). Observou-se que dentre os 99 marcadores SNP testados, 90 foram eficientes para genotipagem dos acessos avaliados. Foi possível a identificação das classes de homozigotos e heterozigotos, permitindo a seleção dos indivíduos de interesse para futuras etapas de retrocruzamento assistido. Dessa forma, esses resultados viabilizam a utilização desses marcadores nos processos de seleção assistida, auxiliando na identificação de genótipos com maior recuperação do genoma recorrente, com a intenção de acelerar as etapas de retrocruzamento, importante processo no melhoramento de plantas.

Palavras-chave: Seleção assistida; linhagens; polimorfismos

Agradecimentos: CNPq, Fapemig e Embrapa Milho e Sorgo

SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE FEIJOEIRO COMUM TOLERANTES AO DÉFICIT HÍDRICO

Tamires Ribeiro¹; Jose Antonio de Fátima Esteves¹; José Rodrigues Magalhães Filho¹; João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹; Sérgio Augusto Morais Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹

¹ Instituto Agrônômico (IAC), Campinas, SP, Brasil. *tamires_r1@yahoo.com.br

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) destaca-se dentre as culturas agrícolas mais importantes do Brasil e sua produtividade está diretamente relacionada às condições climáticas, sendo o déficit hídrico, um dos principais fatores limitantes. Para reduzir os danos ocasionados pela restrição hídrica e manter a produtividade da cultura, os programas de melhoramento tem direcionado estudos para o entendimento dos aspectos genéticos envolvidos no caráter de tolerância a seca e para incorporação do mesmo em novos genótipos de feijoeiro. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito do déficit hídrico em 40 populações de feijoeiro desenvolvidas pelo programa de melhoramento do Instituto Agrônômico-IAC mais as testemunhas SEA 5 (tolerante) e IAC Apuã (Suscetível). O experimento foi realizado em casa de vegetação, no solo, com delineamento em blocos casualizados, com parcelas subdivididas e três repetições. As parcelas foram compostas pelos tratamentos hídricos: irrigado e déficit hídrico e, as subparcelas pelas populações. No tratamento déficit hídrico a irrigação foi suspensa no estágio R-5 (pré-floração) e permaneceu assim até que o potencial matricial do solo atingiu média de -179 kPa. Nesse momento, foram avaliadas: a condutância estomática (g_s), área foliar (AF), massa seca de folhas (MSF), massa seca de caule (MSC) e massa seca total (MST). Após as avaliações dessas características, a irrigação no déficit hídrico foi restabelecida e, na maturação fisiológica das plantas, avaliou-se a produtividade de grãos (PG). Os resultados foram submetidos à análise de variância pelo teste F a 1% de probabilidade, sendo observada diferença significativa para tratamento hídrico: na g_s , MST e PG; para genótipos: na AF, MST e PG e, interação genótipo x ambiente para MST, NSP e PG. Com a imposição do déficit hídrico houve redução de 59,37% da g_s , 47,95% da AF, 38,62% da MST e 69,11% da PG. Com relação à PG, destacaram-se as populações 5, 8, 14, 15, 16, 18, 19, 20, 21 e 32 em ambos os tratamentos hídricos e, as populações 1, 3, 6 e 7, no déficit hídrico. Essas populações foram classificadas como tolerantes a seca e, poderão ser selecionadas para compor blocos de cruzamentos visando à inserção do caráter em novos genótipos de feijoeiro.

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris* L.; déficit hídrico; melhoramento genético

Agradecimentos: a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pela concessão da bolsa de estudos e financiamento do projeto.

SELEÇÃO DE PROGÊNIES PRECOCE DE SOJA PARA A REGIÃO SUL DE MINAS GERAIS

Fiorita Faria Monteiro¹; Adriano Teodoro Bruzi²; Flaviane de Oliveira Ribeiro³;
Adriano Abreu Moreira⁴; Ana Paula Sales⁵; Sinomar Domingues de Freitas
Neto⁶

^{1,2,3,4,5,6}Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor para correspondência: fififaria@hotmail.com

Diversos caracteres são avaliados no momento da seleção de uma cultivar, sendo um deles a precocidade. Os produtores demandam cultivares cada vez mais precoces, otimizando assim a segunda safra e reduzindo a pressão de patógenos. Este é um caráter quantitativo, controlado por vários genes. Neste contexto, é impossível obter sucesso em um único ciclo seletivo e a principal alternativa é o emprego da seleção recorrente. Assim, objetivou-se obter estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos de progênies $S_{0:1}$ de soja, obtidas pela seleção recorrente visando a seleção de progênies precoces para a região sul de Minas Gerais. O trabalho foi conduzido em área experimental da Universidade Federal de Lavras em Minas Gerais (Fazenda Muquém). Na safra 2015/2016 foram avaliadas 131 progênies $S_{0:1}$ e 13 genitores como testemunhas. O delineamento foi o látice simples 12x12, com duas repetições, adotando parcela de 1 linha de 1,5 metros. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias para o florescimento; dias para a maturação; altura de inserção do primeiro legume; altura da planta e produtividade dos grãos. A análise genético/estatística dos dados foi efetuada com auxílio do software Statistical Analysis System (SAS). As estimativas dos componentes de variância evidenciaram a existência de variabilidade entre as progênies. As estimativas de herdabilidade para os caracteres relacionados com a precocidade foram de grande magnitude. Para o caráter número de dias para o florescimento a herdabilidade obtida foi 0,82 e para o número de dias para maturação foi de 0,68. Os ganhos com a seleção foram expressivos, uma vez que utilizando uma intensidade de seleção de 30%, o ganho para o número de dias para o florescimento foi de -4,43% e para o número de dias para maturação foi de -4,12%. A partir das médias BLUP, foi possível observar que 44% das progênies apresentaram ciclo inferior a 120 dias, viabilizando assim a segunda safra na região sul de Minas Gerais. Obteve-se também ganho com a seleção para os demais caracteres avaliados. Assim, pode-se aventar que a partir da seleção dessas progênies é possível obter linhagens produtivas, com ciclo precoce e com altura de planta e inserção do primeiro legume recomendadas para a colheita mecanizada.

Palavras Chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Melhoramento Genético; Genética Quantitativa

Agradecimentos: UFLA, FAPEMIG, CNPq, CAPES.

SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES DE SOJA ORIUNDAS DE TOPOCRUZAMENTOS TIPO GRÃO X TIPO ALIMENTO POR MEIO DE MODELOS MISTOS

Wallace de Sousa Leite^{1*}; Cleber Vinicius Giaretta Azevedo¹; Antonio Pizolato Neto¹; Bruno Henrique Pedrosa Val¹; Ana Cristina Pinto Juhász²; Antonio Orlando Di Mauro³; Sandra Helena Unêda-Trevisoli³

¹Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas da UNESP Jaboticabal; ²Pesquisadora da EPAMIG; ³Professor do Departamento de Produção Vegetal da UNESP Jaboticabal. *leitewallace@hotmail.com.

O uso da abordagem REML/BLUP de modelos mistos pode fornecer predições mais acuradas do valor genotípico, cuja medida pode ser usada como referência no ranqueamento e seleção de genótipos superiores, promovendo incremento no processo seletivo. O presente estudo teve como objetivo selecionar progênies superiores de soja oriundas de topocruzamento tipo grão x tipo alimento, usando a abordagem REML/BLUP para a predição dos valores genotípicos. Foram avaliadas 400 progênies F₄ oriundas de duas populações de soja (BRSMG-810C x BRSMG 790A e BRSMG-810C x BRSMG 800) no delineamento de blocos aumentados de Federer, além dos três parentais e uma cultivar comercial, como testemunhas, no ano agrícola 2015/16. Foram avaliados os caracteres agrônômicos: número de dias para a maturação (NDM), altura de plantas na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), acamamento (Ac), valor agrônômico (VA), número de ramos (NR), número de nós (NN), número de vagens (NV), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PG). Os dados obtidos foram analisados por meio da abordagem REML/BLUP de modelos mistos. A análise de *deviance*, detectou diferenças significativas pelo teste do Qui-quadrado (LRT), a 1% de probabilidade para os caracteres agrônômicos: APM, AIV, NR, NN, NV, PCS e PG. Isto indica a presença de variabilidade genética entre as progênies em estudo, em relação a esses caracteres, sendo portanto, possível a seleção e obtenção de relevantes ganhos genéticos. Foram observados coeficientes de variação genético (CVg) e ambiental (CVe), variando de 3,8 a 54,4% e 5,3 a 43,2%, respectivamente. A relação CVg/CVe apresentou valores superiores à unidade para todos os caracteres, com exceção de NDM e AC, indicando condições favoráveis para a seleção. Foram observados coeficientes de herdabilidade (h²) variando de 17,6 (Ac) a 85,1% (NV), demonstrando potencial para seleção de progênies, merecendo destaque o valor satisfatório de 60,2% para o caráter PG, por ser este o principal atributo visado no processo de seleção. As dez progênies selecionadas apresentaram valores genotípicos preditos (BLUP) satisfatórios para todos os caracteres, e superiores à média para APM, NV e PG, sendo selecionadas principalmente com base no caráter PG, obtendo-se ganho estimado com a seleção em torno de 2,88 g/planta.

Palavras-chave: *Glycine max*; caracteres agrônômicos; REML/BLUP.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e Fapesp.

SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA DE LINHAGENS DE FEIJÃO COM BASE EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS

Everson Rader^{1*}; Vander André Berres¹; Cláudia Alessandra Castanharo¹; Kamila Savala Pereira¹; Renata Marchiori¹; Valéria Freitas Chaves¹; Liliam Silvia Candido¹

¹Universidade Federal da Grande Dourados. *Autor para correspondência: everson_rader@hotmail.com

O feijão é um dos alimentos que compõe a base da alimentação brasileira. Como no país a produtividade, de maneira geral, é baixa, os programas de melhoramento da cultura tornam-se essenciais, visando à obtenção e seleção de genótipos mais produtivos, com potencial para registro e comercialização. Este trabalho foi realizado com o objetivo de predizer os ganhos com a seleção direta e indireta de linhagens de feijão comum com base em sete caracteres morfoagronômicos. O experimento foi conduzido na fazenda experimental da Universidade Federal da Grande Dourados, na safra da seca, no ano de 2015. Foram avaliadas 20 linhagens de feijão, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados altura de plantas (AP), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), diâmetro de hipocótilo (DH), número de dias para maturação (MAT), produtividade (PROD) e massa de 100 grãos (M100). Todas as características apresentaram alta herdabilidade, variando entre 65,5% e 92,5%, com destaque para M100 (92,5%), MAT (88,5%), NVP (87,5%) e PROD (84,12%), indicando grande possibilidade de ganhos com a seleção baseada nessas características. Foi observada maior predição de ganho direto com a seleção das oito melhores linhagens com base no NVP (31,7%), PROD (24,2%) e M100 (18,9%), todas relacionadas à produtividade. Espera-se que a seleção com base em AP, proporcione ganho indireto em PROD (8,8%) e M100 (9%) e a seleção com base em PROD proporcione ganho indireto em NVP (29,1%) e M100 (15,9%). A alta correlação genética entre PROD x NVP (0,82) e PROD x M100 (0,77) associado às altas herdabilidade, favoreceu esses resultados. A seleção baseada em NGV além de prever baixo ganho direto (5,9%), prevê perdas nas características AP (-2%), NVP (-2,9%), e M100 (-9,8%). De maneira geral, as linhagens possuem grande número de vagens, entretanto, com poucos grãos, em média. O ganho direto com a seleção MAT prevê redução de 2,3% no ciclo da cultura, entretanto prevê perdas em NVP (-18,7%), PROD (-13,6%) e M100 (-13,3%). Foi observada predição de ganho direto com base em DH (13,5%) e também possibilidade de ganho indireto em NVP e PROD. Assim, é possível concluir que a seleção baseada nos componentes de produção, principalmente PROD e M100 poderá proporcionar ganhos diretos e indiretos nas demais características, porém a seleção baseada em NGV não deve ser recomendada nesse caso.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; produtividade; resposta correlacionada.

SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA PARA COMPONENTES DE EFICIÊNCIA NO USO DE FÓSFORO EM MILHO-PIPOCA EM AVALIAÇÃO PRECOCE

Vinícius Costa Almeida^{1*}; Cleiton Paula da Silva¹; Aloísio Fernando Silva Ribeiro¹; Leonardo Alves Risso¹; Andréa Carla Bastos Andrade¹; José Marcelo Soriano Viana¹.

¹ Universidade Federal de Viçosa. *viniciosallmeida@gmail.com

Os campos de produção de milho-pipoca vêm aumentando gradativamente no Brasil. No entanto, as condições dos solos brasileiros representam um empecilho ao seu desenvolvimento. Sabe-se que fósforo (P) é quantitativamente um dos nutrientes mais requeridos para o crescimento e desenvolvimento de plantas. Além disso, a absorção e utilização interna deste nutriente em baixa disponibilidade de P podem ser moduladas por caracteres secundários relacionados à arquitetura do sistema radicular e parte aérea. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o uso da seleção direta e indireta para componentes de eficiência no uso de P em milho-pipoca no estágio vegetativo V6 sob baixa disponibilidade de P. O experimento foi conduzido em casa de vegetação com duas repetições, utilizando medidas individuais de plantas F1 e F2 provenientes do cruzamento de duas linhagens de milho-pipoca contrastantes para eficiência no uso de P (05-388-1 x 05-383-1). Foram mensurados os seguintes caracteres: eficiência na absorção (EAbP, mg mg⁻¹), eficiência na utilização (EUtP, mg mg⁻¹) e eficiência na translocação de P (ETrP, mg mg⁻¹), massa de parte aérea seca (MPAS, g), massa de raiz seca (MRS, g), comprimento de raízes laterais (CRL, cm) e axiais (CRA, cm), área superficial de raiz (ASR, cm²) e volume de raiz (VR, cm³). Para estimar os componentes de variância, herdabilidade e correlações genéticas foram mensuradas 120 plantas na geração F2 e 40 plantas em cada geração não segregante (05-388-1, 05-383-1 e F1) para os caracteres avaliados. As estimativas de herdabilidade foram de baixa magnitude, variando de 18,0 a 31,6% para EAbP e ETrP, respectivamente. Para os demais caracteres as estimativas foram inferiores a 65%. Foi observada alta e positiva correlação genética entre EAbP e MPAS (1.0), MRS (1.0), EUtP (0.7), CRA (0.8), ASR (0.8) e VR (0.9). Os índices EUtP e ETrP apresentaram fraca correlação com a maioria dos caracteres. Conclui-se que para alcançar uma maior eficiência nos processos seletivos para EAbP em baixo P, deve ser praticada seleção indireta através dos caracteres MPAS e ASR, os quais apresentaram as maiores estimativas de herdabilidade (51.7 e 63.3%, respectivamente). Devido à baixa herdabilidade e à falta de correlação genética com os principais caracteres avaliados, os componentes de eficiência no uso EUtP e ETrP não devem ser incluídos nos processos seletivos realizados durante o estágio vegetativo V6.

Palavras-chave: eficiência nutricional; milho-pipoca; fósforo.

Agradecimentos: Fapemig

SELEÇÃO E DIVERSIDADE AGRONÔMICA E DE QUALIDADE MALTEIRA DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA NO AMBIENTE IRRIGADO DO CERRADO

Renato Fernando Amabile¹; Ricardo Meneses Sayd²; Felipe Augusto Alves Brige²; Carlos Henrique Patriota Moura³; Pedro Ivo Leite Sala²

¹Embrapa Cerrados - Planaltina/DF. ²Universidade de Brasília – Brasília/DF. ³União Pioneira da Integração Social - Planaltina/DF. E-mail do autor para correspondência: renato.amabile@embrapa.br

A cevada (*Hordeum vulgare* L.) apresenta alta versatilidade em adaptar-se a diversos ambientes. Atualmente é o quarto cereal mais produzido e comercializado no mundo. A demanda por essa matéria prima é crescente em várias regiões, principalmente no Brasil. Entretanto, poucas cultivares são recomendadas para sistemas irrigados na região do Cerrado. Neste contexto, com a demanda por cultivares produtivas, estáveis, agronomicamente superiores e obrigatoriamente com qualidade malteira, o objetivo deste trabalho foi quantificar a diversidade genética de genótipos elite de cevada, caracteres quantitativos e de qualidade malteira, como subsídio para seleção de genótipos elite a serem utilizados no programa de melhoramento genético de cevada irrigada no Cerrado. O experimento foi conduzido na área experimental da Embrapa Cerrados, entre maio e setembro de 2009. Foram avaliados 30 genótipos elite de cevada da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados, adotando-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, sob sistema de irrigação convencional. A variabilidade genética foi estimada utilizando 12 caracteres morfoagronômicos quantitativos e 10 caracteres de qualidade malteira. Visando à seleção de genótipos elite e potenciais genitores para avanços no programa de melhoramento genético, com base em diferentes características de interesse, empregou-se o índice de seleção livre de pesos e parâmetros para as características morfoagronômicas e o índice de seleção com base no ideótipo para as características qualitativas com o auxílio do programa Genes. As características morfoagronômicas que mais contribuíram para a variabilidade foram a área foliar da folha bandeira e o espigamento, enquanto o teor de proteína e o acamamento foram as que menos contribuíram. Para as características malteiras, observou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos de cevada avaliados, sendo que os caracteres qualitativos que mais contribuíram para a divergência genética foram o nitrogênio solúvel e β -glucanas. Por todos esses aspectos, podemos dizer que a utilização de índices de seleção permitiu a seleção de genótipos promissores e a indicação de cruzamentos com base em características qualitativas e de qualidade malteira que foram: CPAC 20020098 x Vicente Morales, CPAC 20020098 x BRS 180, Foster x BRS 180, Alliot x BRS 180 e BRS 195 x BRS 180, para maximizar efeitos heteróticos e complementaridade gênica no programa de melhoramento genético da cevada irrigada no Cerrado.

Palavras-chave: melhoramento genético; variabilidade, *Hordeum vulgare* L.

Agradecimentos: Embrapa Cerrados.

SELEÇÃO E RECOMENDAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO UTILIZANDO AMMI-BAYESIANO

Luiz Antonio Yanes Bernardo Júnior¹; Carlos Pereira da Silva²; Luciano Antonio de Oliveira²; Joel Jorge Nuvunga²; Marcio Balestre²; Renzo Garcia Von Pinho³.

¹Departamento de Biologia (DBI), Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, Minas Gerais, Brasil. ²Departamento de Estatística (DES), UFLA, Lavras, Minas Gerais, Brasil. ³Departamento de Agricultura (DAG), UFLA, Lavras, Minas Gerais, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: luiz_yanes@hotmail.com

Em programas de melhoramento de plantas, a avaliação de genótipos em diferentes condições ambientais é de fundamental importância. A experimentação de potenciais novas cultivares em vários locais e anos constitui-se na fase mais trabalhosa e onerosa do programa, e um ganho em eficiência nesta etapa propicia um aumento de eficiência em todas as etapas do melhoramento. O objetivo com este trabalho foi analisar a interação genótipos por ambientes (GE) em um conjunto de dados provenientes de ensaios multiambientais utilizando o modelo AMMI sob a ótica bayesiana. Foram avaliados 28 genótipos de milho em 35 ambientes distintos divididos em 4 épocas, sendo que os locais utilizados em mais de uma safra foram considerados como ambientes diferentes. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com duas repetições. A partir da visualização do biplot, juntamente com as regiões HPD (a 95% de probabilidade), para os escores que descrevem o efeito da interação GE, foi possível identificar genótipos estáveis, bem como aqueles que possuem contribuição significativa para interação. Além disso, foi possível identificar grupos de genótipos e ambientes semelhantes com relação ao efeito da interação (grupos homogêneos), como também, adaptabilidade específica entre genótipos e ambientes. O ranqueamento dos genótipos pela média a posteriori juntamente com as regiões a 95% de credibilidade para o efeito principal genotípico permitiu separar aqueles com produtividade estatisticamente superior à média geral. Observou-se que três dos 28 genótipos testados apresentaram alto desempenho, com efeito genotípico maior que zero, e regiões de credibilidade para os escores no biplot englobando a origem, indicando que os mesmos não possuem efeitos significativos com relação a interação, tendo, por tanto, recomendação ampla para todos os ambientes de teste. Os resultados dessa análise deixam evidente que o AMMI-Bayesiano oferece um método eficiente para a seleção e recomendação de genótipos de forma precisa, com um nível de credibilidade atrelado.

Palavras-chave: Interação genótipos x ambientes; biplot.

Agradecimentos: Agradecemos à FAPEMIG, CNPq e Capes.

SELEÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA PREDIÇÃO DO DESEMPENHO DE POPULAÇÕES HÍBRIDAS DE SOJA

Felipe Lopes da Silva^{1*}; Augusto Tessele²; Cosme Damião Cruz¹; Isabella de Castro Sant'Anna¹; Guilherme de Sousa Paula¹; Moyses Nascimento¹.

¹ Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: felipe.silva@ufv.br

² Maize Product Development na DuPont Pioneer. E-mail: augtessele@gmail.com

A seleção de genitores é a primeira etapa em um programa de melhoramento e define o potencial de sucesso no desenvolvimento de uma cultivar superior. A seleção genômica ampla (do inglês, genome wide selection – GWS) associa informações moleculares e fenotípicas e prediz o desempenho de progênies futuras (valor genético genômico predito) utilizando somente informações moleculares. Neste cenário, o objetivo deste estudo foi avaliar o potencial da GWS na predição do desempenho de híbridos e, conseqüentemente, na seleção de genitores para cruzamentos, utilizando-se somente informações genotípicas dos híbridos. Para execução do experimento foram utilizados dados simulados tomando como referência o genoma da soja. Foram criadas 200 RILs com informações moleculares de 5400 SNPs e quatro características fenotípicas (produtividade, altura de planta, acamamento e ramificações laterais). Além disso, foram gerados 19900 híbridos oriundos do intercruzamento de todas as RILs. A partir dos dados fenotípicos e moleculares, obtidos de cada indivíduo do conjunto de RILs, foram estimados os efeitos de cada um dos loci marcadores que, somados, compõem o valor genético-genômico estimado de cada indivíduo. A estimação dos efeitos dos marcadores foi realizada a partir do método estatístico RR-BLUP. A partir dos efeitos de cada marcador, a equação de predição de valores genético genômicos foi testada para verificar a sua acurácia na população de validação (híbridos). Para cada característica foram selecionados os híbridos com maiores valores genético-genômico preditos, de forma que estes representassem 20% do total de híbridos e analisou-se o seu desempenho fenotípico. O desempenho fenotípico das melhores populações híbridas preditas para as características produtividade, altura de planta, acamamento e ramificações laterais apontou que 30%, 47%, 46% e 46% dos melhores híbridos preditos apresentaram excelente desempenho fenotípico, respectivamente. Além disso, observou-se que os genitores das populações híbridas com excelente desempenho fenotípico apresentavam elevados valores genético genômicos, indicando a importância de se considerar informações de genitores. Este resultado ressalta o potencial da GWS na predição do desempenho de híbridos.

Palavras-chave: GWS; seleção de genitores; *Glycine max* (L.) Merr.

Agradecimentos: À FAPEMIG, à CAPES e ao CNPq pelo apoio financeiro.

SELEÇÃO INDIVIDUAL COM TESTE DE PROGÊNIES EM POPULAÇÃO LOCAL DE FEIJÃO DO TIPO “DARK RED KIDNEY”

Caroline Moraes^{1*}; Sinara Denardi²; Lays Sartori³; Ana Carolina da Costa Lara Fioreze⁴

¹Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: moraescaroline38@gmail.com

²Universidade Federal de Santa Catarina. E-mail: denardisih@gmail.com

³Universidade Federal de Santa Catarina. E-mail: layssartori6@gmail.com

⁴Universidade Federal de Santa Catarina. E-mail: ana.lara@ufsc.br

Os chamados feijões de grãos especiais produzidos e consumidos no Brasil em determinadas regiões como a Zona da Mata de Minas Gerais, possuem tegumento branco, vermelho, creme, amarelo e são de tamanho médio a grande. Os feijões do tipo “Dark Red Kidney” estão nesse grupo e no Brasil existem poucos genótipos comerciais com esse tipo de grão. Muito embora, agricultores vêm mantendo genótipos locais com grãos desse tipo, que apresentam ampla variabilidade genética. A seleção individual com teste de progênies avalia os indivíduos a serem selecionados e seus descendentes. Através desse método é possível obter genótipos superiores em populações com variabilidade genética. O objetivo do presente trabalho foi testar o método de seleção individual com teste de progênies em uma população local de feijão vermelho (Dark Red Kidney), para a obtenção de genótipos superiores, estimando o ganho genético obtido para a característica produtividade de grãos. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Agropecuária, da Universidade Federal de Santa Catarina, campus Curitibanos (27°16'125” S, 50°30'10.62”O, 994m de altitude) nas safras 2015/16 e 2016/17. Na primeira safra, foi semeada uma área com sementes da população original, onde por ocasião da colheita, foram selecionadas e colhidas individualmente plantas com fenótipo superior. Na safra seguinte, 31 progênies, além da testemunha (uma amostra da população original) foram avaliadas em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições em parcelas de uma linha com dois metros, com base na produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($p < 0,05$) e as médias comparadas pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$). Foram estimados os coeficientes de herdabilidade e ganho com a seleção. Houve significância para a produtividade de grãos, formando dois grupos, onde três progênies apresentaram produtividade de grãos superior, variando de 1371,66 a 1716,96 kg/ha, enquanto a população original apresentou produtividade de grãos de 435,70 kg/ha. A estimativa do coeficiente de herdabilidade para a característica foi de 0,67 e o ganho de seleção estimado foi 711,28 kg/ha (163,25%), tomando como base a população original. Os resultados obtidos sugerem que o método de seleção individual com teste de progênies foi eficiente para a seleção de genótipos superiores em produtividade de grãos na população local do feijão tipo “Dark Red Kidney”.

Palavras-chave: teste de progênies; herdabilidade; ganho com a seleção.

SELEÇÃO PARA A QUALIDADE FÍSICA DE GRÃOS EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Antonio Rosário Neto¹; Bruno Manoel Rezende de Melo¹; Natália Botega Alves¹; Victoria Alves Ferreira¹; Rucyan Wallace Pereira¹; Flávia Barbosa Silva Botelho¹;

¹Universidade Federal de Lavras/UFLA - Lavras - MG/Brasil.

*E-mail: rosario.agronomia@gmail.com

A qualidade dos grãos de arroz influencia no seu valor de mercado, na aceitação pelo consumidor e, conseqüentemente, na seleção dentro dos programas de melhoramento. Considerando os padrões físicos dos grãos, a exigência nacional é para aqueles do tipo longo-fino, também conhecidos como “agulhinha”. Desta forma, objetivou-se avaliar a qualidade física dos grãos de arroz provenientes de vinte linhagens do ensaio de Valor de Cultivo e Uso do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da Universidade Federal de Lavras, em convênio com a Epamig e Embrapa. Os experimentos foram conduzidos na safra 2015/16, em três ambientes em Minas Gerais: Lavras, Lambari e Patos de Minas. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com três repetições, parcelas constituídas de cinco linhas de quatro metros. As amostras de 100 grãos inteiros e polidos, por parcela, foram analisadas por meio da plataforma de imagens GroundEye. Os valores médios de comprimento dos grãos (mm), largura dos grãos (mm) e razão comprimento e largura C/L foram submetidos à análise de variância conjunta. Os experimentos apresentaram alta precisão experimental, com estimativas de coeficiente de variação inferiores a 4,03%. Detectou-se diferenças significativas entre as linhagens para todos os caracteres, indicando, em princípio a presença de variabilidade entre os genótipos. A fonte de variação interação genótipos por ambientes, também, foi significativa, pelo teste de F, indicando a não coincidência entre os genótipos nos ambientes, fato que dificulta a seleção dentro dos programas, fazendo-se necessário a adoção de estratégias para a avaliação e seleção. Com base na distribuição de frequência nota-se que, para comprimento dos grãos e razão comprimento e largura, todas as linhagens enquadram-se dentro das normas de classificação para longo-fino ($\leq 6,00$ mm e $\geq 2,75$). Em relação a largura dos grãos, o mercado exige que os grãos tenham espessura menor ou igual a 1,90 mm, porém como alternativa operacional os grãos que tiverem a relação adequada e largura menor que 2,17 mm são automaticamente enquadrados como longo-fino. Neste estudo, notou-se que muitas das linhagens apesar de possuírem espessura superior a 1,90 mm, estas são inferiores à 2,17 mm em suas larguras e possuem razão superior à 2,75, sendo enquadradas na classificação longo-fino. Assim, conclui-se que, as linhagens dos ensaios de VCU, na safra 2015/16, atendem aos padrões estabelecidos para a qualidade física de grãos do tipo longo-fino.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; melhoramento de plantas; qualidade física.

Agradecimentos: Capes, CNPq e FAPEMIG.

SELEÇÃO PRECOCE DE PROGÊNIES SUPERIORES DE SOJA POR ABORDAGEM MULTIVARIADA

Antonio Pizolato Neto^{1*}; Bruno Henrique Pedroso Val¹; Diuli Caroline Pilon²; Elise de Matos Pereira³; Wallace de Sousa Leite¹; Antonio Orlando Di Mauro⁴; Sandra Helena Unêda-Trevisoli⁴

¹Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas da UNESP Jaboticabal; ²Graduanda em Engenharia Agrônômica da UNESP Jaboticabal; ³Pós-doutoranda em Fitotecnia da UFLA; ⁴Professor do Departamento de Produção Vegetal da UNESP Jaboticabal. *E-mail do autor para correspondência: antoniopizolatoneto@gmail.com.

A seleção de progênies superiores de soja é uma das etapas mais complexas dentro dos programas de melhoramento genético, tendo em vista a necessidade de avaliação de um grande número de caracteres de interesse agrônômico. Devido à inter-relação destes caracteres, uma das opções é o estudo em conjunto, visando a seleção simultânea de múltiplos caracteres de interesse. O objetivo do presente trabalho consistiu em realizar uma seleção precoce de progênies superiores para múltiplos caracteres, por meio de análise multivariada. Foram semeadas 128 progênies F₂ e seus genitores (BMX Potência RR e BMX Energia RR) em um experimento conduzido no delineamento de Blocos Aumentados de Federer no ano agrícola 2015/2016 em Jaboticabal, SP. Foram avaliados os caracteres: número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), grupo de maturidade relativa (GM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), peso de cem sementes (PCS) e peso por planta em gramas (PG). Os dados foram submetidos à análise multivariada exploratória de componentes principais visando identificar as melhores progênies. Foi gerado um total de oito autovalores, sendo que, os três primeiros foram superiores ou próximos a um e explicaram 73,71% da variância acumulada. O primeiro componente principal (CP1) reteve 36,38% da variância original, explicando dessa forma os caracteres APM, VA e PG. O segundo componente principal (CP2), reteve 25,46% da variância explicada pelos caracteres NDF, GM e PCS. O caráter AC, explicou a retenção de 11,87% da variância do terceiro componente (CP3). No plano bidimensional formado pelos componentes CP1 e CP2, as progênies 17, 54, 68 e 85, foram discriminadas pelos caracteres NDF, APM, GM, VA, PCS e PG. O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 e CP3, discriminou as mesmas progênies e ficou caracterizado pelos resultados de APM, AC, VA e PG. Pode-se inferir que a utilização das análises multivariadas é adequada para a seleção precoce de progênies de soja, com base em múltiplos caracteres de importância agrônômica. Com exceção do caráter AIV, todos os caracteres avaliados foram eficientes na discriminação dos genótipos superiores quando avaliados de forma simultânea.

Palavras-chave: *Glycine max*; componentes principais; caracteres agrônômicos.

Agradecimentos: CNPq.

SELEÇÃO RECORRENTE EM FEIJÃO VISANDO RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO EM CASA DE VEGETAÇÃO

Fernanda Souza Lopes¹; Antonio Carlos Mota Porto²; João Bosco dos Santos³

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. Bolsista CNPq– e-mail: lopess.fer@gmail.com; ²Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ³Professor Titular Aposentado do Departamento de Biologia – UFLA/Lavras-MG/Brasil.

A cultura do feijão é altamente influenciada pela ação de organismos fitopatogênicos que causam grandes danos. Entre as doenças que mais têm limitado a produção, está o mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*). Um método bastante utilizado para realizar o melhoramento do feijão para esse tipo de patógeno é a seleção recorrente, baseada em ciclos sucessivos de intercruzamentos, avaliação e seleção de indivíduos superiores. Esse trabalho foi realizado com o objetivo de estimar o ganho com a seleção fenotípica em casa de vegetação no décimo segundo ciclo de seleção recorrente. Foi realizado o plantio de 900 plantas em casa de vegetação. Após quatro semanas, foi inoculado o fungo oriundo de um isolado agressivo (isolado 27) utilizando o método *straw test*, identificado em ensaios experimentais realizados na UFLA. Foram realizadas inoculações em duas hastes por planta a 2,5 cm do nó. Uma semana após a inoculação, as plantas foram avaliadas por meio de uma escala diagramática de nove notas e as mais suscetíveis eliminadas. Em seguida as 79 progênies $S_{0.1}$ mais resistentes foram semeadas, inoculadas e avaliadas em campo juntamente com duas testemunhas, Corujinha (susceptível) e Cornell (resistente), no delineamento látice simples 9 x 9. As 21 melhores progênies $S_{0.2}$ foram semeadas no campo, juntamente com as melhores progênies selecionadas dos ciclos IX, X, XI e as duas testemunhas em um látice triplo 6 x 6. As progênies foram inoculadas e avaliadas como em $S_{0.1}$. A partir da avaliação em $S_{0.2}$, foi realizada uma análise de regressão linear, onde o coeficiente de determinação ajustado (R^2) foi de 0,9354 e o progresso genético foi de 6,67% por ciclo, considerando os ciclos IX ao XII, ou seja, a média das progênies diminuiu 0,215 a cada ciclo de seleção recorrente realizado. O ganho entre os ciclos XI e XII foi de 12,17%. Neste caso, o modelo de regressão ajustado explicou 93,54% da variação dos dados. Nota-se também que o ganho no ciclo XII foi muito superior aos demais, indicando maior eficiência da inoculação em casa de vegetação das plantas S_0 para se realizar a seleção massal.

Palavras-chave: resistência; seleção recorrente; casa de vegetação.

Agradecimentos: CNPq.

SELEÇÃO RECORRENTE GENÔMICA NO MELHORAMENTO DE MILHO-PIPOCA DA UENF

Ismael Albino Schwantes¹; Janeo Eustáquio de Almeida Filho¹; Marcelo Vivas¹; Yure Pequeno de Souza¹; Railan do Nascimento Ferreira Kurosawa¹; Antônio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

*E-mail do autor: ismael.schwantes31@gmail.com

A Seleção Recorrente (SR) é uma eficiente estratégia de melhoramento populacional, mas o procedimento é trabalhoso e demanda muito tempo, pois a cada ciclo de seleção são realizadas três etapas: obtenção das progênes, avaliação e recombinação das famílias superiores. Desta forma foi proposta a utilização da Seleção Recorrente Genômica (SRG), que possibilita realizar as fases de avaliação e recombinação simultaneamente. Isto posto, o objetivo foi obter as acurácias seletivas para as diferentes estratégias de seleção e os respectivos ganhos genéticos utilizando variadas intensidades de seleção. O estudo foi realizado na população de milho-pipoca UENF14, obtida após oito ciclos de seleção recorrente. Foram amostrados 100 indivíduos para genotipagem, os quais foram autofecundados e tiveram suas progênes S₁ fenotipadas em dois ambientes: Itaocara e Campos dos Goytacazes, RJ utilizando-se o delineamento de blocos casualizados. Os caracteres avaliados foram: altura média de plantas (AP), incidência de *Fusarium* sp. nas espigas (IFE), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Para a genotipagem foram utilizados 14025 marcadores de polimorfismo simples (SNPs). Os valores de acurácia via GBLUP (*Genomicbest linear unbiased prediction*) obtidos para as informações fenotípicas, fenotípicas associadas aos marcadores e apenas de marcadores, foram respectivamente de: 0.81, 0.82 e 0.32 para CE; 0.67, 0.69 e 0.27 para RG; 0.82, 0.84 e 0.33 para IFE; e de 0.90, 0.91 e 0.35 para AP. Verificando-se o ganho de seleção por ano, com intensidade de seleção de 30 %, observou-se que o ganho utilizando-se as informações de fenótipo mais genótipo foi 2,25 % superior ao ganho em que se utilizou apenas as informações fenotípicas; e cerca de 17 % maior do que o ganho em que se empregou apenas as informações de marcadores. Em outro cenário, fixando-se o valor absoluto de 30 para o número de genótipos a serem selecionados e estimando-se o ganho de seleção por ano, em um cenário onde seriam genotipados até 1000 indivíduos, pode-se notar que, por exemplo com 500 e 1.000 indivíduos genotipados, o ganho de seleção com as informações de marcadores seria cerca de 40 e 65 % maior, respectivamente, em comparação ao que se obteria com o ganho de seleção utilizando-se apenas as informações fenotípicas de 100 indivíduos. Conclui-se, que o uso de marcadores SNPs na seleção recorrente genômica pode contribuir significativamente para elevações no ganho de seleção por ano, realizando-se uma seleção precoce direta; desde que seja genotipado um *quantum* elevado de genitores.

Palavras-chave: acurácia; SNPs; GBLUP.

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.

SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-DE-METRO PARA PRODUÇÃO, CICLO DE MATURAÇÃO, REAÇÃO A PRAGAS E DOENÇAS E QUALIDADE COMERCIAL

Tayanne Paula da Silva Santos¹; Maurisrael de Moura Rocha^{2*}; Kaesel Jackson Damasceno-Silva²; Walter Frazão Lélis de Aragão¹; Ana Flávia de Sousa Lopes¹; José Ângelo Nogueira de Menezes-Júnior²

¹Embrapa Meio-Norte. ²Universidade Federal do Piauí. *E-mail do autor para correspondência: maurisrael.rocha@embrapa.br.

O feijão-de-metro é cultivado e consumido como uma hortaliça na fase de vagens verdes ou imaturas, como salada. Representa uma excelente e barata fonte de proteínas, além de fornecer outros nutrientes como carboidratos, fibras, vitaminas e minerais. As cultivares atualmente disponíveis no mercado apresentam baixa produtividade, ciclo tardio, baixa resistência a pragas/doenças e baixa qualidade comercial. Este trabalho objetivou selecionar simultaneamente genótipos de feijão-de-metro com alta produção de vagens imaturas, precocidade de maturação, baixa reação a pragas e doenças e alta qualidade comercial. Foram avaliados 12 genótipos de feijão-de-metro em duas épocas de cultivo, sob condições de telado, na Embrapa Meio-Norte, Teresina-PI, no ano 2016. Adotou-se o delineamento de blocos inteiramente ao acaso, com três repetições. Realizaram-se análises de variâncias individuais e conjunta, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,5$) e a seleção simultânea de caracteres foi realizada pelo índice de soma de postos de Mulamba e Mock. Foram avaliados os caracteres número de dias para colheita (NDC), aspecto visual da vagem imatura (AVV), reação a doenças (RD), reação a pragas (RP) e produção de vagens imaturas (PV). Os genótipos e épocas diferiram para o NDM, AVV e PV e a interação genótipos x épocas foi significativa apenas para PV. O Caráter RD foi o que obteve menor ganho com a seleção (0,34%), enquanto a PV, o maior ganho (50,81%). Os genótipos superiores com base na seleção simultânea de todos caracteres avaliados foram 3943 (1), 3952(4) e 3966 (6), com um ganho total de 40,28%.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata ssp Sesquipedalis*; produtividade; qualidade comercial.

Agradecimentos: FAPEPI, Embrapa Meio-Norte, UFPI.

SELEÇÃO VIA BLUP DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS EM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO CARIOCA

Felipe Vicentino Salvador¹; Rafael Silva Ramos dos Anjos¹; João Romero do Amaral Santos de Carvalho Rocha¹; Tiago de Souza Marçal¹; Adriel Carlos da Silva¹; Pedro Crescêncio Souza Carneiro¹; José Eustáquio de Souza Carneiro¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: felipe.vicentinos@gmail.com

Dentre os feijões cultivados no Brasil, o do tipo carioca destaca-se por ser o mais cultivado e consumido nacionalmente. Por parte dos melhoristas, tem aumentado o interesse no desenvolvimento de cultivares com arquitetura mais ereta, por facilitarem os tratos culturais e a colheita mecanizada. Neste processo, espera-se que a seleção baseada em valores genéticos preditos livres de efeitos ambientais seja mais eficiente para a conclusão sobre a superioridade dos genótipos ou grupo de genótipos. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi utilizar os BLUPs de progênies endogâmicas, quanto às suas notas de arquitetura de plantas, em um programa de seleção recorrente para fins de seleção. Para tanto, foram avaliadas em duas gerações ($F_{2:3}$ e $F_{2:4}$) e em delineamento látice quadrado triplo (20x20) um total de 380 progênies endogâmicas extraídas de 20 populações do ciclo I de seleção recorrente, além de 20 testemunhas que incluíram os genitores que derivaram as populações. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 1,0 metro de comprimento, espaçadas por 0,5 metro e semeadas com 15 sementes por metro. A arquitetura de plantas foi avaliada por meio de uma escala de notas atribuídas às parcelas. As notas variavam de 1 a 5, sendo as maiores notas atribuídas às parcelas com plantas mais prostradas e com internódios mais longos, enquanto notas mais baixas eram atribuídas às parcelas com plantas de porte mais ereto, menos ramificações e com inserção das primeiras vagens mais alta. Os dados de notas foram submetidos à análise individual para cada uma das gerações no modelo 17 do software SELEGEN, para a obtenção das médias ajustadas dos valores genéticos em função das acurácias seletivas das progênies. Estas médias ajustadas foram então analisadas via modelo SIPPPG (BLUP com Genitores, Populações, Progênies e Gerações), também do software SELEGEN REML/BLUP, para a obtenção dos valores genéticos (BLUP's) associados à cada progênie. Das 380 progênies avaliadas, em 15,26% delas (58 progênies) foram observados valores genéticos estimados iguais ou inferiores a 2,5, nota que foi considerada o limite superior para seleção visando a melhoria da arquitetura de plantas. O valor de acurácia seletiva obtido foi 74,05%. Os resultados evidenciam o potencial de seleção de progênies, via BLUPs, para a extração de linhagens superiores quanto à arquitetura mais ereta, visando a etapa de recombinação no programa de seleção recorrente de feijão carioca.

Palavras-chave: BLUP; Seleção Recorrente; Feijoeiro

Agradecimentos: CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo apoio financeiro.

SELECCIÓN DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE MAÍZ PICHINGA REDONDO POR CAPACIDAD DE EXPANSIÓN

Guillermina Macchi Leite^{1*}, Fátima Jazmín Villalba Medina¹, Rosa Oviedo de Cristaldo¹, Fanni Ruíz Samudio¹, Amalio Mendoza González², Orlando Noldin²

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Asunción (FCA, UNA), San Lorenzo, Paraguay.

²Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, del Rectorado de la UNA. San Lorenzo, Paraguay.

³Programa de Investigación Maíz, Sorgo y Girasol. Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Paraguay.

*Autor para correspondencia: guille_agro@hotmail.com

En Paraguay se clasificaron dos razas de maíz pichinga, el redondo y aristado, que son cultivados por pequeños y medianos productores, principalmente para autoconsumo, y se caracterizan por presentar bajo rendimiento de grano y capacidad de expansión, de ahí la importancia de realizar el mejoramiento genético de este tipo de maíz. El objetivo del trabajo fue seleccionar las mejores familias de medios hermanos de la población FCAZM06-009 de maíz pichinga redondo por capacidad de expansión. De un lote de producción de la población FCAZM06-009 de maíz pichinga redondo, instalado en el campo experimental del Centro Agronómico Departamental J. Augusto Saldívar ubicado en el Departamento Central, Paraguay, se seleccionaron 247 familias de medios hermanos (FMH), mediante un muestreo no probabilístico por juicio, donde los criterios de selección en planta fueron la sanidad de la planta, el tamaño de las mazorcas, el aspecto de la mazorca (enteras sin daños y/o defectos). Posteriormente, se acondicionaron las mazorcas de la FMH seleccionadas y se caracterizaron en el Laboratorio de Análisis y Calidad de Semillas de la Facultad de Ciencias Agrarias, de la Universidad Nacional de Asunción. Se midieron once variables de mazorca, nueve del grano y siete del marlo, en el que la principal variable fue la capacidad de expansión. Se aplicó el análisis de conglomerados por encadenamiento medio para capacidad de expansión, donde la similitud fue medida de acuerdo con la distancia Euclídea. Una vez agrupadas las FMH, se realizó la comparación de medias entre los grupos a través de la prueba de Tukey al 5% de probabilidad. Con el agrupamiento se formaron cinco grupos de FMH de la población FCAZM06-009 por capacidad de expansión, de los que se seleccionaron las familias de medios hermanos del grupo G3 compuestos por siete FMH con un promedio de 30,28 mL g⁻¹ y del G4 conformado por 38 FMH con 22,82 mL g⁻¹, alcanzando un total de 45 FMH, que serán utilizadas en la siguiente generación del proceso de mejoramiento genético.

Palabras clave: *Zea mays* L. ssp. *everta* (Sturtev.) Zhuk; calidad comercial; mejoramiento genético.

Agradecimientos: A la Dirección de Investigación, de la FCA, UNA y al Instituto de Biotecnología Agraria (INBIO) por el financiamiento de la investigación.

SELECTION OF SOYBEAN LINES TOLERANT TO ASIAN RUST

Fernando Garcia Espolador^{1*}, Natal Antonio Vello¹; Renan Silva e Souza¹,
Felipe Maniero Nazato¹, Claudinei Antonio Didone¹

¹University of São Paulo, College of Agriculture 'Luiz de Queiroz', Department of Genetics, Piracicaba – SP, Brazil. *E-mail: fernando.espolador@gmail.com

Genetic tolerance is a useful strategy for the Asian rust control, the main disease of soybean crop. In this context, this research aimed to evaluate genetic parameters estimated for agronomic traits in advanced lines ($F_{5:6}$ and $F_{5:7}$) from a partial diallel between Asian rust resistant exotic parents (Orba, Bing-Nan, Shiranuí and Kinoshita) and adapted parents (BRS-154, BRS-232, Pintado, Conquista, IAC-100) performed with the objective of selecting more tolerant and productive genotypes. The experiments were conducted in two environments: management 1, with applications of triazole and strobilurin chemical groups fungicides for the control of late season leaf diseases (DFC), including rust; and management 2, using a benzimidazole group fungicide that controls DFC, except rust. In the $F_{5:6}$ generation, 488 lines were evaluated for seed yield (PG) and one hundred seed weight (PCS), from which the 260 more tolerant $F_{5:7}$ lines were selected and evaluated for PG and number of days to maturity (NDM) in the following crop year. For the considered traits, the clustering of the means were performed by the Scott-Knott (SK) test for each year, as was the significance of the rust effect (EF or difference between the adjusted means of each genotype in the managements 2 and 1, through Paired t-test). The average combining ability (CMC) for PG and EF_PG means, the selection gain and the realized heritability were estimated. The genotype x management interactions were significant for PG, PCS and NDM, indicating that the genetic variability oscillated among the managements for these traits, allowing the estimation of EF. The SK test showed four clusters for PCS, two for NDM and only one for PG. The values of the correlations between PG and PCS, EF_PG and EF_PCS, PG and NDM were significant, although with low magnitude. The CMC estimates for PG and EF_PG indicated the parents who contributed the most to increase tolerance and PG were BRS-232 and Shiranuí as adapted and exotic respectively, while the best crosses were Orba x BRS-232 and Shiranuí x Conquista. The selection did not increase PG, but did so for tolerance ($h^2r = 17.8\%$). Fourteen lines were promising, since they presented tolerance to rust and means of PG higher than the checks. Therefore, it was possible to select tolerant and productive lines obtained from the diallel crosses.

Keywords: *Glycine max*; *Phakopsora pachyrhizi*; Plant Introduction x adapted crosses

Acknowledgments: The authors are thankful to CAPES and CNPq for financial support.

SORGO SACARINO NO CERRADO E NA MATA ALTERADA DE RORAIMA

Everton Diel Souza¹; Maria da Conceição da Rocha Araujo²; Rafael Augusto da Costa Parrella³

¹Embrapa Roraima, Boa Vista, RR. ²Bolsista Pós-Doutorado Capes, Boa Vista, RR. ³Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG. everton.souza@embrapa.br

Em Roraima, o cultivo do sorgo ainda é incipiente, inexistindo estatísticas sobre a cultura no Estado. No entanto, o potencial da cultura é inquestionável e Roraima possui 22.429.898 hectares de área territorial, dos quais estão disponíveis para o setor produtivo 2.086.951 ha (9,3%). Destes, 54,7% (1.141.951 ha) estão em área de Cerrado e 45,3% (945.000 ha) em área de mata alterada, sendo o sorgo uma das culturas com potencial para produção nessas áreas. O sorgo sacarino, por ser uma planta semelhante ao milho e à cana-de-açúcar, apresenta vantagens como ciclo curto e bom rendimento em colmos ricos em açúcares que pode alcançar entre 40 e 60 toneladas por hectare, definindo-a como de grande potencial energético. O objetivo deste trabalho foi apresentar os resultados dos ensaios de sorgo sacarino avaliados nos ambientes de Cerrado e de mata alterada do estado de Roraima, no ano de 2016. Os ensaios foram instalados nos Campos Experimentais Água Boa (CEAB) e Serra da Prata (CESP) da Embrapa Roraima, utilizando-se 10 cultivares de sorgo sacarino oriundas do Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições, no espaçamento de 0,50 m entre linhas no CEAB (Cerrado) e 0,70 m no CESP (mata alterada) e quatro fileiras de 5 m de comprimento, totalizando, respectivamente, 5,0 m² e 7,0 m², na área útil da parcela. O plantio foi realizado manualmente. O desbaste foi realizado aos 15 dias após a emergência, deixando-se de 7 a 9 plantas por metro. As cultivares mais altas no CEAB foram as cultivares 201512B015 (2,48 m), BRS 508 (2,45 m), CMSXS643 (2,42 m) e CMSXS647 (2,35 m) enquanto no CESP foram a BRS 508 (3,16 m), BRS 511 (3,00 m), CMSXS643 (2,98 m) e 201512B015 (2,94 m). No CEAB e no CESP, a cultivar com maior peso de massa verde total foi a 201512B015 (44,0 t.ha⁻¹ e 30,7 t.ha⁻¹, respectivamente), seguida pelas cultivares CMSXS647 (42,4 t.ha⁻¹ e 29,2 t.ha⁻¹), CMSXS643 (41,0 t.ha⁻¹ e 24,0 t.ha⁻¹), 201512B007 (36,4 t.ha⁻¹ e 24,3 t.ha⁻¹) e BRS 511 (36,3 t.ha⁻¹ e 22,0 t.ha⁻¹). O maior teor de sólidos solúveis totais (SST) tanto no CEAB como no CESP foi encontrado na cultivar BRS 508 (22,0°Brix e 21,8°Brix, respectivamente), seguida das cultivares CMSXS630 (21,7°Brix e 18,3°Brix), BRS 509 (21,1°Brix e 17,0°Brix), CMSXS643 (19,9°Brix e 21,5°Brix), estando acima do recomendável que é de 15,5°Brix a 16,5°Brix para se obter um caldo com alta qualidade de fermentação. Concluiu-se que as cultivares 201512B015, CMSXS647, CMSXS643, 201512B007 e BRS 511 apresentam potencial para cultivo em Roraima.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; massa verde total; sólidos solúveis totais.

TEMPO DE ARMAZENAMENTO NA QUALIDADE INDUSTRIAL DE GRÃOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Camila de Souza Rodrigues^{1*}; Antonio Rosário Neto¹; Camila Soares Cardoso da Silva¹; Rossiane Oliveira Vilela¹; Fernando Pereira de Vasconcelos¹; Flávia Barbosa Silva Botelho¹.

¹Universidade Federal de Lavras – Departamento de Agricultura.

*E-mail do autor para correspondência: camila.rodrigues1051@hotmail.com.

O arroz (*Oryza sativa* L) é um produto agrícola que apresenta valor de comercialização dependente da qualidade física dos grãos, verificada após armazenamento e beneficiamento. O armazenamento de grãos se faz necessário para que as indústrias atendam à demanda de produto para consumo nas entressafras, sendo uma prática necessária no mercado de produção e comercialização de grãos. Há relatos na literatura que elucidam a correlação negativa entre tempo de armazenamento e qualidade industrial dos grãos. Assim, objetivou-se avaliar a influência do tempo de armazenamento nas características de renda e rendimento em grãos de arroz de terras altas. O experimento foi conduzido no Setor de Grandes Culturas do Departamento de Agricultura da UFLA. Foram avaliadas 20 linhagens pertencentes ao experimento de Valor de Cultivo e Uso, do programa de melhoramento genético, na safra 2015/2016. O experimento foi constituído por três repetições e parcela de 5 linhas e 4 metros. Após a colheita os grãos da parcela foram beneficiados, visando obter estimativas de renda e rendimento de grãos. Parte dos grãos em casca das parcelas foram armazenados em sacos de papel e acondicionados em uma sala para armazenamento à temperatura ambiente durante o período de um ano. Passado esse período, foi realizado, novamente, o processo de beneficiamento e cálculos para renda e rendimento, onde verificou a influência do tempo de armazenamento na qualidade industrial dos grãos. Realizou-se análise estatística com auxílio do software Sisvar® e as médias foram comparadas pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade. Os genótipos que apresentaram as maiores médias considerando tanto renda quanto rendimento foram: CMG2162, CMG1977, CMG1987, CMG2170, CMG2097, CMG2188, CMG2172, CMG2187, BRS ESMERALDA, CMG2085, CMG2089, CMG1896, destacando o CMG2162 que, dentro deste grupo, embora não diferente estatisticamente dos demais genótipos citados, apresentou a maior média para rendimento com 50,62% e o menor valor foi apresentado pelo genótipo BRSMG RELÂMPAGO com 16,24%. Observou-se que para a característica renda e rendimento o efeito do armazenamento foi significativo, ou seja, o armazenamento em condições de temperatura, ambiente e umidade relativa do ar não controlada, por um período de 12 meses, influenciou de forma negativa todos os genótipos avaliados, apresentando menores percentuais de renda e rendimento.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L; armazenamento; beneficiamento.

Agradecimento: Capes, Cnpq e Fapemig.

TEORES DE CLOROFILA TOTAL E MASSA DE RAIZ EM GENÓTIPOS DE SOJA SOB CONDIÇÃO DE DEFICIT HIDRICO

Heloisa Rocha do Nascimento¹; Isabella Cristina Cavallin²; Léo Gustavo Cantoni³; Laura Ribeiro Cortez³; Felipe Lopes da Silva⁴

¹Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa. ²Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa. ³Graduando em Agronomia na Universidade Federal de Viçosa. ⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa.

*helornasc@gmail.com

Estudos indicam que o estresse hídrico é um fator ambiental importante que compromete a fotossíntese, sendo um dos principais impedimentos do crescimento e produtividade das plantas. A capacidade fotossintética é progressivamente reduzida em condições de estresse hídrico, conseqüentemente, menores intensidades luminosas são aproveitadas no processo fotossintético. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo identificar genótipos de soja com melhor desempenho ao déficit hídrico. O trabalho foi conduzido na casa de vegetação no campo experimental Diogo Alves de Melo, na Universidade Federal de Viçosa. O experimento foi delineado em blocos casualizados (DBC), com três blocos, dez genótipos e dois tratamentos baseado na capacidade de campo: controle (- 33 kPa) e estresse (-900 kPa). Os tratamentos foram aplicados durante 15 dias no estágio R5 e coletados discos foliares para avaliação da clorofila total pelo método destrutivo e, a estimativa da clorofila total com auxílio do equipamento Clorofilog. Ao término do ciclo, foi avaliado a massa de raiz. As análises de variância e o agrupamento de média (Scott-Knott a 5% de significância) foram feitas utilizando o software R versão 3.4.0. Não houve diferença significativa a 5% de probabilidade entre os fatores genótipos e tratamento de capacidade de campo para as características avaliadas, sendo esses, avaliados de forma independente. O tratamento sem estresse apresentou as maiores médias para clorofila total pelo método destrutivo e pelo Clorofilog e massa de raiz. Para o fator genótipo houve a formação de dois grupos distintos para todas as características avaliadas, destacando o cultivar TMG 115 RR com as maiores médias para clorofila. Já para massa de raiz a cultivar BRS MT Pintado apresentou melhores médias, porém, ambas as cultivares estão classificadas no mesmo grupo. A clorofila total pelo método destrutivo apresentou correlação positiva com as variáveis clorofila total pelo Clorofilog e massa de raiz, sendo 0,87 e 0,21 respectivamente. Através desses dados, é possível concluir que há diferença entre as variáveis estudadas e os tratamentos com capacidade de campo, sendo as mesmas diretamente afetadas pela condição de estresse (-900 kPa), e é possível a seleção de genótipos nas condições estudadas.

Palavras-chave: Clorofilog; Déficit hídrico; *Glycine max* (L.) Merr.

Agradecimentos: Capes e CNPq.

TOLERANCE TO ALUMINUM TOXICITY IN IRRIGATED RICE CULTIVARS

Diana Carolina Leiva Cortés^{1*}; Viviane Kopp da Luz¹; Alan Junior de Pelegrin¹; Danyela de Cássia da Silva Oliveira¹; Fabiane Igansi de Castro dos Santos¹; Airton Rosa da Silva¹; Antonio Costa de Oliveira¹.

¹Universidade Federal de Pelotas. *dc.caritoleico@hotmail.com

Tolerance to aluminum toxicity, which is an important abiotic stress for rice marginal areas in Latin America, is well known in upland Tropical Japonica varieties. However, there are few sources of tolerance in irrigated or Indica varieties from Latin America. For this reason, the objective of this study was to identify new sources of tolerance among elite genotypes adapted to irrigated conditions from Colombia and Brazil. Six genotypes including: IRGA 409 and Nipponbare that were the checks and elite lines Atalanta, FL08468, FL11999, CT10323 were evaluated under two Al doses of 0 and 3.5 cmol/dm³ in a completely randomized design with three replicates under greenhouse conditions. Plant response under stress conditions was measured on the following traits: Number of Panicles per Plant, Panicle length and the Number of Total Grains per Panicle. Comparing aluminum doses of 0 and 3.5 cmol/dm³, aluminum toxicity caused a reduction on Number of Panicles per Plant, Panicle Length and Number of Total Grains per Panicle. Under aluminum toxicity, genotype FL08468 had higher number of grains per panicle and longer panicles than genotypes IRGA 409 and CT10323. Also, genotypes Nippombare, FL08468 and FL11999 had higher number of panicles per plant than genotype CT10323 under stress. On the contrary, genotype CT10323 had higher number of panicles per plant under no stress; in fact, genotypes CT10323 and IRGA 409 were highly susceptible to aluminum toxicity. These results indicated the existence of good levels of tolerance to aluminum toxicity among irrigated rice cultivars and that FL08468 is an excellent source of tolerance for breeding purposes. For this reason, FL08468 is recommended for regions known for having acid soils. Further molecular studies will confirm if the genes or QTL's responsible for the tolerance are the same reported in literature or there are new genes in this irrigated germplasm.

Key words: Tolerance; acidity; *Oryza sativa*.

Acknowledgments: The Universidade Federal de Pelotas, the Federación Nacional de Arroceros (FEDEARROZ) in Colombia and the Capes.

TOLERÂNCIA À ALTA TEMPERATURA EM FEIJOEIRO COMUM

Daiana Alves da Silva^{1*}; Raquel Luiza de Moura dos Reis¹; João Guilherme Ribeiro Gonçalves¹; Jose Antônio de Fatima Esteves¹; Sérgio Augusto Morais Carbonell¹; Alisson Fernando Chiorato¹.

¹Instituto Agronômico - IAC. *daiagrouel2002@hotmail.com

O feijoeiro comum, por ter origem em regiões de média à alta altitude é sensível a temperaturas elevadas. Com o objetivo de investigar os efeitos do estresse por alta temperatura foram avaliados doze genótipos de feijoeiro em condições naturais de cultivo em duas localidades com zonas climáticas distintas (Campinas-SP e Votuporanga-SP) no inverno 2016 e verão de 2016-2017. Foram utilizados os genótipos de feijoeiro: SEA 5; IAC Imperador; SER 16; Pérola; Milênio; FT Nobre; BRS Estilo; Iapar 81; IAC Diplomata; IPR Tangará; BRS Agreste e IAC Sintonia. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso em esquema fatorial (2x2x12), sendo duas épocas, dois locais e doze genótipos com quatro repetições. Cada parcela experimental foi constituída de duas linhas de quatro metros. No estágio de florescimento quatro plantas foram amostradas para as avaliações: condutância estomática (CE), temperatura foliar (TF), índice relativo de clorofila (IRC), altura de planta (AP), número de nós (NN), área foliar (AF), massa seca de caule e folhas (MSC e MSF). Na maturidade fisiológica foram avaliados: número de vagens por planta (NV), número de sementes viáveis e abortadas por planta (NSVI, NSAB), massa de cem sementes (MCS) e produtividade de grãos (PG). Foram realizadas as análises de variância e teste de médias e interação genótipo por ambiente GGE-Biplot para PG. Foram verificados efeitos significativos para o fator época para todas as características exceto IRC e NN, além disso, a época de verão ocasionou a redução da maioria das características, exceto para TF, IRC, NN e CE. A variável PG foi severamente afetada pela época de verão, apresentando média produtiva de 285,7 kg.ha⁻¹, redução de 64,4% em comparação a média de inverno, 801,4 kg.ha⁻¹. Em relação ao fator local, foram observados efeitos significativos para TF, IRC, CE, MSC, MSF, AF, NSVI e PG e para o fator genótipos efeito significativo para IRC, AP, NN, NV, NSAB e PG. Verificou-se efeito significativo para PG nas interações época x local e local x genótipo, sendo possível elencar os genótipos que apresentaram melhor desempenho em cada ambiente. Para alta temperatura, destacaram-se na época verão os genótipos Pérola e IPR Tangará em Votuporanga e, os genótipos BRS Agreste, FT Nobre e SER 16 em Campinas. Conclui-se que a alta temperatura alcançada no verão de 2016-2017 afetou o desempenho de todos os genótipos estudados, onde, no entanto, foi possível selecionar os mais tolerantes para cada ambiente.

Palavras chave: *Phaseolus vulgaris* L., interação genótipo x ambiente, melhoramento de plantas

Agradecimentos: À CAPES pela concessão da bolsa e a FAPESP pelo apoio financeiro.

TOLERÂNCIA AO ACAMAMENTO E QUEBRANTAMENTO DE 36 VARIEDADES DE MILHO EM RIO BRANCO - ACRE

Wilson José dos Santos¹; Matheus Matos do Nascimento²; Lidianne Assis Silva³.

¹Acadêmico de Eng. Agrônômica - Universidade Federal do Acre. ²Acadêmico de Eng. Agrônômica - Universidade Federal do Acre. ³Professora Doutora Adjunta - Universidade Federal do Acre E-mail: hadameswilson96@gmail.com

Acamamento e quebrantamento são variáveis que estão relacionados a fisiologia da cultivar de milho utilizada, condições de clima e solo das mais diferentes regiões, das práticas de manejo adotadas com altura da planta e altura da inserção de espiga. A relação altura/Inserção diminui o centro de gravidade da planta o que resulta, na maioria das vezes, em acamamento e quebrantamento. Juntos, acamamento e quebrantamento são responsáveis por perdas acentuadas na produtividade. O objetivo desse trabalho é identificar, em Rio Branco - Acre, variedades de milho tolerantes ao acamamento e ao quebrantamento. O experimento foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Acre - UFAC, localizada em Rio Branco, o município apresenta uma altitude de 153 metros e coordenadas de latitude -09° 58' 29" e longitude -67° 48' 36". O clima da região é AWI (quente e úmido) segundo a classificação de Köppen, com temperatura máxima e mínima, precipitação anual e umidade relativa de 31°C e 21°C, 1.648,94 mm e 83%, respectivamente. Foram utilizados trinta e seis variedades de milho provenientes do programa de melhoramento genético da EMBRAPA Milho e Sorgo Sete Lagoas - MG, localizada na cidade de Sete Lagoas - MG. O delineamento experimental utilizado foi o látice simples 6 x 6, sendo formado por 36 tratamentos com duas repetições. As parcelas experimentais tinham as dimensões de 1,60 m x 4,0 m = 6,4 m² e constaram de duas fileiras de 4 m de comprimento. O espaçamento entre fileiras foi de 0,80 m. Dentro da fileira, o espaçamento de 0,20 m entre covas, em 20 covas por fileira, colocada uma semente por cova. Avaliou-se altura de plantas: medida (média) do solo à lígula da folha bandeira, em cm; altura de espigas: medida (média) do solo à inserção da espiga superior da planta, em cm; quebramento: número de plantas quebradas abaixo da espiga superior, avaliadas na colheita; acamamento: número de plantas acamadas, ou seja, com ângulo maior que 45° em relação à vertical, avaliadas no momento da colheita. Para a variável acamamento/quebrantamento, as maiores médias foram obtidas pelas variedades HI (781xHTMV1) e Sint 1077 com 28,63% e 24,81% da população inicial de plantas acamadas, respectivamente, e, apesar de haver diferenças significativas entre altura de plantas e altura de inserção da espiga, as 36 variedades avaliadas não diferiram entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, comportando-se de maneira homogênea na área. Conclui-se que as 36 variedades, em condições edafoclimáticas do município de Rio Branco - Acre, apresentam-se tolerantes ao acamamento e quebrantamento.

Palavras-chave: adaptabilidade, seleção, melhoramento.

Agradecimentos: Universidade Federal do Acre, CNPq, EMBRAPA Milho e Sorgo - Sete Lagoas, Laboratório de Mecanização - UFAC.

TOLERÂNCIA AO FRIO EM ARROZ (*Oryza sativa*)

Diane Simon Rozzetto^{1*}; Vanessa Rizzi²; Maisa Curtolo³; Rubens Marschalek⁴;
José Baldin Pinheiro⁵

¹²³Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – USP/ESALQ. Doutoranda em Agronomia-Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, SP, Brasil. ²Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Epagri Pesquisador do Programa de Melhoramento de Arroz Irrigado. Itajaí, SC, Brasil; ³USP/ESALQ. Professor Departamento de “Genética e Melhoramento de Plantas. Piracicaba, SP, Brasil. *diane.sr@usp.br

A tolerância ao frio em arroz é uma característica importante no desenvolvimento de novas cultivares, pois a espécie é de origem tropical e não tolera baixas temperaturas. A principal região produtora do Brasil é a região sul, e a mesma pode enfrentar temperaturas críticas para o cultivo do arroz mesmo no verão. Neste sentido, os programas de melhoramento tem lançado mão de estratégias visando identificar variedades que melhor se adaptem às referidas condições. Embora a cultura não tolere frio durante todo o seu ciclo, algumas fases são mais críticas. Destaca-se a germinação no período vegetativo e no período reprodutivo a microsporogênese e antese. A ESALQ/USP possui um banco de germoplasma de arroz com cerca de 450 acessos, dos quais 192 pertencem à subespécie Japônica, que por ser oriundo de regiões subtropicais e temperadas são mais tolerantes à baixas temperaturas. Em parceria com a Epagri (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina) foram conduzidos experimentos a fim de avaliar o desempenho dos referidos genótipos em condições de estresse por frio no período reprodutivo, conforme descrito por ROZZETTO, et al (2015). Foram identificados 26 acessos promissores, sendo eles: 6J; 24J; 41J; 52J; 57J; 78J 106J; 119J; 121J; 131J; 133J; 173J; 217J; 221J; 229J; 256J; 260J; 286J; 310J; 315J; 331J; 336J; 402J; 408J; 415J. Dentre eles, alguns haviam apresentado tolerância ao frio também no período vegetativo de acordo com BOSETTI, et al (2012). O objetivo deste trabalho foi confirmar a tolerância ao frio dos genótipos selecionados em safras anteriores. Embora seja um fator de difícil controle em campo, uma alternativa foi realizar semeadura tardia dos genótipos, no intuito de coincidir o estágio de microsporogênese e antese com a época mais provável de ocorrência de frio. Assim foram conduzidos experimentos em condições extremas de outono/inverno no município de Itajaí em 3 anos agrícolas (2014, 2015 e 2016) sendo que em 2016 foram conduzidos dois experimentos de modo a coincidir a incidência do frio com o período reprodutivo. Os genótipos avaliados apresentaram elevada esterilidade (próxima a 100%). Deve-se destacar no entanto, que foram registradas temperaturas críticas baixas (inferiores a 15°C) ao longo de quase todo o ciclo sendo assim uma característica de difícil avaliação em campo.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; Tolerância ao frio.

USO DO COMPRIMENTO DE CÉLULAS-GUARDA DE ESTÔMATOS NO DESCARTE DE DIPLOIDES EM MEIO A HAPLOIDES PUTATIVOS

Hingrid Ariane da Silva¹; Alessandra Guedes Baleroni¹; Rodrigo Iván Contreras-Soto¹; Edicarlos Peterlini¹; Tauana Gibim Eisele¹; Káthia Socorro Mathias Mourão¹; Robson Marcelo Rossi¹.

¹Universidade Estadual de Maringá, Av Colombo, 5790, Campus Universitário, 87020-900 – Maringá - PR. E-mail do autor para correspondência: le_gb@hotmail.com

A obtenção de duplo-haploides (DH) envolve as etapas de indução de haploidia, seguida da identificação e duplicação cromossômica de sementes ou indivíduos haploides. A separação de sementes haploides para posterior duplicação tem sido realizada com base na expressão do gene *R1-nj*, a qual apresenta uma baixa eficiência por se tratar de uma seleção visual, o que pode gerar subjetividade resultando na separação de falsos-positivos. Por isso, métodos não destrutivos que possibilitem a eliminação de diploides, em meio à haploides putativos, contribuem para maior eficiência na obtenção de DH, sendo a medição do comprimento de células-guarda (CG) uma das metodologias aplicadas nesse sentido. Assim, este trabalho teve por objetivo avaliar o uso do comprimento de CG de estômatos em milho (*Zea mays*) como ferramenta para eliminar diploides em meio à haploides putativos previamente selecionados pelo marcador *R-navajo*. Essa característica foi avaliada em descendentes classificados como haploides putativos resultantes de três diferentes cruzamentos de indução, utilizando-se o indutor *KHI* (*Krasnodar Haploid Inducer*). Para tanto, impressões epidérmicas da face abaxial das folhas provenientes do segundo, terceiro e quarto nós, foram coletadas e mensuradas em microscópio óptico. Os nós foram contados a partir da base da planta e de cada folha foram retiradas duas amostras da região mediana e realizadas quatro medições. As plantas foram mantidas até o florescimento para avaliação de seus respectivos fenótipos. O comprimento de CG foi variável em relação ao genótipo-fonte, estágio da folha coletada e nível de ploidia. A média de comprimento de CG variou de 23,67 a 33,82 μm para haploides e de 36,01 a 41,25 μm para diploides. Com o intuito de realizar uma comparação entre o comprimento de CG em relação ao fenótipo (haploide ou diploide), os limites de CG para classificação de plantas como diploides (pontes de corte), foram estimados e variaram de 29,74 a 34, 49 μm , de acordo com o genótipo-fonte ou estágio, com taxas máximas de FDR (*False Discovery Rate*) de 2,93% e de FDN (*False Negative Rate*) de 15,06%. Dessa forma, o comprimento de CG mensurado em qualquer um dos estádios avaliados pode ser utilizado como ferramenta para classificar plantas de milho em diploide e haploide, sendo a eficiência da classificação mais ligada ao genótipo-fonte que ao estágio de crescimento.

Palavras-chave: Duplo-haploides; impressão epidérmica; *Zea mays*.

UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM SORGO BIOMASSA

José Maurílio Moreira de Figueiredo Júnior^{1*}; Pedro César de Oliveira Ribeiro²; Rafael Augusto da Costa Parrella³; Robert Eugene Schaffert³; Isadora Cristina Martins Oliveira²; Gabriel Patrocínio Vasconcelos¹; Nádia Nardely Lacerda Durães Parrella¹.

¹Universidade Federal de São João del-Rei - Sete Lagoas MG/Brasil. ² Universidade Federal de Viçosa - Viçosa MG/Brasil. ³Embrapa Milho e Sorgo - Sete Lagoas MG/Brasil. *jmmfjunior@gmail.com

Atualmente o Brasil vem apresentando quedas na oferta interna de energia, devido principalmente à queda da oferta de petróleo e das condições hidrológicas desfavoráveis, principais fontes energéticas do país. Assim, novas fontes de energia renováveis são necessárias, uma vez que as atualmente disponíveis têm seus recursos limitados. O sorgo biomassa vem se mostrando uma eficiente alternativa, pois apresenta ciclo curto, alto rendimento de massa verde e seca, e baixa exigência em água. Dessa forma, o melhoramento genético aliado ao uso de ferramentas estatísticas, é fundamental para obtenção de matérias de alta produção e com biomassa de qualidade. O índice de seleção vem se mostrando uma ferramenta extremamente útil, pois através dele consegue-se realizar a seleção de vários caracteres de interesse os mesmo tempo, através do agrupamento de diferentes informações acerca dos genótipos. Contudo, o objetivo do presente trabalho foi identificar genótipos superiores de sorgo biomassa com base nos índice de *Mulamba e Mock* (original) e, *Smith e Hazel* (clássico) em um ambiente. O experimento foi conduzido no ano agrícola de 16/17 na Embrapa Milho e Sorgo, localizada em Sete Lagoa/MG. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições, e parcelas de duas linhas de cinco metros. Foram avaliados 21 híbridos experimentais biomassa e quatro testemunhas, sendo elas, dois híbridos biomassa (BRS716 e N52K1009) e dois híbridos forrageiros (BRS655 e Volumax). As características avaliadas foram: florescimento (FLOR) em dias, altura de plantas (AP) em metros, produção de massa verde (PMV) em t.ha⁻¹. As análises foram realizadas no programa estatístico-computacional GENES. Para determinação dos resultados do estudo foi aplicado uma intensidade de seleção de 10%, visto que os materiais já estão em uma fase final do processo de melhoramento. Por meio do método clássico *Smith e Hazel*, os dois genótipos superiores foram 201636B05 e 201636B15, já para *Mulamba e Mock*, foram considerados os genótipos 201636B05 e 201636B10, apresentando maior índice para os caracteres de interesse. Deste modo, pode-se ressaltar o genótipo 201636B05 que foi selecionado nos dois métodos, apresentando desempenho superior, que associa maior porte e produtividade de biomassa.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor* (L.) Moench; *Mulamba e Mock*; *Smith e Hazel*.

Agradecimentos: FAPEMIG; EMBRAPA Milho e Sorgo; FAPED.

UTILIZAÇÃO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃO COMPLETOS EM MILHO PIPOCA

Marcelo Moura Chaves^{1*}; João Esdras Calaça Farias¹; Rysley Fernandes de Souza¹; Artur dos Santos Silva¹; Valter Jário de Lima²; Silvério de Paiva Freitas Junior³

¹Laboratório de Biologia, Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, UFCA/Crato-CE. *marcelomoura873@gmail.com

²Doutorando em genética e melhoramento de plantas, UENF

³Professor do curso de Agronomia UFCA

Índices de seleção é uma alternativa capaz de identificar de maneira rápida e eficiente os materiais genéticos que apresentam ganhos com a seleção para mais de uma característica. O presente trabalho objetivou selecionar através do índice de Mulamba e Mock (1978), as melhores famílias de irmãos completos do primeiro ciclo de seleção recorrente de milho-pipoca no Cariri Cearense. Foram obtidas 210 famílias de irmãos completos, sendo avaliadas em dois ambientes: (1) Campo Experimental da Universidade Federal do Cariri, Crato - CE; e (2) Fazenda Patos, Granjeiro - CE. Os plantios foram realizados no delineamento em blocos ao acaso com duas repetições dentro de sete 'sets', com 30 tratamentos cada. Para as estimativas dos ganhos percentuais preditos, foram utilizados como pesos econômicos: (1) coeficiente de variação genético (CV_g); (2) desvio-padrão genético (DPg); (3) índice de variação (CV_g/CV_e); (4) herdabilidade (h^2); e (5) pesos atribuídos por tentativas (PA) (1, 1, 50, 50, 1 e 100), e a seleção foi praticada nas seguintes características: (1) dias para florescimento masculino (FM); (2) dias para florescimento feminino (FF); (3) peso médio de espigas com grãos (PE); (4) peso médio de 100 grãos (P100); (5) rendimento de grão (RG); (6) capacidade de expansão dos grãos (CE). Mediante o índice de seleção escolhido, todos os pesos econômicos proporcionaram ganhos simultâneos positivos para todas as características avaliadas, com exceção de DPg. Em relação a esse peso, foi observada uma estimativa negativa de -5,74% para CE, que é uma característica indesejável. Ao contrário, os ganhos negativos demonstrados para o FM e FF são interessantes na confecção de uma população. Ganhos positivos foram observados para RG e CE, quando se utilizou os pesos CV_g e h^2 . Em paralelo, os maiores ganhos foram observados quando utilizou-se o peso h^2 para PE, PG e P100, com ganhos de 25,76%, 28,65% e 5,07%, respectivamente. No entanto, para CE o ganho foi baixo, na ordem de 1,28%. Por sua vez, para o peso CV_g/CV_e obteve-se o segundo maior ganho genético para CE, de 2,52%. Através do peso PA, foi possível prever ganhos simultâneos elevados para as duas principais características, obtendo 24,29% para PG e 8,14% para CE. Portanto, através do índice estudado e do peso econômico PA foi possível à seleção de 38 famílias de irmãos completos de milho-pipoca com ganhos simultâneos e satisfatórios para as características avaliadas. **Palavras-chave:** Melhoramento; milho de pipoca; irmãos completos.

VARIABILIDADE GENÉTICA E IMPORTÂNCIA RELATIVA DE CARACTERES EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO COMUM DO GRUPO CARIOCA

Ronaldo Costa Lacerda^{1*}; Valvenarg Pereira da Silva¹; Paulo Henrique Moron Pereira Leite¹; Marcello José Arruda¹; Aline Vidor Melão Duarte¹; Gustavo Igor dos Santos Delforno¹; Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT – Laboratório de Recursos Genéticos e Biotecnologia – Campus de Cáceres. *E-mail do autor para correspondência: lacerda_rc@hotmail.com.

O feijão comum, com grão do tipo carioca, apresenta boa aceitação pelos consumidores e produtores brasileiros. Até meados da década de 90 as cultivares Carioca e Pérola foram amplamente utilizadas como parentais nos programas de melhoramento, gerando germoplasma aparentado. Tendo em vista, que o melhoramento genético de feijoeiro se baseia quase que exclusivamente na hibridação de cultivares e linhagens divergentes, e sabendo que a utilização de parentais não divergentes ou similares reduzem as chances de obtenção de progressos na seleção a presente pesquisa teve como objetivo verificar a divergência genética em genótipos de feijão comum do grupo carioca e avaliar a importância relativa de caracteres na determinação dessa diversidade. Foram avaliados 14 materiais de feijão comum sendo quatro cultivares (Pérola, Magnífico, BRS Pontal, Iapar 81) e 10 linhagens (CNFC 10408, CNFC 10410, CNFC 10429, CNFC 10431, CNFC 10432, CNFC 10438, CNFC 10444, CNFC 10455, CNFC 10467, CNFC 10470). O experimento foi instalado no Centro de Pesquisa e Extensão da Empresa Mato-grossense de Pesquisa e Extensão Rural (EMPAER), no município de Cáceres em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Os caracteres agrônômicos foram: Número de dias para o florescimento (FLORESC), Ciclo da planta (CICLO), Altura média final das plantas (ALTP), Altura média da inserção da primeira vagem (ALTINS), Comprimento longitudinal médio das vagens (CLMV), Número médio de vagens por planta (NMVP), Número médio de sementes por planta (NMSP), Número médio de sementes por vagem (NMSV), Peso médio de sementes (PMS), Produção de grão (PG). Realizou-se a análise multivariada com base na Distância Generalizada de *Mahalanobis*, agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher e o estudo da importância relativa de caracteres pelo método de Singh. Em relação a matriz de dissimilaridade, fundamentado a distância generalizada de *Mahalanobis*, os genótipos mais dissimilares foram CNFC 10432 e CNFC 10470, com (D^2_{ii}) 290,37. O método de agrupamento de Tocher, baseado na distância Generalizada de *Mahalanobis*, possibilitou a divisão em seis grupos distintos. Das 10 variáveis envolvidas na pesquisa, o comprimento longitudinal médio das vagens (41,62 %), teve maior contribuição na separação dos genótipos, seguido pelo número médio de sementes por planta (16,96 %). As cultivares e linhagens avaliadas apresentaram divergência genética podendo ser utilizada em futuros programas de melhoramento de feijão do tipo carioca que visem aumento de produtividade. **Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; agrupamento; dissimilaridade.

VARIABILIDADE GENÉTICA EM ISOLADOS DE *Colletotrichum lindemuthianum*

Gustavo Buziquia Dartibale^{1*}; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹; Maria da Conceição Martiniano de Souza²; Alexandre Catto Calvi¹; Giseli Valentini¹; Larissa Fernanda Segal Xavier¹

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brasil. ²Instituto Agrônomo de Pernambuco, Recife, PE, Brasil. *Autor correspondente: gu_dartibale@hotmail.com

O monitoramento da ocorrência de raças fisiológicas de *Colletotrichum lindemuthianum*, agente causal da antracnose do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), presentes nas diversas regiões de cultivo, é de extrema importância como forma de facilitar a utilização da resistência genética no efetivo controle desta doença. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi caracterizar isolados de *C. lindemuthianum* oriundos de regiões produtoras de feijão comum dos estados do Paraná e de Pernambuco. Os experimentos foram conduzidos no Laboratório de Melhoramento do Feijão Comum e de Biologia Molecular do Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri), Universidade Estadual de Maringá, Paraná, Brasil. Amostras de vagens de feijão comum com sintomas de antracnose foram coletadas no município de Ponta Grossa, estado do Paraná, e nos municípios de Arcoverde, Capoeiras e São Caetano, no estado de Pernambuco. Um total de 25 isolados de *C. lindemuthianum* foram obtidos pelo método de isolamento monospórico e caracterizados utilizando o conjunto de 12 cultivares diferenciadoras para antracnose do feijão comum. As sementes de cada cultivar diferenciadora foram semeadas em bandejas com substrato a base de turfa e após o desenvolvimento do primeiro trifólio, foi realizada a inoculação das plantas com uma suspensão de esporos na concentração de $1,2 \times 10^6$ esporos.mL⁻¹ de água destilada. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em ambiente com alta umidade relativa do ar (> 95%) e temperatura de $20 \pm 2^\circ\text{C}$, por 72 horas. As avaliações dos sintomas foram realizadas dez dias após a inoculação, utilizando-se a escala de 1 a 9. As plantas com notas de 1 a 3 foram consideradas resistentes, enquanto as com notas de 4 a 9 foram consideradas suscetíveis. Os resultados obtidos permitiram identificar as seguintes raças *C. lindemuthianum*: 0, 1, 2, 8, 10, 17, 25, 27, 64, 67, 72, 73, 81 e 91. As raças 0, 72 e 73 foram as mais frequentes, representando 21, 16 e 16% dos isolados, respectivamente. Este é o primeiro registro da raça 25 no estado do Paraná e no mundo, evidenciando a que o monitoramento do patógeno deve ser realizado de forma constante.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; antracnose; raça fisiológica

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação Araucária pelo suporte financeiro.

VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES SEGREGANTES QUANTO A CARACTERES ADAPTATIVOS EM FEIJÃO

João Pedro Fossa Bernardy^{1*}; Rita Carolina de Melo¹; Nicole Trevisani¹; Matheus Gabriel Ferreira de Sousa¹; Murielli Sabrina Gemeli¹; Altamir Frederico Guidolin¹; Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹.

¹ Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), Centro de Ciências Agroveterinárias (CAV) *E-mail do autor para correspondência: joapedrofossabernardy@gmail.com.

A variabilidade genética é essencial para o programa de melhoramento, pois fornece alternativas para seleção de plantas com características desejáveis. Nesse contexto, o objetivo foi estudar o comportamento da variabilidade genética em populações mutantes e segregantes para caracteres relacionados à raiz na cultura do feijão. As populações mutantes foram originadas de sementes de feijão das cultivares Pérola e IPR Uirapuru irradiadas com Cobalto60 (0, 100 e 200 Grays), nas gerações M₂, M₃, M₄, M₅, M₆ e M₇. As populações segregantes foram oriundas de cruzamentos entre o acesso BAF 50 com a cultivar comercial IPR Uirapuru (BAF50_Uirapuru, e recíproco), avaliadas na geração F₄, F₅ e F₆. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com 2 repetições. Os caracteres avaliados foram ângulo de raízes basais (ANG), massa seca de raízes (MSR), profundidade máxima de raízes (PROF) e número de raízes basais (NRB) através do método Shovelomics. Os dados foram submetidos à análise de variância multivariada, contrastes multivariados e análise discriminante canônica. A análise de variância multivariada indicou efeito diferencial das constituições genotípicas. Os efeitos diferenciais ocorreram principalmente nas sementes irradiadas da cultivar Pérola, na qual todos os contrastes entre a cultivar com as gerações mutantes diferiram significativamente, com exceção da geração M₆ e M₇. Possivelmente, nas gerações avançadas (M₆ e M₇) ocorreu o aumento dos locos em homozigose. As demais gerações diferiram da cultivar, indicando incremento da variabilidade genética. O contrário ocorreu na cultivar IPR Uirapuru e suas gerações mutantes, nesse caso nenhuma das comparações diferiram indicando que a indução de mutação não foi eficiente em causar alterações genotípicas. O cruzamento entre genótipos contrastantes não apresentou liberação de variabilidade genética para distribuição radicular nas gerações F₄, F₅ e F₆. Os coeficientes canônicos indicam que o caráter MSR foi a principal variável discriminante, seguido das variáveis PROF e ANG. A principal variável não discriminante foi o NRB e em alguns casos o ANG. Dessa maneira, conclui-se que a indução de mutação proporcionou um incremento na variabilidade genética para caracteres de raiz em feijão, diferente das hibridações.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Análise multivariada; Distribuição radicular.

Agradecimentos: À Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), CNPq, CAPES e FAPESC pelo apoio financeiro no desenvolvimento deste trabalho.

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES AGRONÔMICOS EM UM PAINEL DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL

Nathan Lamounier Lima¹; Tatiane Freitas Horta Trindade¹; Andreia Schuster¹; Diego Gonçalves Caixeta¹; Sirlene Viana de Faria¹; Rodrigo Oliveira DeLima^{1*}

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

Os híbridos são obtidos pelo cruzamento entre linhagens endogâmicas, e a caracterização das linhagens disponíveis ao melhorista é o primeiro passo para obtenção de híbridos de milho produtivos. O objetivo desse trabalho foi fazer uma caracterização fenotípica de um painel de linhagens de milho Banco Ativo de Germoplasma do Programa Milho, programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa. Para isso, 186 linhagens de milho foram avaliadas fenotipicamente na segunda safra de 2016. Os caracteres avaliados foram: plantas acamadas e quebradas (ACQ); comprimento de folha (CF, cm); largura de folha (LF, cm); área de folha (AF, cm²); prolificidade (PRL, espigas planta⁻¹); altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm); diâmetro do colmo (DC, mm); número de nós abaixo da espiga (NNBE) e acima da espiga (NNAE); número de fileiras da espiga (NF); profundidade de grão (PF, mm); comprimento de espiga (CE, cm); peso de 1000 grãos (P1000, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros, espaçadas em 0,8 m. Foi utilizado o delineamento experimental em blocos incompletos (alfa-látice 17x11), com duas repetições. Os parâmetros genéticos foram estimados pela metodologia de modelos mistos. Os efeitos de blocos dentro de repetição e de linhagens foram considerados aleatórios, e o efeito de repetição foi considerado fixo. Os coeficientes de variação (CV) variaram de 6,86% a 72,21%, e com exceção de ACQ (72,21%) e PG (32,30%), todos os demais CV foram inferiores a 20%, o que indica boa precisão experimental. Resultado da análise de modelos mistos indicou que há diferença significativa (P<0,01) entre as linhagens para todos os caracteres mensurados e, assim, há variabilidade genética entre essas que pode ser explorada com uso de alguma técnica seletiva. Ampla variação entre os valores genotípicos foi observado para todos os caracteres. AP variou de 112,97 cm a 183,97 cm. NNBE variou de 5,89 a 9,93. CE variou de 8,79 cm a 15,73 cm. PF variou de 4,41 mm a 9,68 mm. PG variou de 994,29 kg ha⁻¹ a 2421,23 kg ha⁻¹, com média de 1470,42 kg ha⁻¹. As estimativas de herdabilidade encontradas foram de moderada e alta magnitude, com variação entre 0,57 (PG) a 0,88 (P1000). Assim, mais da metade de toda a variação fenotípica encontrada entre as linhagens é de natureza genética. Conclui-se que há variabilidade genética no painel de linhagens de milho do Programa Milho e pode-se realizar seleção das melhores para obtenção de híbridos de milho.

Palavras-chave: híbridos; germoplasma; parâmetros genéticos

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES DE MORFOLOGIA DE RAIZ EM LINHAGENS DE MILHO AVALIADAS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE FÓSFORO

Thiago José da Silva¹; Andreia Schuster¹; Diego Gonçalves Caixeta¹, Gustavo de Paula Gruppi¹, Leandro Tonello Zuffo¹, Rodrigo Oliveira DeLima¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Os solos brasileiros, onde é cultivado a maioria do milho produzido no país, são caracterizados por serem muito intemperizados e terem baixa fertilidade natural, principalmente em fósforo (P). Dentre as estratégias para melhorar a eficiência de uso de P do milho destaca-se o melhoramento para eficiência de aquisição de P. Esse pode ser obtido com melhoramento para caracteres de morfologia e arquitetura de raiz. Diante disso, objetivo deste trabalho foi estudar a variabilidade genética dos caracteres morfológicos de raiz em um painel de linhagens de milho em condições contrastantes de P. Para isso, 151 linhagens de milho do Programa Milho[®] da Universidade Federal de Viçosa foram avaliadas em dois experimentos: um em alto P (AP) e outro em baixo P (BP). O delineamento utilizado foi de blocos casualizado com três repetições. Cada parcela foi constituída de uma planta por vaso de 3,9 L, preenchidos com areia. As soluções nutritivas foram aplicadas por 30 dias a partir do oitavo dia após a semeadura. As plantas foram coletadas no estágio V6. Os caracteres avaliados foram: dias até o V6 (DV6), diâmetro do colmo (DC, mm), altura de planta (AP, cm), massa de parte aérea seca (MPAS, g), massa de raiz seca (MRS, g), razão massa de raiz seca/massa de parte aérea seca (MRS/MPAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), axial (CRA, cm) e total (CRT, cm), volume total de raiz (VTR, cm³), área superficial total de raiz (ASTR, cm²) e diâmetro médio de raiz (DMR, mm). Após a coleta dos dados realizou-se uma análise de variância individual em AP e BP e uma análise conjunta. Todos os caracteres foram significativos ($P < 0,01$) para efeito de linhagens em ambos os experimentos. A interação genótipos ambiente foi significativa para todos os caracteres avaliados ($P < 0,01$), o que indica que existe comportamento diferencial dos genótipos em função da diferença de P. Os coeficientes de variação variaram de 3,96% a 21,79% e, portanto, foram baixos para esse tipo de experimento. Para DV6, a média foi de 36,25 e P 25,78 dias, em BP e AP, respectivamente. A MRS/MPAS foi de 0,56 e 0,32, em BP e AP, respectivamente. O CRL variou de 135,65 cm a 2662,69 cm para o BP. A média de diâmetro de raízes foram 0,55 mm e 0,59 mm, em AP e BP, respectivamente. Em BP, as estimativas de herdabilidade foram superiores a 74%, e, em AP, superiores a 50%. Conclui-se que há variabilidade genética entre as linhagens para caracteres de morfologia de raiz e que a seleção deve ser feita em cada nível de P.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; variação genética; eficiência na aquisição de P.

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA MORFOLOGIA DE RAIZ EM UM PAINEL DE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL AVALIADAS EM CONDIÇÕES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO

Lívia Gomes Torres¹; Naara Pinheiro Rocha¹; Andreia Schuster¹; Camila Ferreira Azevedo¹; Fabyano Fonseca e Silva¹; Rodrigo Oliveira De Lima^{1*}

¹Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

O nitrogênio (N) é um dos nutrientes extraídos em maior quantidade pela cultura do milho. Devido a grande exigência nutricional da cultura, todos os anos milhões de toneladas de fertilizantes nitrogenados são adicionados ao solo com intuito de obter alta produtividade de grãos. Entretanto, pouco desse N é aproveitado pelas plantas, pois a eficiência no uso de N da maioria dos cereais é inferior a 50%. Uma das estratégias para aumentar a eficiência no uso de N é o melhoramento genético para eficiência na absorção por meio de caracteres de morfologia de raiz. O objetivo deste trabalho foi caracterizar um painel de 150 linhagens de milho tropical para morfologia de raiz e parte aérea em condições contrastantes de N. Dois experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, um em alto e outro em baixo N. Utilizou-se delineamento experimental de blocos casualizados, com três repetições. Os macros e micronutrientes foram fornecidos às plantas por solução nutritiva. No estádio de cinco folhas completamente desenvolvidas, os seguintes caracteres foram avaliados: altura de planta, diâmetro do colmo, massa de raiz seca, massa de parte aérea seca, massa total seca, relação raiz: parte aérea, crescimento diário, comprimento radicular axial, comprimento radicular lateral, comprimento radicular total, diâmetro radicular médio, área superficial radicular, volume radicular e densidade do tecido radicular. Utilizou-se a metodologia de modelos mistos para predizer os valores genéticos das linhagens. Nas análises de diversidade genética, empregou-se a distância euclidiana média padronizada e o método de agrupamento de ligação média entre grupos (UPGMA). O método de Mojena foi utilizado para a definição do número de grupos. O efeito de linhagem foi significativo ($P < 0,01$) para todos os caracteres pelas análises conjunta e individuais. Quanto à interação linhagens x ambientes, observou-se efeito significativo ($P < 0,05$) para massa de parte aérea seca e massa total seca. A partir das análises de diversidade, as linhagens foram agrupadas em 12 e 15 grupos nos ambientes de alto e baixo N, respectivamente. Conclui-se que: o painel de linhagens apresenta variabilidade genética para os caracteres avaliados em ambos os níveis de N. Linhagens superiores foram identificadas e informações sobre a diversidade genética do painel de linhagens contribuirá para a orientação e planejamento de cruzamentos, com a finalidade de obter híbridos com sistemas radiculares mais vigorosos.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; sistema radicular; diversidade genética.

Agradecimentos: CNPq e FAPEMIG pelo suporte financeiro.

VARIABILIDADE NAS PERDAS DE PRODUTIVIDADE DE GRÃOS ENTRE LINHAGENS DE FEIJÃO COM A ANTECIPAÇÃO DA COLHEITA

Júlio Augusto de Castro Miguel¹; Jéssica Batista Ribeiro²; Rita de Kássia Siqueira Teixeira³; Magno Antônio Patto Ramalho⁴; Elaine Aparecida de Souza⁴

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. Bolsista CNPq – e-mail: juliocastromiguel83@gmail.com. ² Estudante de graduação em Agronomia - UFLA/Lavras-MG/Brasil, Bolsista de iniciação científica CNPq. ³ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil, Bolsista CAPES. ⁴ Professor Titular – Setor de Genética e Melhoramento de Plantas - UFLA; Lavras – MG/Brasil.

A identificação do momento adequado para a colheita do feijão é uma das fases mais importantes no processo de produção desta leguminosa. A colheita antecipada pode reduzir a quantidade do produto, e conseqüentemente, a rentabilidade do agricultor. Além disso, o atraso na colheita também pode afetar a qualidade dos grãos, especialmente das linhagens do grupo Carioca. Este trabalho teve como objetivo estimar possíveis perdas na produtividade de grãos devido à antecipação da colheita. Para isso foi conduzido um experimento no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. Foram avaliadas 16 linhagens de feijão do tipo Carioca no delineamento de blocos ao acaso com cinco repetições, sendo que a semeadura foi realizada em julho de 2016. A parcela foi constituída por quatro linhas de quatro metros. Foram realizadas amostragens, a partir de 35 dias após o florescimento, na segunda linha de cada parcela. As amostras foram constituídas de cinco plantas que foram coletadas a cada dois dias até a colheita. De cada amostra foram tomados dados de matéria verde (MV), matéria seca (MS) de 100 grãos e porcentagens de grãos com estrias típicas do padrão comercial. A produção de grãos foi obtida na colheita a partir da terceira linha da parcela. A porcentagem de redução no peso de um grão (PRPG) foi estimada considerando a diferença da MS, no momento da amostragem, menos a MS obtida na maturação fisiológica (MSMF). A MSMF foi considerada quando 100% dos grãos da amostra possuíam as estrias típicas dos grãos Carioca bem definidas. A regressão linear entre a variável independente época da amostragem (dias) e a variável dependente PRPG foi estimada. As estimativas da regressão linear foram obtidas por parcela e posteriormente, os coeficientes de regressão foram submetidos à análise de variância. Constatou-se que a acurácia do experimento foi alta ($r_{gg}=0,90$), indicando uma boa precisão experimental; a cada dia de antecipação da colheita houve uma redução média de 1,68% da MS por grão; as cultivares diferiram em relação à PRPG, sendo que a menor estimativa foi de 0,47% e a maior de 3,32%.

Palavras-chave: feijoeiro; matéria seca; produção.

Agradecimentos: CNPq; CAPES e FAPEMIG.

VARIAÇÃO DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS E BIOLÓGICOS EM GENÓTIPOS DE TRIGO

Ricardo Lima de Castro^{1*}; Leonardo Lago Molssato²; Eduardo Caierão¹;
Márcio Só e Silva¹; Pedro Luiz Scheeren¹

¹Pesquisador da Embrapa Trigo. ²Acadêmico do curso de Agronomia - UPF. Bolsista PIBIC/CNPq da Embrapa Trigo. *ricardo.castro@embrapa.br

A proteção de uma cultivar vegetal no Brasil requer a realização de testes de DHE (Distinguibilidade, Homogeneidade e Estabilidade), os quais compreendem a caracterização morfológica e biológica detalhada da cultivar, na forma de descritores. A pequena variação dos descritores morfológicos e biológicos entre cultivares e a alta variação relativa dos descritores entre as plantas da mesma cultivar, associadas ao número crescente de cultivares lançadas comercialmente, podem dificultar a obtenção da proteção de novas cultivares de trigo. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variação dos descritores morfológicos e biológicos em genótipos de trigo, a fim de identificar os descritores mais discriminativos e aqueles com maior variação dentro dos genótipos. Foram avaliados 31 descritores em 24 genótipos de trigo (incluindo cultivares indicadas para o Brasil, a Argentina e o Uruguai e linhagens promissoras da Embrapa), no campo experimental da Embrapa Trigo, em Passo Fundo, RS, no ano de 2015. O experimento foi conduzido em DBC com duas repetições de, aproximadamente, 2000 plantas cada (área da unidade experimental igual a 6 m²). Os descritores foram avaliados conforme metodologia estabelecida pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (SNPC – Mapa). A variação dos descritores entre genótipos foi avaliada por estudos de dissimilaridade dos genótipos e de contribuição relativa de cada característica, empregando-se, respectivamente, o método de agrupamento de Tocher, com base em variáveis multicatóricas descritas em classes, e o método de Singh. A variação dos descritores dentro dos genótipos foi avaliada pelo cálculo do coeficiente de variação entre as observações ou medições individuais de cada descritor em 40 plantas por genótipo (20 plantas x 2 repetições). O método de agrupamento de Tocher resultou na formação de 12 grupos, sendo o maior deles constituído por dez genótipos de trigo. Os descritores frequência de plantas com folha bandeira recurvada, forma da espiga e cerosidade da espiga tiveram maior contribuição na diversidade dos genótipos. Os descritores com maiores coeficientes de variação dentro dos genótipos foram: densidade da espiga (CV = 36,2%), comprimento da espiga (CV = 30,8%) e comprimento das aristas (CV = 25,7%). Há ampla variação nos descritores morfológicos e biológicos nos genótipos de trigo estudados, sendo possível identificar aqueles mais discriminativos e com alta variação, dentro de genótipos.

Palavras-chave: diversidade genética; DHE; *Triticum aestivum*.

Agradecimentos: CNPq e Embrapa Trigo.

VARIAÇÃO GENOTÍPICA E CORRELAÇÕES PARA ARQUITETURA DE PLANTA ENTRE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO AVALIADOS EM BAIXO NITROGÊNIO

Lorença Barroso Guimarães¹; Diego Gonçalves Caixeta¹; Maria Eduarda Jardim Silva¹; Mateus Cupertino Rodrigues¹; Thiago José da Silva¹; Rodrigo Oliveira DeLima^{1*}

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br.

A obtenção de altas produtividades de grãos em lavouras de milho está condicionada ao elevado uso de fertilizantes a base de nitrogênio (N). Todavia, o uso desses requer alto investimento financeiro e gera prejuízos ao ambiente. Nesse contexto, a avaliação de híbridos em ambientes com baixo suprimento de N é uma fase indispensável do melhoramento para condições de baixo N no solo. Os híbridos de milho atuais se destacam por apresentarem uma arquitetura de planta moderna e serem precoces. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a variação genotípica e estimar as correlações entre caracteres de arquitetura de planta em híbridos simples de milho cultivados em baixo N. Para isso, 101 híbridos experimentais desenvolvidos pelo programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, Programa Milho[®], e nove híbridos comerciais foram avaliados para caracteres de largura de folha (LF, cm), diâmetro de colmo (DC, mm), comprimento de folha (CF, cm), número de nós abaixo (NNBE) e acima da espiga (NNAE), altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm) na safra de 2016/2017, em Coimbra-MG. Utilizou-se delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de quatro metros espaçadas 0,8 m entre si. A adubação foi de 196 Kg ha⁻¹ de MAP, no plantio, e 100 Kg ha⁻¹ de KCl, em cobertura, no estágio de V5. Para caracterizar o estresse de N, não foi feita adubação de cobertura com fertilizantes a base de N. Houve efeito ($P < 0,05$) de híbridos para todos os caracteres avaliados. O coeficiente de variação variou de 5,43% (LF) à 12,27% (AE), o que indica uma boa precisão experimental. As estimativas do coeficiente de determinação genotípica variaram de 27,87% (AP) à 82,52% (LF). Nota-se que a AP foi muito influenciada por fatores de causa não genética e pode estar relacionado ao estresse de N. NNBE foi significativa e positivamente correlacionado com AP (0,61) e negativamente correlacionado com CF (-0,35). A correlação entre AP e AE foi de 0,60. Conclui-se que há diferença genética entre os híbridos para caracteres de arquitetura de planta e plantas de milho com maiores NNBE apresentam menor comprimento de folha.

Palavras-chave: estresse abiótico; altura de planta, área foliar

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo apoio financeiro.

VARIAÇÃO GENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO – UFV, NA SAFRA 2015/2016

Wemerson Mendonça Rezende¹; Gustavo de Paula Gruppi¹; Sirlene Viana de Faria¹; Mateus Cupertino Rodrigues¹; Rafaela Martins Alves Ramos¹; Rodrigo Oliveira DeLima¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

O milho é um dos principais cereais cultivados no Brasil e no mundo. Estima-se que 90% de todo o milho plantado no mundo são cultivares do tipo híbrido. Assim, todos os anos, centenas de híbridos de milho são desenvolvidos e avaliados pelas empresas de melhoramento. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi estudar a variação genotípica entre híbridos experimentais de milho – UFV, na safra 2015/2016. Para isso, 149 híbridos (141 híbridos experimentais e 8 híbridos comerciais) foram avaliados na Zona da Mata Mineira em três experimentos. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos incompletos: dois experimentos em alfa-látice e um em blocos aumentados. Cada parcela foi constituída por uma linha de três metros, espaçadas em 0,80m. Os caracteres avaliados foram: prolificidade (PRL, espigas planta⁻¹), altura de espiga (AE, cm) e de planta (AP, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Como os híbridos foram avaliados em três experimentos de tamanhos diferentes e alguns não germinaram, houve desbalanceamento dos dados. Assim, as estimativas de variâncias e os valores genéticos foram obtidos pelo método REML/BLUP com auxílio do pacote “lmer” implementado no software R. O coeficiente de variação experimental variou de 7% a 25%. Esses valores indicam de boa a média precisão experimental, uma vez que foram avaliados caracteres quantitativos que são muito influenciados pelo ambiente. A estimativa da variância genética foi significativa a 1% pelo teste qui-quadrado para quase todos os caracteres, a exceção de PRL. As estimativas para a herdabilidade variaram de 0,45 a 0,72, a qual é considerada de moderada a alta e, portanto, uma situação favorável ao melhoramento desses caracteres. O principal caractere avaliado foi a PG, cuja média de todos híbridos foi de 10477,20 kg ha⁻¹. Os híbridos comerciais utilizados como testemunhas obtiveram uma produtividade média de 14090,31 kg ha⁻¹, e os híbridos experimentais, de 10296,54 kg ha⁻¹. Treze híbridos experimentais obtiveram valores genotípicos acima de 13.000 kg ha⁻¹. E um híbrido experimental apresentou valor genotípico superior à melhor testemunha (BM812PROPRO2), com média aproximada de 17.378 kg ha⁻¹. Conclui-se que há variação genotípica entre os híbridos experimentais de milho e é possível identificar híbridos de milho superiores para serem recomendados aos produtores da Zona da Mata Mineira.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; blocos incompletos; produtividade de grãos.

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pelo apoio financeiro.

VARIÂNCIA GENÉTICA ENTRE E DENTRO DE PROGÊNIES SOB SIMULAÇÃO COM O DECORRER DA ENDOGAMIA

Laís Andrade Pereira^{1*}; Matheus Henrique Silveira Mendes¹; Getúlio Caixeta Ferreira¹; Magno Antonio Patto Ramalho¹

¹ Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras. *andrade.lais@gmail.com

O melhoramento de plantas autógamas teve, ao longo dos anos, enorme sucesso em um grande número de espécies cultivadas. Contudo, com o tempo, as diferenças a serem detectadas são cada vez menores e os programas devem utilizar de todas as estratégias para melhorar a sua eficiência. O que ocorre durante o avanço das gerações de uma planta autógama é bem conhecido quando se trata de um loco. No entanto, o que ocorre quando se considera vários locos ainda necessita de alguns detalhes. Para que essa informação possa ser obtida a principal alternativa é o uso da simulação. O presente trabalho foi realizado utilizando simulação para mostrar o que ocorre em termo de frequência das diferentes combinações genotípicas e de variância genética quando se utiliza o método do bulk dentro de progênies F_2 . Para isso simulou-se um cruzamento bi-parental obtendo-se 2000 indivíduos na geração F_2 . A partir desses indivíduos foram obtidas 100 progênies $F_{2:3}$ com 150 indivíduos em cada. Foram realizadas 1000 simulações nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:5}$ e $F_{2:8}$ considerando dois tipos de interação alélica: aditiva e dominância completa. A partir dessas simulações obteve-se a porcentagem de locos em homozigose e heterozigose, assim como a amplitude desse valores, considerando 10, 50 e 100 locos. Constatou-se que a frequência de locos em heterozigose ocorreu como esperado. Contudo, a amplitude de variação valor esperado é reduzida com o aumento do número de locos segregando. Cada planta F_2 tem, em média, a mesma frequência de locos em heterozigose que toda população. Esse fato ficou comprovado com a liberação da variabilidade com o decorrer da endogamia (gerações $F_{2:5}$ e $F_{2:8}$). A partir de $F_{2:5}$ a variabilidade genética média dentro das progênies foi equivalente ao que ocorre entre as progênies. Depreende-se que quando se utiliza o método bulk dentro de F_2 , no final do processo, isto é, quando a frequência de locos em heterozigose tende para zero, tem-se uma mistura de linhagens com a mesma a variabilidade da existente entre progênies e que foi explorada com a seleção. Desse modo, cabe ao melhorista decidir entre selecionar linhas puras dentro das progênies, ou se selecionar somente entre as progênies optando por uma mistura de linhas puras.

Palavras-chave: Melhoramento Vegetal; Simulação Computacional; Plantas autógamas

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de estudos e à Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG).

VIRULÊNCIA DE LINHAGENS de *Colletotrichum* OBTIDAS A PARTIR DE LESÕES DE SARNA E ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO

Mariana Andrade Dias¹; Lucas Fidelis Pereira¹; Larissa Carvalho Costa¹;
Suellen Finamor Mota¹; Elaine Aparecida de Souza^{1*}

¹Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor para correspondência: easouza@dbi.ufla.br.

O gênero *Colletotrichum* infecta muitas espécies de hospedeiros apresentando ampla variabilidade entre e dentro de espécies. No feijoeiro comum, a antracnose e a sarna são doenças fúngicas que apresentam sintomas semelhantes no caule, mas distintos nas vagens. Estas doenças são causadas por espécies do gênero *Colletotrichum*, sendo que o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* é o agente causal da antracnose. No caso da sarna, ainda há dúvidas sobre o agente etiológico da doença. Isolados oriundos de lesões de antracnose e sarna têm sido investigados nos últimos anos e linhagens de *Glomerella* spp. (fase teleomórfica) e *Colletotrichum* spp. (fase anamórfica) têm sido obtidas e identificadas por diversas características morfológicas, citológicas, moleculares e patogênicas. Esse estudo teve como objetivo comparar a virulência de linhagens de *Colletotrichum* isoladas a partir de lesões de sarna e antracnose do feijoeiro. Para isso 30 linhagens de *Colletotrichum*, sendo quatro isoladas a partir de lesões de antracnose (uma monospórica e três monoascospóricas) e 26 de lesões de sarna (22 monospóricas e quatro monoascospóricas) foram inoculadas na cultivar Pérola. O experimento foi conduzido em DIC com 31 tratamentos (30 linhagens e um controle, sem inoculação) e três repetições, sendo a parcela constituída por um vaso com três plantas. As 30 linhagens foram repicadas, separadamente, em placas de petri contendo meio BDA. A avaliação da severidade da doença foi realizada 10 dias após a inoculação utilizando uma escala de notas de 1 a 9. Houve diferença na virulência dos isolados utilizados e a partir das notas médias do teste de patogenicidade, estes foram separados em cinco grupos distintos pelo teste de Scott-Knott. Observou-se que as linhagens monospóricas foram mais virulentas que as monoascospóricas. No entanto, entre as linhagens monospóricas, observou-se que as mais virulentas (notas superiores a 7) foram oriundas de lesões de sarna. Os resultados obtidos neste trabalho sugerem que um complexo de espécies atua no feijoeiro comum e assim, estudos de filogenia devem ser realizados. Essas informações são importantes para os programas de melhoramento que visam obter cultivares resistentes a antracnose e sarna do feijoeiro.

Palavras-Chave: *Colletotrichum lindemuthianum*; Melhoramento genético; *Phaseolus vulgaris*.

Agradecimentos: FAPEMIG; CNPq; CAPES.

Resumos dos Trabalhos de
Melhoramento Genético de Espécies Perenes

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PELA METODOLOGIA AMMI

Pablo Diego Silva Cabral¹; Dieykson Noslin Antunes Cabral²; José Airton Rodrigues Nunes²; Jackson Zuchi¹; Arnaldo José Raizer³

¹Rede Arco Norte, Instituto Federal Goiano, Rio Verde, GO Brasil. ²Departamento de Biologia/DBI, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG Brasil. ³Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR Brasil. *pablo.cabral@ifgoiano.edu.br

A interação genótipos por ambientes existente em cana-de-açúcar dificulta a identificação de genótipos superiores nas fases finais dos programas de melhoramento genético da cultura. Neste âmbito, são realizados estudos de interação genótipo por ambiente para que sejam melhor elucidadas as interações existentes. Nestes estudos, os métodos multivariados estão sendo vastamente utilizados em virtude de sua alta capacidade de capturar maior proporção dos efeitos estudados. Dentre eles, pode-se destacar o método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*), que tem se apresentado como uma boa ferramenta pela sua fácil visualização gráfica dos genótipos superiores e correspondente estabilidade, além do agrupamento de mega-ambientes para fins de recomendação. Com o objetivo de identificar genótipos superiores, estáveis, mega-ambientes de recomendação e adaptação específica, além de interações inerentes à cultura, foram utilizados dados de TPH (toneladas de pol por hectare) das fases finais da série 2003 do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC). Foram realizados dois cortes, o primeiro em cana planta e o segundo em cana soca, entre os anos de 2010 e 2011 em oito ambientes. A análise conjunta entre cortes foi significativa ao nível de 5% de probabilidade, para Ambientes (E), Genótipos (G) e Cortes (H), tanto quanto foi significativa para as interações GXE clássica, EXH, GXH e interação Tripla EXGXH, demonstrando grande diversidade na discriminação dos genótipos e dos ambientes, ao longo dos cortes. A média geral do ensaio foi 12,77 TPH (Toneladas de Pol ha⁻¹), e o CVE foi de 8,70%, a acurácia seletiva foi de 98,63% apresentando bons níveis de qualidade experimental. Os genótipos G4, G14 e G16 foram estatisticamente superiores aos padrões utilizados, porém não apresentaram boa estabilidade na média dos cortes pelo método AMMI. Houve adaptação específica dos genótipos G4 e G5 com os ambientes E7 e E5, respectivamente. O agrupamento dos ambientes não foi concordante, ao longo dos cortes de forma geral, sendo exceção os ambientes E1 e E4 que apresentaram similaridades na discriminação dos genótipos.

Palavras-chave: AMMI1; Interação genótipos x ambientes; *Saccharum spp.*

Agradecimentos: À Rede Arco Norte do Instituto Federal Goiano, à Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) e ao Centro Tecnologia Canavieira (CTC)

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE CLONES RB DE CANA-DE-AÇÚCAR

Gheysa C. Silva¹; Talyta A. Magalhães¹; Francisco J. Oliveira¹; Paulo R. Machado¹

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. *gheysacoelho@gmail.com

Um dos objetivos dos programas de melhoramento da cana-de-açúcar é a liberação de clones adaptados às diversas condições de cultivo. Para isso é preciso realizar ensaios com clones promissores, que possibilite identificar a interação genótipo x ambiente e efetuar análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, permitindo recomendar clones com maior previsibilidade de produção. Objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica de clones RB de cana-de-açúcar pelo método *Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*. Foram avaliados 11 clones RB (G1 ao G11) em experimentos conduzidos em três unidades produtoras de Pernambuco, em cultivo de cana planta, soca e ressoca, referentes às safras 2010/2011, 2011/2012 e 2012/2013. Cada combinação unidade produtora-corte foi considerada como um ambiente (A), totalizando 9 ambientes. Os experimentos foram conduzidos em DBC, com quatro repetições. A parcela experimental foi composta de cinco linhas de 8,0m de comprimento, espaçadas a 1,0m. Foram avaliadas toneladas de cana por hectare (TCH) e toneladas de pol por hectare (TPH). Realizou-se as análises de variância individual por ambiente e análise conjunta, considerando o efeito do genótipo como fixo e ambiente como aleatório. A adaptabilidade e estabilidade fenotípica foi avaliada pelo modelo AMMI, utilizando-se o programa GENES. As fontes de variação genótipo, ambiente e interação GxA apresentaram diferença significativa ($P \leq 0,01$). A interação GxA significativa revelou alterações no desempenho dos genótipos em resposta as diferenças do meio, viabilizando este estudo. A $SQ_{G \times A}$ foi decomposta em oito IPCA's. Os modelos AMMI1 e AMMI2 foram preferidos para interpretação e visualização dos resultados, pois explicam 76 e 65% da variância acumulada, respectivamente. No biplot AMMI1A para TCH os genótipos G9 e G1 apresentam estabilidade fenotípica, já G3 e G4 indicaram baixa previsibilidade. No biplot AMMI2B confirmou-se a estabilidade fenotípica para os genótipos G4 e G8 e baixa previsibilidade para G1, G6, G9 e G11. No biplot AMMI1A para TPH os genótipos G1, G5 e G9 pouco contribuíram com a interação. No biplot AMMI2B os genótipos G2, G4, G6 e G7 foram os mais estáveis e G5 e G11 os mais instáveis. Os biplot AMMI1B para TCH e AMMI2B para TPH coincidem quando apontam interações positivas entre G3 e A6 e entre G6 e A5. Fazer ranqueamento dos genótipos em ambientes que pouco contribuem com a interação torna a classificação mais confiável, sendo também o mais indicado para testes preliminares. Assim os genótipos G2 e G7 apresentaram estabilidade intermediária e alta produtividade, podendo ser indicados para cultivo comercial. Os ambientes A7 e A8 são os mais indicados para seleção.

Palavras-chave: *Saccharum*; Seleção; AMMI.

AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS DE *Fusarium solani* EM MARACUJÁ AMARELO

Guilherme Koch¹; Daiani da Silva de Oliveira¹; Lizandra Paeseno¹; Jeferson Gonçalves¹; Kelly Lana¹

¹Universidade do Estado do Mato Grosso. *E-mail do autor para correspondência: guilhermerugem@hotmail.com

O maracujá pertence à ordem Passiflorales, constituída de três famílias sendo que dentre essas, a com maior interesse comercial é a família Passifloraceae, com 14 gêneros, dos quais o mais importante é o Passiflora. O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá, com aproximadamente 718 milhões de toneladas, sendo o maracujá-azedo (*Passiflora edulis* Sims) predominante nos plantios do País. A podridão do colo é um dos principais problemas para a cultura do maracujá no Brasil, por ser responsável pelo decréscimo da produtividade e migrações da cultura para áreas livres do patógeno. Os sintomas podem ser visualizados pela observação das folhas que inicialmente tornam-se murchas, posteriormente amarelas e depois secam e caem com a morte da planta. A podridão do colo e raízes impede a absorção de água e nutrientes pela planta, provocando a morte da mesma. Portanto, o objetivo foi avaliar a agressividade de isolados de *Fusarium solani* coletados no estado de Mato Grosso, oriundos dos biomas Pantanal, Cerrado e Amazônia, em *Passiflora edulis*; selecionando os isolados mais agressivos para o uso em programas de melhoramento genético visando a resistência à podridão do colo. O experimento foi realizado em casa de vegetação localizada na área experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso, no município de Cáceres. Foram selecionados 19 isolados da coleção de *F. solani*, pertencentes à micoteca da UNEMAT para a caracterização da agressividade em *P. edulis*. Vale ressaltar que todos os isolados são oriundos de áreas produtoras de maracujá azedo nos três biomas. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com 19 tratamentos e a testemunha, com quatro repetições e três plantas por parcela. As avaliações de todos os tratamentos foram iniciadas no 5º dia após a inoculação (DAI), sendo efetuadas de dois em dois dias até o 23º DAI e de três em três dias até o 55º DAI ou até a morte da planta. As lesões foram medidas quanto ao seu comprimento e largura da área necrosada, com o auxílio de um paquímetro digital. Através da Análise de variância pôde-se observar diferença significativa entre as médias dos isolados, pelo teste F para a característica de agressividade ACEAL. Aplicando o teste de médias Scott-Knott observou-se a formação de dois grupos distintos, (A) variando de 14,91 a 23,47 e (B) variando de 6,39 a 14,53. Constatou-se que há diferença significativa entre os isolados em relação à agressividade do patógeno.

Palavras-chave: Podridão do colo; *Passiflora edulis*; Variabilidade genética.

AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE GOIABEIRAS PELAS CARACTERÍSTICAS DOS FRUTOS

Lidiane Gomes dos Santos^{1*}; Sara Maria Andrade Pereira¹; Clemilton Alves Silva¹; Gabriel Lenen Javarini Moro¹; Tércio da Silva de Souza²; Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹.

¹Universidade Federal do Espírito Santo. ²Instituto Federal do Espírito Santo.
*lidizoo@yahoo.com.br.

A qualidade físico-química das frutas é um dos fatores determinantes para a sua destinação, consumo *in natura* ou agroindústria. Sendo assim estas características se tornam foco importante nos programas de melhoramento da goiabeira (*Psidium guajava* L.), pois pode existir peculiaridades a cada cultivar. Objetivou-se com deste trabalho agrupar genótipos de goiabeiras tendo como referência um conjunto de características bromatológicas do fruto. Foram coletados frutos de 12 genótipo de goiabeira provenientes de uma fazenda experimental localizada em Linhares-ES. Sendo 10 genótipos originados de pomar de polinização cruzada: Cortibel 1; Cortibel 2; Cortibel 4; Cortibel 7; Cortibel 8; Cortibel 9; Cortibel 12; Cortibel 13; Cortibel 14; Cortibel 17 (respectivamente, C1, C2, C4, C7, C8, C9, C12, C13, C14 e C17); 2 variedades comerciais: Pedro Sato e Roxa. O pomar foi delineado em 4 blocos casualizados, porém os frutos para análises físico-químicas foram coletados em um bloco pois, em ensaios preliminares, foi constatado não haver variação entre os blocos para este conjunto de características. Então foram coletados 3 frutos de cada genótipo. Estes frutos foram despulpados, triturados, homogeneizados e de cada polpa foram retiradas 3 amostras para as análises de Umidade, °Brix, Vitamina C, Acidez Titulável, pH, Pectina e Proteína, cada uma com sua metodologia indicada. Com o auxílio do software R, as médias padronizadas das 7 características foram submetidas a uma análise de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*) utilizando-se a distância euclidiana e um dendograma foi gerado. Também foi feito um biplot a partir da análise de componentes principais. Os dois primeiros componentes explicam 66,87% da variação total das variáveis. Foram formados 3 grupos: um apenas pelo genótipo C9, outro apenas pelo C1 e o terceiro com o restante dos genótipos. O C9 tem maiores teores de vitamina C e Acidez, e o C1 maiores teores de proteínas. Entre os genótipos existem 3 cuja a cor da polpa é branca (C4, C8 e C12) e um de polpa roxa, a Roxa, como estes genótipos não foram agrupados distintamente, mostra que a substância que determina a cor da polpa, os flavonoides, parece não está correlacionada com nenhuma das características analisadas. Foi formado 1 grupo com 10 genótipos de goiabeiras com frutos físico-quimicamente semelhantes e dois genótipos (C9 e C1) se destacaram mostrando uma composição bromatológica diferentes das demais.

Palavras-chave: Bromatologia; Cortibeis; *Psidium guajava* L.

Agradecimentos: UFES, FAPES, CAPES, CNPq, FRUCAFÉ

ANÁLISE DE RESISTÊNCIA A PINTA PRETA (*Asperisporium caricae*) EM FRUTOS E MAMÃO VIA ENSAIO DE COMPETIÇÃO DE GENÓTIPOS

Tiago Silva Jorge¹; Tathianne Pastana de Souza Poltronieri¹; Renato Santa Catarina²; Messias Gonzaga Pereira²; Marcelo Vivas³; Silvaldo Felipe da Silveira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Laboratório de Entomologia e Fitopatologia; ²UENF – Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal
³UENF –

Laboratório de Engenharia Agrícola *tiago.uenf@hotmail.com

A cultura do mamoeiro é de grande importância nos trópicos e o Brasil é o segundo maior exportador da fruta. A cultura tem estreita base genética, o que a torna vulnerável a doenças, dentre as quais a pinta preta, causada pelo fungo *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl., causa perdas significativas na produtividade e reduz a qualidade dos frutos. Diante a carência de genótipos resistentes ao patógeno, a busca por estes torna-se viável nos programas de melhoramento. Portanto, com o presente trabalho, objetivou-se a seleção de genótipos resistentes a pinta-preta em frutos de mamoeiro. Foi conduzido ensaio de competição em campo da fazenda experimental da empresa Caliman Agrícola S/A, no ano agrícola de 2015-2016, envolvendo 41 tratamentos: 14 linhagens superiores; 4 testadores elite (SS-72/12, JS-12, SEKATI e 41/7), 20 híbridos (linhagens X testadores) e 3 testemunhas var. comerciais ('Golden' e 'Tainung' e 36/7); DBC, com 6 repetições, 3 plantas por parcela, totalizando 738 plantas, no espaçamento 3,6x1,5 m. Foram avaliadas a severidade e a incidência de pinta preta nos frutos em estágio 1 de maturação, em todas as 3 plantas da parcela, em três datas ou épocas (Agosto e Novembro de 2015, Março de 2016). A severidade da pinta preta nos frutos foi estimada via escala diagramática, com as seguintes notas: 0.1, 0.3, 0.6, 1.2, 2.5, 5.0, 10.0, e 20.0%. A incidência de pinta preta nos frutos foi calculada pela razão entre o número de frutos que demonstraram sintomas de pinta preta e o número total de frutos na planta. Onze linhagens (1, 2, 4, 6, 9, 10, 16, 17, 18, 19, 20) e treze híbridos (SS-/72/12X1, SS-/72/12X4, SS-/72/12X6, SS-/72/12X9, SS-/72/12X17, SS-/72/12X19, SEKATIX1, SEKATIX2, SEKATIX4, SEKATIX6, SEKATIX10, SEKATIX20, SEKATIX9), bem como os testadores SEKATI, SS-72/12 e a linhagem elite 36/7, formaram grupos (Scott-Knot, p=0,05) com as menores incidências de pinta preta nos frutos, nas três épocas de avaliação. Quanto à severidade, os genótipos mais resistentes nos frutos foram: 14 linhagens (1, 2, 4, 6, 9, 10, 13, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22), doze híbridos (SS-/72/12X1 SS-/72/12X2, SS-/72/12X4, SS-/72/12X6, SS-/72/12X9, SS-/72/12X17, SS-/72/12X19, SEKATIX1, SEKATIX2, SEKATIX4, SEKATIX17, SEKATIX20), bem como os testadores 41/7, SEKATI, JS/12, SS-72/12 e 'Golden', nas duas primeiras épocas de avaliação. Embora nenhum dos genótipos tenha se apresentado com resistência total ou imune a pinta-preta em frutos, alguns genótipos apresentaram poucos sintomas nos frutos (severidade próxima a nulidade), nas três épocas de avaliação, o que demonstra haver variabilidade para resistência a pinta-preta em frutos, a ser explorada no melhoramento genético do mamoeiro.

Palavras-chave: mamoeiro; severidade; incidência

ANÁLISE FÍSICA DE FRUTOS DE MARACUJÁ AZEDO PRODUZIDOS NO DISTRITO FEDERAL

José Ricardo Peixoto^{1*}; Isadora Nogueira²; Michelle Souza Vilela³; Anne Pinheiro Costa²; Daiane Da Silva Nóbrega⁵

1, 2, 3, 4 Universidade de Brasília (UnB); Campus Darcy Ribeiro; Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária; Brasília; DF; Brasil. *E-mail peixoto@unb.br

No Brasil, grande parte dos programas de melhoramento está relacionada ao fruto, tanto no aspecto da produtividade, quanto na qualidade. Em termos qualitativos, considera-se que uma variedade *in natura*, desenvolvida para o mercado deve apresentar frutos grandes e ovais, a fim de conseguir boa classificação comercial, além de ter boa aparência, ser resistente ao transporte e à perda de qualidade durante o armazenamento e a comercialização. Esse trabalho teve como objetivo avaliar as características físicas de 10 genótipos selecionados de maracujazeiro azedo produzidos no Distrito Federal, sem controle fitossanitário. Foram utilizados 10 genótipos, em delineamento de blocos casualizados, com 7 plantas por parcela e 3 repetições. As análises das características físicas consistiram na determinação comprimento (COMP) e o diâmetro (DIAM) (mm) do fruto, relação comprimento/diâmetro (C/D), rendimento de polpa (REND) (%), massas do fruto (MASSA F) (g), da polpa (MASSA P) (g) e da casca (MASSA C) (g), espessura da casca (mm) e nº de sementes, da média de 5 frutos coletados aleatoriamente em cada parcela. A partir da análise de dados referente à análise física, as variáveis resposta COMP, DIAM, C/D, REND, MASSA F, MASSA P e MASSA C apresentaram significância na análise de variância (Teste F, 5% de probabilidade), demonstrando que os genótipos diferiram entre si em pelo menos um par de comparação. O genótipo EC3-0 apresentou o maior COMP, diferindo de ECL-7, que apresentou o menor valor para essa variável. Gigante Amarelo pl. 1 e MAR 20#41 apresentaram, respectivamente, os maiores e os menores valores de DIAM e C/D. Os valores de REND variaram de 17,86% (ECL-7) a 30,90% (MAR 20#21). Rubi Gigante, MAR 20#21 e EC3-0 apresentaram, respectivamente, os maiores valores para MASSA F, MASSA P e MASSA C, enquanto ECL-7 foi a progênie com os menores valores para essas variáveis. Ao verificar os valores dos parâmetros genéticos referente à variável COMP, observou-se valor de herdabilidade no sentido amplo de 74,16% e valor da relação CVg/CVe de 0,97, indicando que para essa variável, métodos simples de seleção como a seleção massal, podem proporcionar bons resultados nos próximos ciclos de seleção, visto que o efeito do ambiente não foi muito superior ao efeito genético na característica

Palavras-chave: *Passiflora edulis* Sims; avaliação física de frutos.

Agradecimentos: A FAP-DF, por fornecer os recursos financeiros para o desenvolvimento do trabalho.

ANÁLISE *IN SILICO* DE DNA CLOROPLASTIDIAL DE *Pinus* spp.

Renan Marcelo Portela¹; Michele Moro^{1*}; Rafael Henrique Roque¹; Caroline Stein¹; Rayssa Chaves Braga¹; Evandro Vagner Tambarussi¹

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste. E-mail do autor para correspondência: mihmoro94@gmail.com

O gênero *pinus* abrange um grupo em que se encontram as mais importantes árvores, sendo amplamente cultivado no Brasil, principalmente por apresentar grande rusticidade, adaptabilidade, alto crescimento e boa qualidade da madeira. O melhoramento genético de *Pinus* spp. tem influenciado de maneira decisiva na adaptabilidade e produtividade dos plantios destas espécies, entretanto, para a eficiência na obtenção de ganhos genéticos no melhoramento, é necessário um conhecimento detalhado acerca de sua constituição genética. Os marcadores moleculares do tipo microssatélites ou *SSR* possuem diversas aplicações, e podem ser encontrados nos genomas cloroplastidiais (cp*SSR*), os quais podem ser usados em programas de melhoramento e em análises filogenéticas. Dessa forma, o objetivo da pesquisa foi caracterizar os microssatélites cloroplastidiais de todas as dezesseis espécies de *Pinus* com o DNA cloroplastidial (cpDNA) sequenciado e depositadas no *NCBI* (*National Center for Biotechnology Information*). Para tal, foi utilizado o software FastPCR 6.5.40.0, o qual identificou os motivos de cp*SSR* como mono-, di-, tri-, tetra-, penta-, hexa-, onde alterou-se o “default” do programa para mono ≥ 8 nucleotídeos, di-nucleotídeos ≥ 6 , tri-nucleotídeos, tetra-nucleotídeos, penta-nucleotídeos e hexa-nucleotídeos ≥ 3 . Nas dezesseis espécies de *Pinus* spp estudadas identificaram-se 1179 microssatélites. Foi possível observar 1050 mononucleotídios, 44 di, 7 tri, 48 tetra, 16 penta e 14 hexa. Por meio da análise molecular das dezesseis espécies de *Pinus* spp. foi possível identificar os cp*SSR* e sua distribuição no genoma. Os microssatélites identificados poderão servir como ferramenta de subsídios a programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: marcadores moleculares; melhoramento genético; filogenética.

AValiação Agronômica de Progênies F₄ de Mamoeiro via Fenotipagem Digital

Alinne Oliveira Nunes Azevedo^{1*}; Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri¹; Renato Santa Catarina¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes¹; Helaine Christine Cancela Ramos¹; Fernanda Abreu Santana Arêdes¹; Messias Gonzaga Pereira¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes, RJ. *E-mail do autor para correspondência: alinnenunes@live.com

O programa de melhoramento do mamoeiro da UENF foi estabelecido em 1996 com o objetivo de desenvolver genótipos superiores capazes de contribuir substancialmente com o agronegócio do mamão no Brasil. O programa conta com a parceria da empresa Caliman Agrícola em seus trabalhos e tem obtido bons resultados com destaque para o lançamento e recomendação de híbridos para comercialização e exportação. Nesse sentido, o objetivo desse trabalho foi avaliar 131 progênies F₄ por meio de fenotipagem digital de caracteres de interesse agrônômicos. A população utilizada no presente estudo foi obtida a partir do cruzamento entre duas linhagens UC-Sekati e UC-JS12 do Banco de Germoplasma do programa UENF/CALIMAN. As plantas foram conduzidas até a geração F₄ via método Single seed descende (SSD). O experimento foi implantado na área comercial da empresa Caliman Agrícola S.A., em Linhares, ES. As progênies foram avaliadas em três épocas via ensaio de avaliação com delineamento em blocos ao acaso com seis repetições e uma planta por parcela (single tree plot). As características avaliadas foram: altura de planta (AP), altura de inserção do primeiro fruto (AIPF), diâmetro do caule (DC), número de frutos comerciais e deformados (NFC e NFD), nós sem frutos (NSF), produção (PROD) e peso médio de fruto (PMF). Foram observadas diferenças significativas pelo teste F ($P < 0,01$) indicando que existe variabilidade genética para todas as características avaliadas. O coeficiente de variação experimental (CV_e) para as características AP, AIPF, DC e PMF foi inferior a 25%, indicando boa precisão experimental. As demais características apresentaram valores elevados de CV_e . Estes resultados são devido à grande variação destas características entre as épocas avaliadas e principalmente por serem caracteres bastante influenciados pelo ambiente. Os valores estimados para os índices de variação (I_v) variaram de 0,44 para as características NSF a 1,11 para PMF, indicando predominância da variação experimental sobre a variação genotípica. As estimativas de herdabilidade variaram de 53% (NSF) a 88% (PMF), sendo que para produtividade a herdabilidade foi de 62%. Devido a alta variabilidade encontrada, os genótipos avaliados mostraram-se promissores como fontes de progênies para a obtenção de novos cultivares de mamoeiro bem como potenciais genitores no desenvolvimento de futuros híbridos.

Palavras-chave: *Carica papaya* L.; melhoramento genético.

Agradecimentos: UENF; Capes; Faperj; CNPq; Caliman Agrícola S.A.

AVALIAÇÃO DA ESTERILIDADE DE VERÃO E DAS DEFORMAÇÕES DE FRUTOS DE MAMOEIRO DE UMA POPULAÇÃO BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE

Nádia Fernandes Moreira^{1*}; Telma Nair Santana Pereira¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes¹; Renato Santa Catarina¹; Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹; Messias Gonzaga Pereira¹

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). CCTA/LMGV. Campos dos Goytacazes-RJ. *E-mail do autor para correspondência: nadia_fernandesm@yahoo.com.br.

O programa de seleção recorrente (SR) da UENF visa ampliar a base genética da cultura do mamoeiro para desenvolvimento de cultivares que sejam produtivas e apresentem uma baixa frequência de anomalias florais. As anomalias florais como pentândria, carpeloidia e esterilidade de verão são comuns em mamoeiro, o que resulta em frutos deformados ocasionando uma queda na produção. Neste estudo, foi desenvolvido uma população base (C0), pelo cruzamento de cinco genitores femininos (M1, M2, M3, M4 E M5), advindos de uma população dioica e resistentes a Pinta-Preta, os quais foram polinizados por uma mistura de pólen de cinco genótipos elites, UC-SS72-12, UC-JS12, UC-Sekati, UC-36/7 e UC-41/7. Esta população constituirá a base para implementação da seleção recorrente de famílias endogâmicas. Assim, o objetivo deste trabalho foi de determinar a ocorrência de carpeloidia, pentândria e esterilidade de verão nessa população. O experimento, em um total de 260 plantas, foi instalado na empresa Caliman Agrícola S.A, localizada no município de Linhares, ES. Três meses após a sexagem foi feita a contagem do número de frutos carpeloides (NFC), pentândricos (NFP) e número de nós sem frutos (NSF). A esterilidade de verão foi estimada com base no NSF. As características avaliadas foram analisadas com o auxílio da técnica de fenotipagem digital, e as imagens foram processadas e analisadas com ajuda do software *ImageJ* v1.48. Essa primeira avaliação nos fornece resultados que permitem observar que a proporção da esterilidade de verão na população base foi de 65,37%, a de frutos carpeloides de 13,50% e a de pentândricos de 8,4%. Diante dos resultados obtidos pode-se inferir que a população base do C0 da seleção recorrente de famílias endogâmicas de mamão tende a uma frequência maior de esterilidade de verão, o qual consiste no principal problema da cultura em termos de anomalias florais.

Palavras-chave: *Carica Papaya*; Carpeloidia; Pentândria;

Agradecimentos: CAPES; UENF; Caliman Agrícola S.A

AValiação DA REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Tectona grandis* À *Olivia neotectonae*

Jeferson Gonçalves de Jesus^{1*}; Lucineia da Rocha Silva¹; Lucas Pereira da Silva¹; Guilherme Koch¹; Antonio Marcos Chimello²; Kelly Lana Araújo³

¹Discentes do curso de Agronomia – UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil. ²Doutorando em Melhoramento Vegetal pela UNEMAT. ³Docente do curso de Agronomia– UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil. *E-mail: jeferson_gjesus@hotmail.com

A teca (*Tectona grandis* L.f.) é uma espécie arbórea da família Lamiaceae e tem um elevado potencial para a região de Mato Grosso devido as condições climáticas serem semelhantes às dos países de origem na Ásia. Os primeiros plantios comerciais da Teca no estado de Mato Grosso foram no município de Cáceres, a partir de 1970. Um dos grandes obstáculos no cultivo de plantas exóticas, são os problemas fitossanitários. Dentre as doenças que ocorrem nesta espécie florestal, destaca-se a ferrugem que é causada pelo fungo *Olivea neotectonae*. Assim, este trabalho objetivou avaliar a reação de genótipos clonais de Teca ao fungo *O. neotectonae*. O presente trabalho foi desenvolvido no Campus Universitário de Cáceres da Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT. Foram avaliados 30 diferentes genótipos de Teca clonais selecionados em casa de vegetação, o delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições e cada parcela composta por três plantas. O inóculo foi obtido de folhas de Teca com sintomas de ferrugem coletados no município de Cáceres-MT. Após a inoculação foram selecionadas duas folhas do terço médio de cada planta e marcadas, identificando a folha 1 e 2. Nestas as avaliações foram feitas diariamente, sendo que a folha 1 foi avaliada até 20 dias após a inoculação (20 DAI) e a folha 2 até 32 dias após a inoculação (32 DAI), proporcionando dois períodos de avaliação. Os dados das características de resistência foram submetidos à análise de variância e sua significância testada pelo teste F a 1%, utilizando-se o programa GENES. As médias foram comparadas pelo método de agrupamento Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa apenas para os resultados obtidos a análise de variância da variável Área Abaixo da Curva de Progresso do Número de Pústulas (AACPNP) aos 20 DAI, enquanto que a mesma característica aos 32 DAI não foi significativa para diferenciação dos genótipos. Através do método Scott-Knott para AACPNP aos 20 DAI foi possível separar os 30 genótipos clonais de teca em dois grupos. O grupo considerado suscetível, onde as médias para AACPNP variaram de 0,388 a 0,953. Os demais genótipos foram agrupados em outro grupo, considerado resistente, com médias para AACPNP variando de 0,000 a 0,277. Ao se observar variabilidade na população, os genótipos que foram considerados resistentes podem ser utilizados em programas de melhoramento futuros visando a obtenção de genótipos superiores quanto à produção de madeira e controle de doenças.

Palavras-chave: Teca, Resistência Genética, Ferrugem.

AValiação DA RESISTÊNCIA DE *Passiflora cristalina* À PODRIDÃO DO COLO

Lucas Pereira da Silva^{1*}; Thalita Neves Marostega²; Michele de Moraes¹;
Daiani da Silva de Oliveira¹; Leonarda Grillo Neves¹; Ana Flávia Silva Amorim¹

¹Universidade do Estado de Mato Grosso. ² Universidade Federal de Mato Grosso.
*lucassilvapee@gmail.com

O Brasil é um dos principais centros de diversidade genético do gênero *Passiflora*, com cerca de 140 espécies nativas. Dentre os principais problemas fitossanitários que causam a baixa produtividade do maracujazeiro no estado de Mato Grosso, destaca-se a Podridão do colo, causada pelo fungo *Fusarium solani*. Algumas espécies silvestres têm grande potencial para contribuir com o melhoramento genético do maracujazeiro comercial, pois apresentam resistência a doenças. Assim o objetivo deste trabalho foi avaliar a susceptibilidade/resistência de *Passiflora cristalina* ao fitopatógeno *F. solani*. O experimento foi realizado em casa de vegetação do laboratório de Melhoramento de Plantas localizado na Universidade do Estado de Mato Grosso – UNEMAT, Campus de Cáceres. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com 4 tratamentos, 4 repetições e 5 plantas por parcela, onde os tratamentos utilizados foram: *P. edulis* e *P. cristalina* ambos com e sem inóculo. O isolado de *F. solani* utilizado como inóculo foi proveniente da micoteca da UNEMAT campus Cáceres coletado no bioma Amazônico. A reação das plantas inoculadas foram através da característica de expansão da lesão, sendo analisada o comprimento, largura, área da lesão, período da inoculação até a lesão atingir mais que 50% da circunferência do caule, período da inoculação até a lesão atingir 100% da circunferência do caule, área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão, área normatizada abaixo da curva de expansão da largura da lesão e área normatizada abaixo da curva de expansão do comprimento da lesão. Os dados foram submetidos à análise de variância, e as médias, comparadas pelo Teste Tukey a 5% de probabilidade, utilizando-se o programa Genes. A análise de variância revelou diferença significativa entre as médias das espécies avaliadas, a 1% de probabilidade, pelo Teste F, para as oito características de resistência. Comparando-se os dados pelo teste de média, observou-se que o tratamento *P. edulis* com inóculo, diferiu significativamente dos demais apresentando os maiores valores para as características analisadas, confirmando que *P. edulis* é susceptível ao patógeno *F. solani*. Entretanto, *P. cristalina* não apresentou diferença significativa ao tratamento sem inóculo, induzindo que a espécie possui maior resistência ao patógeno de solo *F. solani*, podendo seguir adiante no programa de melhoramento genético.

Palavras-chave: Maracujazeiro; *Fusarium solani*; Melhoramento Genético

AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE MAMOEIRO QUANTO À RESISTÊNCIA A DOENÇAS FOLIARES

Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri¹; Silvaldo Felipe da Silveira²; Marcelo Vivas²; Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹; Renato Santa Catarina¹; Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Messias Gonzaga Pereira²

¹ Estudante de Doutorado do Programa Genética e Melhoramento Vegetal da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). ² Docente da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), *tathianne_pastana@hotmail.com

Na busca de maior sustentabilidade na produção agrícola, o desenvolvimento de variedades resistentes a doenças é estratégia para se reduzir a vulnerabilidade de espécies com restrita base genética, como é o caso do mamoeiro (*Carica papaya*). A pinta-preta, causada pelo fungo *Asperisporium caricae*, e a mancha-de-phoma, causada pelo fungo *Stagonosporopsis caricae*, são doenças importantes na cultura do mamoeiro, pois provocam: necroses e desfolha; redução de área foliar, de produtividade, de qualidade e do valor comercial dos frutos. Com o objetivo de identificar linhagens endogâmicas resistentes às doenças acima, efetuaram-se cruzamentos entre os genótipos do grupo Formosa, Sekati x JS12, e as populações seguintes foram geradas segundo método SSD, até população F4, com a qual foi conduzido experimento em DBC, com 6 repetições, sendo avaliada uma planta por parcela, em campo experimental da empresa Caliman Agrícola S.A, Linhares-ES. Foram avaliadas 131 linhagens de mamoeiro derivadas desse cruzamento quanto à: incidência da pinta-preta em frutos; severidade da pinta-preta em folhas e frutos; incidência e severidade de mancha-de-phoma em folhas. As severidades foram estimadas visualmente com auxílio de escalas diagramáticas e as avaliações foram em 4 épocas do ano (nov/2015; mar, jun e set/2016). Pela ANOVA, observou-se efeito significativo de genótipos para ambas as doenças em folhas e em todas as épocas de avaliação. Com relação aos frutos, apenas a primeira época não apresentou efeito significativo de genótipos, pois a lavoura encontrava-se no início da frutificação. Os valores de herdabilidade variaram entre 40,4 e 64,9 para severidade da pinta-preta em folhas; entre 43,8 e 92,3 para severidade em frutos; entre 40,6 e 92,1 para severidade da mancha-de-phoma em folhas. Quanto às incidências, estas tiveram a herdabilidade variando de 13,5 à 95,7 para pinta-preta em folhas, entre 26 a 93,4 para pinta-preta em frutos, e de 33,4 a 95,9 para mancha-de-phoma em folhas. Os genótipos avaliados mostraram-se promissores como fontes de resistência a pinta-preta e mancha-de-phoma nas folhas e nos frutos. O avanço de gerações permitirá à seleção das linhagens que irão compor híbridos de mamoeiro mais resistentes as doenças.

Palavras-chave: *Asperisporium caricae*; *Stagonosporopsis caricae*; resistência.

AValiação DE HÍBRIDOS INTERMEDIÁRIOS E LINHAGENS S2 DE MILHO

Gabriela Inocente^{1*}; Pedro Mario de Araújo¹; Deoclécio Domingos Garbuglio¹;
Maria Angélica Marçola²; Mariana Brandalize Vespero¹

¹Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR). ²Universidade Norte do Paraná (UNOPAR).

*E-mail do autor para correspondência: gab_inocente@hotmail.com

Nos programas de melhoramento genético de milho a identificação de genitores com boa capacidade de combinação é uma estratégia fundamental para o sucesso no desenvolvimento de híbridos de alto desempenho. Já o desenvolvimento de híbridos a partir de Linhagens Parcialmente Endogâmicas (LPE), pode ser uma alternativa ao uso de híbridos duplos ou triplos de linhagens com endogamia completa. O objetivo deste trabalho foi avaliar um conjunto de híbridos de LPE obtidos através de predição realizada com base em um conjunto de cruzamento dialélico, entre linhagens S2 das populações de milho PC 0201 e PC 0202, e paralelamente a avaliação e caracterização dessas linhagens em ensaios de avaliação *per se*. O ensaio de LPE foi conduzido nas localidades de Londrina, Guarapuava e Santa Tereza do Oeste, Paraná, com 117 tratamentos, sendo 115 híbridos entre progênies S2 e dois híbridos simples comerciais como testemunha (2B 810 da Dow AgroSciences e DKB 290 da Dekalb). A avaliação de linhagens *per se* foi conduzida em Londrina e Santa Tereza do Oeste. Em ambos os ensaios, foram avaliados os caracteres: altura de planta e de espiga (AP e AE), acamamento (AC) e quebra de plantas (QB), estande (ST), número de espiga (NE), florescimento feminino (FF) e rendimento de grãos (REND). Em ambos experimentos utilizou o delineamento experimental de blocos ao acaso com duas repetições por local, a parcela foi constituída de uma linha de 5 metros de comprimento e cinco plantas por metro. Na avaliação dos híbridos, observou-se que em relação ao (REND), as testemunhas (média de 14.329 Kg/ha⁻¹) foram estatisticamente semelhantes (P<0,01) quando comparado aos dois híbridos LPE mais produtivos (média de 13.062 Kg/ha⁻¹), 91,2% da média em relação às testemunhas. Apresentando dados esperados com o uso de híbridos triplos, e obtendo um custo de semente menor que dos híbridos simples. Em relação à avaliação de linhagens *per se*, para o caráter REND, a média das linhagens S2 corresponderam a 63% da média das populações originais (PC 0201 e PC 0202) com produtividade média de 12.210Kg/ha⁻¹. Os dados obtidos evidenciam que as LPE em estudo, demonstram bom potencial para produção de sementes híbridas.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; Cruzamento dialélico; Produção de grãos.

AValiação de híBRIDOS PARA O DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES DE UVAS SEM SEMENTES NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia C. de Souza Leão¹; Witalo da S. Sales²; Michele M. C. de Lira¹; Dayane S. de Moraes¹; Edimara R. de Silva¹ e Francine H. Ishikawa²;

¹EMBRAPA SEMIÁRIDO, ²Campus de Ciências Agrárias, UNIVASF, Petrolina - PE*E-mail: patricia.leao@embrapa.br

Com a crescente demanda dos mercados consumidores por uvas de mesa sem sementes, os produtores do Vale do São Francisco necessitam de cultivares adaptadas as condições edafoclimáticas do semiárido brasileiro e que atendam aos padrões exigidos pelo mercado. A Embrapa tem buscado desenvolver cultivares de uvas de mesa que reúna características como produtividade elevada e um conjunto de atributos de qualidade. O objetivo do presente trabalho foi avaliar e selecionar híbridos de videira que se destaquem pela elevada produtividade, características de cacho compatíveis com os padrões comerciais e traços imperceptíveis de sementes. Dois experimentos foram realizados durante o ciclo de produção do 2º semestre de 2016, sendo um deles, no Campo Experimental da Embrapa Semiárido, em Juazeiro, BA (experimento 1) e outro em área comercial de empresa privada em Petrolina, PE (experimento 2). Os experimentos foram realizados em DBC, com três repetições no experimento 1 e quatro repetições no experimento 2. Foram utilizados 11 híbridos no experimento 1 e 6 híbridos no experimento 2, mais a cultivar comercial Sugraone como testemunha. As seguintes variáveis foram avaliadas: produção (kg.planta⁻¹), número de cachos por planta, massa (g), comprimento (cm) e largura do cacho (cm); massa (g), comprimento (mm) e largura da baga (mm); teor de sólidos solúveis ou SS (°Brix), acidez total ou AT (g ácido tartárico.100mL⁻¹), relação SS/AT, brotação (%) e índice de fertilidade de gemas (cachos.broto⁻¹). Aplicou-se o teste de comparação de médias de Scott-Knott a 5% de significância. No experimento 1, os híbridos apresentaram produção que variou de 4 a 18 kg.planta⁻¹, produtividade entre 8 a 30 t.ha⁻¹, de 19 a 122 cachos.planta⁻¹ e massa do cacho de 106 a 316 g. O teor de sólidos solúveis variou de 16 a 22 °Brix, a acidez total de 0,20 a 0,58 g.100mL⁻¹, e o índice de fertilidade de gemas de 0,09 a 0,93 cachos.broto⁻¹. No experimento 2, os híbridos apresentaram produção que variou de 9 a 25 kg.planta⁻¹, produtividade entre 13 a 35 t.ha⁻¹, de 24 a 47 cachos.planta⁻¹ e massa do cacho de 293 a 624 g. O teor de sólidos solúveis variou de 12 a 16 °Brix, a acidez total de 0,39 a 0,62 g.100mL⁻¹, e o índice de fertilidade de 0,25 a 0,53 cachos.broto⁻¹. Os híbridos de uvas sem sementes de cor branca CPATSA 15.06 e 15.04 destacaram-se para a maioria das variáveis avaliadas em ambos experimentos, evidenciando que podem ser considerados como híbridos promissores para a validação em áreas comerciais e tomada de decisão sobre o lançamento como nova cultivar de uva sem sementes.

Palavras-chave: melhoramento genético; uva de mesa; viticultura tropical

AValiação Fenotípica de uma População de Maracujá Doce (*Passiflora alata*. CURTIS) Seleccionada para Qualidade de Frutos

Lourdes Chavarría Pérez¹; Maria Lucia Carneiro Vieira^{1*}; João Ricardo Bachega¹; Antonio Augusto Franco Garcia¹

¹Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP/Piracicaba, SP/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: mlcvieir@usp.br.

O Brasil é o maior produtor mundial de maracujá, no ano de 2013, foram cultivados 58.089 hectares, com uma produção de 838.244 toneladas de frutos. As espécies mais cultivadas são o maracujá-azedo, que ocupa a maioria dos pomares e o maracujá-doce, o qual tem alcançado o triplo do valor do primeiro nos mercados motivos da expansão desta espécie. O sabor exótico dos frutos é atrativo para o consumo humano, seja *in natura* seja na forma de produtos processados, pelo que é desejável cultivá-lo em maior escala. Apesar da importância evidente da espécie, são raros estudos genéticos dirigidos a melhorar a cultura. Com esse panorama nosso grupo tem focado esforços visando o melhoramento da mesma, assim foi originada uma população de 100 indivíduos irmãos germanos a qual foi avaliada em dois locais, as análises indicaram os 30 melhores genótipos. Com o objetivo de sugerir uma estratégia de seleção visando à geração de uma população melhorada foi reavaliado o comportamento dos genótipos superiores em diferentes ambientes. A população do presente estudo é constituída pelos 30 genótipos selecionados e os genitores SV3 e 2(12). O experimento foi conduzido em dois locais, Anhumas, SP (2014-2015 e 2015-2016) e Piracicaba, SP (2015-2016). Foram avaliados os caracteres relativos à qualidade de frutos: peso (PF), diâmetro (DF), peso da casca (PC), comprimento (CF), espessura da casca (EC), teor de sólidos solúveis (SS) e peso da polpa (PP). Foi empregada a abordagem de modelos mistos e investigadas estruturas para as variâncias e covariâncias genéticas. Foram estimadas as variâncias genética e fenotípica, herdabilidades e coeficientes de variação. Os resultados mostraram que a precisão nos diferentes experimentos foi boa tratando-se de uma cultura semi-perenne, apresentando valores de 5,3% (SS) até 22,6% (PP). Os valores de herdabilidade foram relativamente altos para todos os caracteres variando de 0,45 (PF) a 0,94 (EC), valores que favorecem a seleção de indivíduos. Além disso, com base nas estimativas da correlação de Pearson, observou-se uma tendência linear alta positiva entre os caracteres: PF e PC (0,98), PF e DF (0,93), DF e PC (0,90), EC e PC (0,80) e PF e EC (0,76). Com as informações obtidas a partir deste estudo será realizada uma seleção empregando um índice de seleção multiplicativo, gerando uma população que poderá ser empregada tanto para plantio comercial como para futuros programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Passiflora alata*; análise fenotípica; modelos mistos

Agradecimentos: FAPESP, CAPES, CNPq.

AValiação GENÉTICA DE PROGÊNIAS DE *Pinus elliotti* NO SUL DE MINAS GERAIS

Erick Martins Nieri^{1*}; Olavo Anibal de Almeida¹; Generci Assis Neves², Elisa de Souza Siqueira¹, Renato Luiz Grisi Macedo¹, Lucas Amaral de Melo¹.

¹Universidade Federal de Lavras. ²Empresa Resineves Agroflorestal LTDA. * E-mail do autor para correspondência: erickenieri@yahoo.com.br.

No Brasil, o *Pinus elliotti* var *elliotti* está inserido no sul e sudeste para produção de madeira e extração de resina. No entanto, em Minas Gerais existe uma carência de estudos com a espécie e, principalmente, de materiais genéticos indicados, o que mostra a necessidade de incentivar programas de melhoramento genético. Desta forma, o objetivo foi realizar uma avaliação preliminar de um teste de progênies de *Pinus elliotti* var. *elliotti*, com intuito de indicar possíveis materiais genéticos mais adaptados à região sul de Minas Gerais. O teste consistiu de 13 progênies em delineamento de blocos casualizados, em 30 repetições com uma planta por parcela, em arranjo de 3 x 3 m. O teste foi implantado em agosto de 2015, na Fazenda Experimental Palmital da Universidade Federal de Lavras, situada no município de Ijaci, sul de Minas Gerais, clima Cwa em um Latossolo Vermelho-vermelho. Para reduzir os efeitos ambientais, foram plantadas mudas da mesma espécie em duas linhas de plantio ao redor de todo o experimento, como bordadura. Os caracteres altura total (H) e diâmetro à altura do solo (DAS) foram avaliados, aos 18 meses após o plantio. A partir dos dados obtidos, procedeu-se a uma análise genética por meio do método REML/BLUP, utilizando o software SELEGEN REML/BLUP. Com base nos resultados, verificou-se que as estimativas de herdabilidade média das progênies, foram altas, com H (0,70) e DAS (0,80), assim como as acurácias, também foram expressivas para as duas variáveis, com H (84%) e DAS (89%), apontando alto grau de confiabilidade dos resultados. Com 20% de intensidade de seleção as progênies selecionadas apresentaram ganho em DAS de 30,54% e em altura de 15,90%. Concluiu-se, portanto, que já é possível verificar a existência de variabilidade genética entre as diferentes progênies, avaliadas aos 18 meses após o plantio, permitindo uma avaliação preliminar para possíveis seleções. Até o momento da avaliação, as progênies que mais se destacaram dentre as 13 testadas, considerando altura e diâmetro à altura do solo foram a P-02 e P-04.

Palavras-chave: Resina; Condições edafoclimáticas; Seleção precoce.

Agradecimentos: Os autores agradecem o apoio da FAPEMIG e empresa Resineves Agroflorestal LTDA.

CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE SEMENTES ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS ENTRE PLANTAS DE MACAÚBA DE DIREFERENTES ECOTIPOS

Thaís Cristina Silva¹; Emiliano Henriques¹; Vanessa Queiroz¹; Geís Ferreira Neves¹; Antônia Maiara Marques do Nascimento¹; Sebastián Giraldo Montoya¹; Sérgio Yoshimitsu Motoike¹

¹Laboratório de Pós Colheita de Macaúba, Setor Fruticultura, Universidade Federal de Viçosa (UFV) - Viçosa-MG/Brasil. *thais_cristina88@yahoo.com.br

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é uma palmeira nativa de maior dispersão no território nacional. Os frutos são ricos em óleo o qual pode ser utilizado na indústria cosmética, alimentícia e de biocombustível. A macaúba encontra-se em processo de domesticação, com estudos ainda incipientes na área de melhoramento genético. Faz-se necessário aprimorar o conhecimento sobre a biologia reprodutiva e a obtenção de sementes, proporcionando a avaliação da compatibilidade entre cruzamentos de plantas auxiliando o melhoramento da espécie a fim de elevar a diversidade genética e otimizar o desempenho produtivo. Objetivou-se analisar as características morfológicas de sementes oriundas dos cruzamentos entre plantas de ecotipos diferentes. No BAG-Macaúba da Rede Macaúba de Pesquisa da UFV (REMAPE/UFV) foram realizadas hibridações entre três tipos de famílias contrastantes com origem em MG, SP e MS, autofecundação, polinização fechada e aberta (controle). Avaliou-se as sementes dos frutos provenientes dos cruzamentos: MGxMS, MGxMG, SPxMS, SPxMG, SPxSP e MSxMS; a autofecundação MG-auto, MS-auto e SP-auto; e a polinização aberta e fechada: SPPA, MSPA e SPPF. O experimento foi disposto em DIC delineamento com 12 tratamentos e 3 repetições. Foram avaliados os caracteres: comprimento (referencial para medição o opérculo) e largura das sementes. As médias foram comparadas pelo teste de média tukey ($p < 0,05$) através do software R. O comprimento das sementes dos tratamentos SPCA (16,33mm), SPxSP (14,8mm) e MGxMS (13,69mm) não diferiram estatisticamente. Porém, o comprimento das sementes do SPCA foram em média 9,4% e 16,16% maiores em relação às sementes dos cruzamentos SPxSP e MGxMS. O MSxMS apresentou 32% mais largo (18,4mm). As sementes dos cruzamentos em que a planta-mãe era de MS apresentaram um aspecto rugoso na superfície, as demais apresentaram a superfície lisa. As sementes dos tratamentos SPPA, MSaut, MSPA, MSxMS apresentaram tonalidade marrom escuro, enquanto o MGxMS, MGxMG e MGaut apresentaram tonalidade marrom intermediária, e os demais uma tonalidade marrom clara. Os cruzamentos que incluíam material de MS (tanto como receptora quanto doadora de pólen) apresentaram diferença nos parâmetros avaliados. Este trabalho se faz pioneiro na avaliação destas características e indica à necessidade de continuação das análises para incrementar a diversidade genética e a obtenção de sementes F1's para contribuição do programa de melhoramento de macaúba.

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*; híbridos; sementes.

Agradecimento: Capes, CNPq e Fapemig.

CARACTERÍSTICAS PARA A SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE EUCALIPTO TOLERANTES E SUSCETÍVEIS A SECA DE PONTEIROS ASSOCIADA AO DÉFICIT HÍDRICO

Natália Machado Silva^{1*}; Samyra Alves Condé²; Thais Roseli Corrêa¹;
Washington Luiz Pereira²; Leonardo Oliveira Araújo²; Edgard Augusto de
Toledo Picoli²

¹Universidade Federal de Viçosa – Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. ²Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Biologia Vegetal.
*E-mail do autor para correspondência: natalia.m.silva@ufv.br

O déficit hídrico é um fator abiótico que pode ser intensificador da seca de ponteiros em eucalipto, distúrbio fisiológico caracterizado pela seca de ápices de galhos, ramos da haste principal e, incidência de lesões ou minicancros nas inserções dos ramos e folhas. Alguns clones de eucalipto são considerados tolerantes e outros suscetíveis a este distúrbio, porém, estas classificações são baseadas em informações empíricas de ocorrência da seca de ponteiros em áreas comerciais. Até o momento, não há uma metodologia para seleção de material tolerante de modo a auxiliar os programas de melhoramento. Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar parâmetros genéticos de características fisiológicas, morfológicas e nutricionais candidatas a marcadores fenotípicos para seleção precoce a seca de ponteiros relacionada ao déficit hídrico em 22 clones comerciais de eucalipto de quatro empresas ligadas à área florestal. Dentre estes clones, optou-se pela manutenção de genótipos divergentes quanto a tolerância à seca de ponteiros e ao déficit hídrico. As estimativas dos parâmetros genéticos de todas as características foram obtidas pela metodologia de modelos mistos, procedimento REML/BLUP. O déficit hídrico foi simulado em mudas de eucalipto conduzidas em casa de vegetação. A simulação do estresse hídrico foi realizada por 12 semanas, por meio da aplicação de polietileno glicol em diferentes concentrações e por meio da limitação de água aplicada em mudas com 110 dias de idade. Foram avaliadas 26 variáveis fisiológicas, morfológicas e nutricionais, a fim de selecionar as mais promissoras para seleção precoce a seca de ponteiros associada ao déficit hídrico. Dentre as características avaliadas, a altura da planta, incremento em diâmetro do caule, teores de Ca, Mg, S, Cu, Fe, Zn, Mn, B e condutância estomática, foram as que apresentaram herdabilidade significativa e acurácia elevada. Foram identificadas características promissoras a marcadores fenotípicos em clones tolerantes a seca de ponteiros e ao déficit hídrico, as mesmas poderão ser utilizadas na seleção precoce em programas de melhoramento genético de eucalipto. Apoio: FAPEMIG e SUZANO.

Palavras-chave: estresse abiótico, marcadores fenotípicos, distúrbio fisiológico.

CARACTERIZAÇÃO BROMATOLÓGICA DOS FRUTOS DE GENÓTIPOS DE GOIABEIRAS

Sara Maria Andrade Pereira^{1*}; Mylena Gonçalves Raymundo²; Jéssika Santos de Oliveira²; Jaqueline Rodrigues Cindra de Lima Souza²; Lidiane Gomes Dos Santos¹; Tércio da Silva Souza²; Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. ²Instituto Federal do Espírito Santo. *E-mail do autor para correspondência: saramape@yahoo.com.br

A goiabeira (*Psidium guajava* L.) vem proporcionando incrementos significativos na renda brasileira, devido a sua flexibilidade na época de produção de frutos, os quais apresentam características de interesse comercial. A caracterização da qualidade dos frutos é uma das perspectivas dos programas de melhoramento da goiabeira observando que os fins que as se destinam dependem de suas características físicas, físico-químicas e químicas, peculiares a cada cultivar. Objetivou-se com esse trabalho caracterizar bromatologicamente frutos de diferentes genótipos de goiabeiras. Foram estudados: as Cortibeis, genótipos selecionados de pomar de polinização cruzada; e as variedades comerciais Pedro Sato, Século XXI, Petri e Roxa. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com quatro repetições, cada repetição com uma parcela composta de duas plantas. Em laboratório foram realizadas as análises de: Umidade; pH; Acidez Total; °Brix; e Vitamina C. Os genótipos foram comparados por teste de agrupamento de medias Scott-Knott, a nível de 5% de probabilidade, utilizando-se o programa R. As análises bromatológicas realizadas nas polpas de goiaba, revelaram que os genótipos C1; C3; C4; C5; C7; C9; C11; C12; C14; e Século XXI atenderam ao valor de pH exigido pela Instrução Normativa n° 1 de 7 de janeiro de 2000, Regulamento Técnico Geral para Fixação dos Padrões de Identidade e Qualidade para Polpa de Fruta (PIQ), que estabelece no mínimo 3,5 e no máximo 4,2. Quanto à acidez total em ácido cítrico observou-se, nos genótipos C1; C2; C4; C5; C9; C13; C14; Pedro Sato e Século XXI, que estão dentro do padrão permitido no PIQ que é valor próximo ao mínimo permitido por lei de 0,40g/100g. Com relação aos teores de sólidos solúveis totais, as amostras C4; C6; C8; Petri; Pedro Sato; Roxa e Século XXI atenderam ao padrão permitido pela legislação que impõe um mínimo de 7° Brix. Pode-se constatar que alguns genótipos de goiabeira não atenderam às exigências de valor estabelecido pelo PIQ, em relação ao pH, acidez, sólidos solúveis totais e Vitamina C. Houve diferença significativa entre os genótipos estudados para todas as características analisadas.

Palavras-chave: Biometria; Qualidade da polpa; melhoramento

Agradecimentos: FRUCAFÉ, UFES, FAPES, CAPES e CNPq.

CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL PRODUTIVO DA MACAÚBA (*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd ex Mart.)

Luan Filipe Salvador de Lima; Luiz Henrique Chorfi Berton; Joaquim Adelino de Azevedo Filho; Fábio Dias Melo Carvalho; Carlos Augusto Colombo

Instituto Agronômico de Campinas (IAC) - Centro de Recursos Genéticos Vegetais.
sluan.flima@gmail.com

A palmeira macaúba (*Acrocomia aculeata*) é uma espécie nativa das Américas Tropical e Subtropical, com ampla ocorrência no território brasileiro. É uma palmeira oleaginosa que, historicamente, vem sendo utilizada regionalmente como fonte de energia, produção de sabões, alimentação humana e de animais. O Instituto Agronômico de Campinas iniciou atividades de caracterização agromorfológica, seleção de matrizes e avaliação de progênies em campo visando à criação de cultivares comerciais. A avaliação da produção de cachos é um dos principais descritores para seleção dos genótipos superiores, já que permite estimar o potencial produtivo. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar o potencial produtivo de frutos em cinco populações dos municípios de Cajuru, Dourado, Itapira e Rifaina, em SP e Luz, MG. Foram avaliadas 16 plantas e obtida a média da massa fresca de 100 frutos por cacho, o número de ráquias por cacho, o número de cicatrizes das flores femininas nas ráquias e o número de frutos por cacho. A massa fresca do fruto (g) foi de 37, 32, 26, e 33 para os municípios de Cajuru-SP, Dourado-SP, Itapira-SP e Rifaina-SP, respectivamente, e de 29,5 em Luz-MG. O número de ráquias.cacho⁻¹ nas plantas avaliadas foi 166, 200, 242 e 190 para Cajuru-SP, Dourado-SP, Itapira-SP e Rifaina-SP, respectivamente e 215 em Luz-MG. O número de cicatrizes das flores femininas nas ráquias pode indicar a capacidade produtiva, pois cada flor feminina representa um fruto em potencial. A média de cicatrizes das flores femininas por cacho foi de 809, 600, 1065 e 750 em Cajuru-SP, Dourado-SP, Itapira-SP e Rifaina-SP, respectivamente e de 760 em Luz-MG. Dessa forma, o potencial produtivo médio para Cajuru-SP seria de 29kg.cacho⁻¹, contra os 11kg.cacho⁻¹ obtidos. Em Dourado-SP, a produção poderia chegar aos 19kg.cacho⁻¹, 10 kg a mais que a média coletada. Para as plantas de Itapira-SP a produção seria de 35 kg.cacho⁻¹, 25kg a mais do que a média coletada. Em Rifaina-SP, o potencial produtivo obtido foi de 19kg.cacho⁻¹, 7kg a mais que os 12kg.cacho⁻¹ obtidos. Em Luz-MG poderia ser produzido 22kg.cacho⁻¹ ao invés dos 11kg.cacho⁻¹ colhidos. A diferença entre a produção obtida e a esperada pode ser explicada por fatores como o clima, a fertilidade, a disponibilidade de polinizadores na região e a distância entre as flores na ráquila e, conseqüentemente, ao espaço para desenvolvimento dos frutos. Portanto, o número de cicatrizes de flores femininas é bastante variável na espécie e poderia ser adotada para identificação e seleção de plantas de maior potencial produtivo na espécie.

Palavras-chave: Seleção; óleo vegetal; melhoramento vegetal

CARACTERIZAÇÃO E VALIDAÇÃO DE LOCOS MICROSSATÉLITES NO GENOMA DE *Handroanthus impetiginosus* E AMPLIFICAÇÃO CRUZADA EM ESPÉCIES RELACIONADAS

Camila Amaro dos Santos^{1*}; Bruno César Rossini^{1,2}; Beatriz Papin Fabrin¹;
Juliana Pereira Bravo³, Edvaldo Aparecido Amaral da Silva³, Mario Luiz
Teixeira de Moraes⁴, Celso Luis Marino¹

¹ Instituto de Biociências - Unesp, Botucatu, São Paulo, Brasil. ² Instituto de Biotecnologia - Unesp, Botucatu, São Paulo, Brasil. ³ Faculdade de Ciências Agrônomicas - Unesp, Botucatu, São Paulo, Brasil. ⁴ Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - Unesp, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil. *camilaamaro912@gmail.com.

Handroanthus impetiginosus, popularmente conhecida como ipê-roxo, é uma espécie nativa pertencente à família Bignoniaceae com grande importância econômica e ecológica devido à qualidade de sua madeira, sendo utilizada também na medicina popular, em paisagismo como árvore ornamental pela exuberância de suas flores e também em programas de recuperação de áreas degradadas. No entanto, esta espécie vem sofrendo com a ação antrópica, com diminuição em áreas de ocorrência natural, fazendo-se necessários estudos para a conservação de espécies nativas. Neste contexto, o uso de técnicas moleculares auxilia na disponibilização de informações para programas de melhoramento genético e fins de conservação. Este estudo teve por objetivo desenvolver *primers* específicos do tipo microssatélites, a partir de uma corrida RADseq (plataforma Illumina), para a análise da diversidade genética da população proveniente de um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da CESP de Rosana-SP e testar a transferabilidade dos locos em outras espécies do gênero *Handroanthus*. O DNA genômico foi extraído de amostras foliares de 10 indivíduos da espécie *H. impetiginosus* e dois indivíduos para cada espécie diferente do mesmo gênero (*H. avellanadae*, *H. roseoalba* e *H. albus*). Foram testados cinco conjuntos de *primers* (Ipê26, Ipê27, Ipê28, Ipê29 e Ipê30) em todas as espécies citadas. Dos cinco *primers* testados em *H. impetiginosus*, apenas um não funcionou (Ipê30), três (Ipê26, Ipê28 e Ipê30) são polimórficos e um é monomórfico em gel de agarose 3%. Para as outras espécies: o loco Ipê26 amplificou nas três espécies relacionadas, Ipê28 apenas em *H. roseoalba* e *H. albus* e Ipê29 somente para *H. albus*. Posteriormente estes locos serão genotipados em sequenciador automático para caracterização populacional, bem como serão testados novos locos para a espécie. Estes locos testados serão utilizados em estudos futuros para estimar os parâmetros genéticos da população de *H. impetiginosus* pertencentes ao BAG visando fornecer subsídios para melhores estratégias de conservação do gênero.

Palavras-chave: ipê; conservação genética; marcadores microssatélites.

COMPARAÇÃO DE DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR

Danilo Eduardo Cursi^{1*}; Rodrigo Gazaffi^{1,2}, Antonio Ribeiro Fernandes Júnior^{1*}, Roberto Giacomini Chapola¹, Hermann Paulo Hoffmann^{1,2}; Antonio Augusto Franco Garcia³

¹Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar - RIDESA/UFSCar.

²Universidade Federal de São Carlos, Araras/SP. ³Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba/SP. *danilocursi@gmail.com

O presente trabalho teve por objetivo avaliar o ganho de seleção predito (GS_p) adotando diferentes estratégias na primeira fase de melhoramento da cana-de-açúcar. A população utilizada neste estudo foi amostrada dentre 92 cruzamentos de irmãos-completos. O delineamento estatístico foi em blocos casualizados, com quatro repetições, sendo cada família representada por um total de 80 plântulas. O experimento foi instalado no Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFSCar, no município de Araras, SP. No estágio de cana-planta, coletaram-se as informações fenotípicas em nível de indivíduo e de família para produtividade (toneladas de colmos por hectare - TCH). Para a predição dos valores genotípicos e ranqueamento das famílias foi adotada a abordagem de modelos mistos, permitindo a modelagem da variação residual (matriz R); a escolha da melhor estrutura foi considerada a partir dos critérios de AIC e BIC. As análises foram realizadas utilizando o software *GenStat*. De posse dos valores genotípicos preditos entre famílias, aplicaram-se três formas de seleção, denominadas BLUP individual ($BLUP_i$), seleção dentro das melhores famílias através dos procedimentos BLUP individual simulado ($BLUP_{is}$) e seleção sequencial australiana ($BLUP_{seq}$). Para o método de seleção via $BLUP_i$, considerando o caráter TCH, o ganho esperado com a seleção foi de 6,4%. Por outro lado, para o procedimento $BLUP_{is}$ a seleção dos indivíduos concentrou-se, basicamente, dentro de 45 famílias e observou-se que o número de indivíduos a serem selecionados dentro das famílias decresceu à medida que o valor genotípico se aproximou de zero, sendo a intensidade de seleção estimada de 8,9% e o ganho predito com a seleção de 9,3%. Por fim, a metodologia $BLUP_{seq}$ indicou a seleção de 720 indivíduos dentro das 36 famílias com maiores valores genotípicos. Isto representa uma intensidade de seleção de 9,8%, com diferencial de seleção de 20 toneladas de colmos por hectare, e um ganho de seleção predito de 11,3%. Dadas as vantagens da seleção sequencial australiana, este método pode ser recomendado em situações práticas. Por outro lado, apesar do método $BLUP_i$ ser considerado o melhor procedimento de seleção por orientar os melhores indivíduos a serem selecionados entre e dentro da população, o baixo valor de herdabilidade para o caráter em questão não permitiu um ganho de seleção predito superior aos demais métodos; além disso, a metodologia apresenta dificuldades práticas de implementação.

Palavras-chave: *Saccharum* spp.; Ganho de seleção predito; Modelos mistos

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE SELEÇÃO DE *EUCALYPTUS* SPP. EM TESTES CLONAIS POR MEIO DO SOFTWARE SELEGEN

Talitha Casella Moreira de Freitas^{1*}; Rodolfo Manuel Lemes da Costa²; Celso Luis Marino¹; Iraê Amaral Guerrini¹, Tayza Karpozicz³

¹Unesp. ²Aperam. ³Grupo Jari. *E-mail do autor para correspondência: talitha.casella@gmail.com

Estudar a estabilidade de um fenótipo pode fornecer informações relevantes na determinação de interações entre genótipo e ambiente. O objetivo do trabalho foi identificar clones melhor adaptados presentes em um teste clonal que atendessem ao zoneamento ecológico na áreas do Grupo Jari. Os testes foram implantados no distrito de Monte Dourado, PA. Na região é encontrado clima tropical monçônico (Am), com precipitação anual entre até 2.500mm. O teste clonal foi implantado em blocos casualizados com três repetições, foram testados 23 clones e duas testemunhas em três solos distintos: latossolo amarelo ácrico (A), latossolo amarelo (B) e argissolo vermelho aluminico ou distrófico (C). Para as análises foi utilizado os métodos de seleção individual (modelo 02), seleção conjunta (modelo 03) e estabilidade e produtividade (MHPRVG), modelo 51 do software Selegen. A herdabilidade dos clones testados foi satisfatória tanto na análise individual (0,26; 0,24; 0,22, para local A, C e B) quanto para a análise conjunta (em torno de 0,20), indicando um bom controle genético para a característica IMA (m³/ha.ano). Os coeficientes de efeitos de parcela (0,04; 0,10; 0,09, nos locais A, B e C) foram baixos, assim como os coeficientes de variação residual em todas as análises. A disponibilidade de clones foi de 13% dos clones melhores adaptados para solo B, 20% deles para solo A e 67% melhores adaptados para solo C. Na análise conjunta a correlação genotípica entre ambientes não indicou um relação complexa entre ambiente e genótipo (0,79). Quando utilizado o método de análise por estabilidade, adaptabilidade e produtividade percebe-se que a disponibilidade de materiais genéticos adaptados a mais de um ambiente diminui, se comparado às demais A herdabilidade genotípica mostrou-se satisfatória em todos os testes realizados. Esse parâmetro assegura elevado controle genético da expressão da característica avaliada. A análise MHPRVG foi coerente, porém nota-se descarte de material genético que tem bom desempenho em áreas específicas e perde-se o melhor desenvolvimento em cada local. Esse descarte não é interessante para a formação do mosaico florestal uma vez que os materiais genéticos disponíveis seriam limitados àqueles que tem ótimo desempenho em total os locais de plantio. Formar um mosaico intercalando materiais genéticos diferentes, em áreas potenciais de plantio torna-se interessante na manutenção da sustentabilidade do plantio.

Palavras-chave: *Eucalyptus* spp., melhoramento genético, característica quantitativa

Agradecimentos: ao Grupo Jari pela oportunidade e autorização para publicação dos dados.

COMPONENTES PRIMÁRIOS E SECUNDÁRIOS DA PRODUTIVIDADE DE CAFÉ BENEFICIADO DE *Coffea canephora*

Victor Mouzinho Spinelli^{1*}; Marcos Santana Morais¹; Darlan Sanches Barbosa Alves¹; Carolina Augusto de Souza¹; Karine Marques Rodrigues¹; Josemar Dávila Torres¹; Rodrigo Barros Rocha¹

¹Embrapa, Porto Velho, Rondônia, Brasil. *Autor para correspondência: mouzinhovs@yahoo.com.br

O café pertence ao gênero *Coffea* que possui mais de 120 espécies, sendo duas produzidas comercialmente, o *Coffea arabica* e o *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. A espécie *C. canephora* representa cerca de 35% da produção e da comercialização mundial de café. A produtividade do café, depende tanto do genótipo, quanto do ambiente e dos tratos culturais, uma vez que o desempenho produtivo é influenciado por diversas características da planta que estão correlacionadas entre si com a variável principal. O objetivo deste trabalho foi quantificar os efeitos diretos e indiretos de características morfológicas sobre a produtividade de café beneficiado de *C. canephora*, visando a fornecer subsídios para o melhoramento genético dessa espécie. Para isso foi instalado um experimento no campo experimental da Embrapa Rondônia no município de Ouro Preto do Oeste-RO, situado nas coordenadas 10°44'53"S e 62°12'57", para avaliação de 130 genótipos (clones), com características das variedades botânicas Conilon, Robusta e híbridos intervarietais. Nos anos agrícolas 2013-2014 e 2014-2015 foram avaliados as características, número de dias para maturação dos frutos (NDIAS), altura de planta (ALT), número ramos plagiotrópicos (NPLAG), número de rosetas por ramo (NROS), comprimento ramos plagiotrópico (CPLAG), número de grãos por roseta (GROS), distância entre rosetas (DROS), produtividade (PROD) e peneira média (PM). O delineamento experimental foi em de blocos ao acaso com quatro blocos e quatro plantas por parcela, com espaçamento de 3,5 x 1,5 metros entre e dentro de plantas. Diferenças significativas foram encontradas para as características analisadas de acordo com o teste F a 5%, permitindo inferir a existência de variabilidade genética entre os clones avaliados. A estimativa do coeficiente de determinação da análise de trilha (R^2) foi de 60% na primeira colheita e 45% na segunda colheita da variação das variáveis dependente (produção de café beneficiado) explicada pelas variáveis utilizadas no diagrama causal. Esses resultados evidenciam que é possível selecionar plantas que agreguem um conjunto de características favoráveis, baseado no estabelecimento de um modelo ideal para *C. canephora*.

Palavras-chave: *Coffea canephora*; diagrama de causa e efeito; produtividade

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café (CBP&D/Café), a Fundação de Rondônia de Amparo ao Desenvolvimento das Ações Científicas e Tecnológicas e à Pesquisa do Estado de

Rondônia (FAPERO) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

CORRELAÇÕES CANÔNICAS PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E QUALIDADE DE FRUTOS DE MARACUJAZEIRO VIA BLUP

Beatriz Murizini Carvalho¹; Alexandre Pio Viana²; Natan Ramos Cavalcante³;
Paulo Ricardo dos Santos³

¹Doutoranda em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. ²Professor do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF. ³Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF. *E-mail do autor para correspondência: b.murizini@yahoo.com.

Existem várias técnicas para o estudo de associação entre caracteres que são de grande importância para programas de melhoramento, dentre elas, o uso das correlações canônicas permitem agrupar variáveis de interesse de forma que as associações entre os grupos possibilitem a seleção indireta de caracteres. Esse trabalho teve como objetivo realizar a análise de correlação canônica para verificar as associações existentes entre os grupos de caracteres produtivos, agronômicos e de qualidade do fruto em uma população de seleção recorrente intrapopulacional de maracujazeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF via procedimento BLUP. O experimento foi realizado na área experimental da UENF, no município de Itaocara, região Noroeste Fluminense. Foram obtidas e avaliadas 23 progênies de meios-irmãos do quarto ciclo de seleção recorrente intrapopulacional da UENF, em delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições e três plantas por parcelas. Foi realizada a análise de correlação canônica para os caracteres produtivos (Número, massa e produtividade dos frutos), agronômicos (Comprimento e diâmetro de frutos, espessura da casca e porcentagem da polpa); e qualidade de frutos (Brix^o e pH). As correlações canônicas foram obtidas a partir das correlações genéticas advindas dos valores genotípicos preditos pelo BLUP. A análise de correlação canônica indicou que as associações por meio dos coeficientes dos pares canônicos foram não significativas. Os três coeficientes dos pares canônicos obtidos entre caracteres produtivos e agronômicos foram não significativos, com correlações canônicas de $r = 0,669$, $r = 0,550$ e $r = 0,235$ respectivamente. E os dois coeficientes dos pares canônicos obtidos entre caracteres de qualidade e produtivos; e qualidade e agronômicos também foram não significativos, com correlações canônicas de $r = 0,488$, $r = 0,154$, $r = 0,660$ e $r = 0,443$ respectivamente. As correlações canônicas não foram eficientes para explicar as correlações existentes intragrupos entre os caracteres agronômicos, produtivos e de qualidade dos frutos, ou seja, pode-se inferir que os grupos considerados são independentes e não podem ser utilizados na seleção indireta. Com isso, não é possível identificar caracteres promissores para o aumento de produtividade que sejam indicativos de qualidade de frutos nesta população de seleção recorrente intrapopulacional.

Palavras-chave: Seleção recorrente intrapopulacional; *Passiflora edulis*

Agradecimentos: FAPERJ, CNPq, UENF.

CRUZAMENTO DIRIGIDO EM MACAÚBA - *Acrocomia aculeata*

Luiz Henrique Chorfi Berton^{1*}; Fábio Dias Melo Carvalho¹; Joaquim Adelino de Azevedo Filho¹; Luan Filipe Salvador¹; Carlos Augusto Colombo¹

¹Instituto Agronômico de Campinas – Centro de Recursos Genéticos Vegetais.
*Ihmantiqueira@gmail.com

A crescente demanda mundial por óleos vegetais deverá levar ao aumento do plantio de oleaginosas. Praticamente 122 (65%) das 187 milhões de toneladas atuais de óleo vegetal produzidos no mundo derivam de apenas duas fontes, palma e soja. Portanto, a diversificação da matéria prima para produção de óleo vegetal é estratégica, devendo ser economicamente competitiva e apresentar índices técnicos de sustentabilidade superiores aos da palma e da soja. Nesse contexto a macaúba (*Acrocomia aculeata*), uma palmeira americana, apresenta produtividade e qualidade do óleo semelhante à da palma, com ocorrência espontânea em ampla gama de ambientes e ser pouco exigente por água. Porém, é uma planta incipientemente domesticada, com programas de melhoramento na fase inicial. No IAC (Instituto Agronômico de Campinas), genótipos superiores vêm sendo identificados em populações naturais e suas progênes avaliadas em diferentes ambientes. No entanto, a realização de cruzamentos dirigidos entre genótipos de características importantes e complementares para a concentração de alelos desejáveis nas suas progênes é prioridade do programa de melhoramento genético do IAC. Assim, foram realizadas 27 fecundações no ano agrícola de 2016/2017, sendo 19 cruzamentos (convergentes e divergentes) e oito autofecundações. Foram adotados doze genótipos de duas populações naturais do estado de São Paulo como receptores de pólen. Os doadores eram provenientes de três populações do estado de São Paulo e duas do estado de Minas Gerais. Com vistas à compreensão da compatibilidade dos genótipos envolvidos nos cruzamentos e autofecundações, foram monitoradas em cada cruzamento a porcentagem de pegamento de frutos em cada fecundação; número total de frutos por cruzamento e polinizadores. Até os dois meses após a fecundação ocorreu abortamento de frutos. Foram obtidos 2.441 frutos provenientes das fecundações. As maiores taxas de pegamento (acima de 80%) foram encontradas nos cruzamentos convergentes, isto é, em que ambos, doador e receptor de pólen, eram provenientes da mesma população. Taxa de pegamento acima de 50% foi observada apenas quando o doador e o receptor de pólen eram provenientes do estado de São Paulo. Por outro lado, menores taxas de pegamento foram obtidas entre parentais divergentes, com distâncias entre os genótipos acima de 500km. Foi obtido sucesso de pegamento em autofecundações de 5 dos 8 genótipos testados, demonstrando que a espécie, preferencialmente alogâmica, não deve apresentar barreiras de total autoincompatibilidade. Foi observado a presença em maior abundância de coleópteros do gênero *Andranthobius* sp.; *Phyllotrops* sp. e *Mystrops* sp., possivelmente sendo os mais importantes na ecologia de polinização da espécie. Agradecimentos: À Fapesp pela bolsa de pós-doutorado de L.H.C.B. e pelo Auxílio à Pesquisa. Ao CNPq pela bolsa de produtividade de C.A.C.

Palavras-chave: Melhoramento genético; polinização; óleo vegetal.

DESEMPENHO EM CRESCIMENTO DE ESPÉCIES DO GÊNERO *Pinus* spp. E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS

Julio Cesar Soares¹; Lucas Moura de Abreu²; Helmut Schuckar³; Aida Sanae Sato⁴; José Arimatéia Rabelo Machado⁵, Ananda Virginia de Aguiar⁶, Carolina Tiemi Kita⁷; juliocesar@ufpr.br*

¹Embrapa Florestas. ²Embrapa Florestas. ³Schuckar Florestal. ⁴Instituto Florestal. ⁵Instituto Florestal. ⁶Embrapa Florestas. ⁷Embrapa Florestas. *E-mail do autor para correspondência

O *Pinus*, com ampla diversidade de espécies e de usos múltiplos, é o segundo gênero mais plantado no Brasil. Nos últimos anos, três espécies vêm sendo plantadas em larga escala: *P. taeda*, *P. elliottii* var. *elliottii* e *P. caribaea* var. *hondurensis*. O desenvolvimento e uso de híbridos interespecíficos do gênero *Pinus* tem sido enfocado devido à adaptação edafoclimática e maiores produtividades de madeira e resina. A proposta desse trabalho foi comparar o desenvolvimento de espécies puras e de híbridos interespecíficos de *Pinus*. O experimento foi implantado em 2013, na Floresta Estadual de Pederneiras, município de Pederneiras, SP. Foi utilizado o delineamento de três locos completos casualizados, com 5 tratamentos (*P. elliottii* var. *elliottii*, *P. caribaea* var. *hondurensis*, *P. caribaea* var. *bahamensis* e híbridos entre *P. elliottii* x *P. caribaea* *hondurensis* e *P. elliottii* x *P. caribaea* *bahamensis*), três repetições, 189 plantas por parcela em espaçamento 3,5m x 3,0m. Os caracteres analisados foram diâmetro à altura do peito (DAP) e altura total (H). Com auxílio dos softwares Selegen e R, foram realizadas análises de variância seguida de teste de comparação de médias, e análise estatística descritiva dos dados. Houve diferenças significativas entre espécies e entre blocos para os dois caracteres avaliados. O desempenho médio em altura total e DAP das espécies *P. caribaea* var. *hondurensis* e *P. caribaea* *bahamensis* foi superior aos híbridos e à espécie *P. elliottii*. Conclui-se que as variedades de *P. caribaea* apresentaram melhor desenvolvimento e devem ser priorizadas em plantios comerciais visando a produção madeireira. Avaliações futuras quanto a produção quantitativa e qualitativa de extrativos poderão subsidiar a escolha de espécies e genótipos para este fim. Novos híbridos interespecíficos deverão ser testados em delineamentos experimentais mais adequados para melhor identificação de genótipos mais produtivos.

Palavras-chave: pine; forest tree improvement; pine resin;

Agradecimentos: Agradeço ao Instituto Florestal e Schuckar Florestal pelo apoio neste trabalho, à Embrapa Florestas e à Dra. Ananda Virgínia de Aguiar pela oportunidade de estágio.

AValiação de híBRIDOS PARA O DESENVOLVIMENTO DE NOVAS CULTIVARES DE UVAS SEM SEMENTES NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia C. de Souza Leão¹; Witalo da S. Sales²; Michele M. C. de Lira¹; Dayane S. de Moraes¹; Edimara R. de Silva¹ e Francine H. Ishikawa²;

¹EMBRAPA SEMIÁRIDO, ²Campus de Ciências Agrárias, UNIVASF, Petrolina - PE*E-mail: patricia.leao@embrapa.br

Com a crescente demanda dos mercados consumidores por uvas de mesa sem sementes, os produtores do Vale do São Francisco necessitam de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas do semiárido brasileiro e que atendam aos padrões exigidos pelo mercado. A Embrapa tem buscado desenvolver cultivares de uvas de mesa que reúna características como produtividade elevada e um conjunto de atributos de qualidade. O objetivo do presente trabalho foi avaliar e selecionar híbridos de videira que se destaquem pela elevada produtividade, características de cacho compatíveis com os padrões comerciais e traços imperceptíveis de sementes. Dois experimentos foram realizados durante o ciclo de produção do 2º semestre de 2016, sendo um deles, no Campo Experimental da Embrapa Semiárido, em Juazeiro, BA (experimento 1) e outro em área comercial de empresa privada em Petrolina, PE (experimento 2). Os experimentos foram realizados em DBC, com três repetições no experimento 1 e quatro repetições no experimento 2. Foram utilizados 11 híbridos no experimento 1 e 6 híbridos no experimento 2, mais a cultivar comercial Sugraone como testemunha. As seguintes variáveis foram avaliadas: produção (kg.planta⁻¹), número de cachos por planta, massa (g), comprimento (cm) e largura do cacho (cm); massa (g), comprimento (mm) e largura da baga (mm); teor de sólidos solúveis ou SS (°Brix), acidez total ou AT (g ácido tartárico.100mL⁻¹), relação SS/AT, brotação (%) e índice de fertilidade de gemas (cachos.broto⁻¹). Aplicou-se o teste de comparação de médias de Scott-Knott a 5% de significância. No experimento 1, os híbridos apresentaram produção que variou de 4 a 18 kg.planta⁻¹, produtividade entre 8 a 30 t.ha⁻¹, de 19 a 122 cachos.planta⁻¹ e massa do cacho de 106 a 316 g. O teor de sólidos solúveis variou de 16 a 22 °Brix, a acidez total de 0,20 a 0,58 g.100mL⁻¹, e o índice de fertilidade de gemas de 0,09 a 0,93 cachos.broto⁻¹. No experimento 2, os híbridos apresentaram produção que variou de 9 a 25 kg.planta⁻¹, produtividade entre 13 a 35 t.ha⁻¹, de 24 a 47 cachos.planta⁻¹ e massa do cacho de 293 a 624 g. O teor de sólidos solúveis variou de 12 a 16 °Brix, a acidez total de 0,39 a 0,62 g.100mL⁻¹, e o índice de fertilidade de 0,25 a 0,53 cachos.broto⁻¹. Os híbridos de uvas sem sementes de cor branca CPATSA 15.06 e 15.04 destacaram-se para a maioria das variáveis avaliadas em ambos experimentos, evidenciando que podem ser considerados como híbridos promissores para a validação em áreas comerciais e tomada de decisão sobre o lançamento como nova cultivar de uva sem sementes.

Palavras-chave: melhoramento genético; uva de mesa; viticultura tropical

DESENVOLVIMENTO DE PLÂNTULAS DE ESPÉCIES DE EUCALIPTO SOB DEFICIT HÍDRICO

Marcos Claudio S. Virtuoso^{1*}; Tamara Mariel Valdovinos¹; João Vitor O. Souza²; Sara Caroline de Pontes²; Bruna Zanatto¹; Rinaldo César de Paula³

¹Pós-Graduandos em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) FCAV/UNESP, Jaboticabal, SP, marcos.agro@outlook.coml.²Graduandos do curso de Bacharelado em Agronomia - UNESP /FCAV. ³Dr. Professor –FCAV/UNESP.

O gênero *Eucalyptus* é o mais importante para a silvicultura brasileira e sua produtividade está diretamente relacionada às condições climáticas, sendo o déficit hídrico um dos principais fatores limitantes da produção florestal. Diante disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o comportamento de quatro espécies de eucalipto sob déficit hídrico mediado por polietilenoglicol 6000 (PEG 6000). O experimento consistiu de um delineamento em blocos casualizados em esquema fatorial 4x7, sendo quatro espécies (*Eucalyptus brassiana* (Eb), *E. camaldulensis* (Ec), *E. grandis* (Eg) e *E. saligna* (Es)) e sete potenciais osmóticos (0; -0,05; -0,1; -0,15; -0,2; -0,25 e -0,3 MPa). O teste de germinação foi conduzido a 25 °C, com quatro repetições de 0,05 g de sementes para Ec e Eg, 0,2 g para Eb e 0,1 g para o Es, distribuídas sobre duas folhas de papel mata-borrão, umedecidas com soluções de PEG 6000 em volume (mL) equivalente a 2,5 vezes a massa do papel não hidratado. No potencial 0 usou-se apenas água deionizada. O teste teve duração 17 dias e ao final avaliou-se o comprimento de raízes (CR), comprimento de parte aérea (CPA) e a relação raiz/parte aérea (RPA) em 10 plântulas, tomadas ao acaso, de cada parcela. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, ao teste de Tukey e à análise de regressão polinomial. A interação espécies x potenciais foi não significativa para as características avaliadas. Ec, Eg e Es apresentaram um ligeiro aumento no comprimento de raízes até o potencial de -0,2 MPa com posterior queda. Já, o Eb alterou pouco o CR, porém apresentou menor CR em relação às outras espécies, o que sugere que o Eb foi mais tolerante ao estresse. Para o CPA não houve diferença entre as espécies, contudo houve decréscimo à medida que os potenciais ficaram mais negativos, com uma queda acentuada a partir do potencial de -0,15 MPa. O inverso ocorreu com a RPA, em que à medida que os potenciais ficaram mais negativos, essa relação aumentou. Entre as espécies, o Eg apresentou maior RPA, e o Eb a menor. Possivelmente por ser uma espécie mais sensível, o Eg aumentou sua raiz, ao contrário de Eb que não alterou o CR nos potenciais mais negativos. Ficou evidenciado que todas as espécies responderam ao estresse sofrido. Contudo o Eg mostrou-se mais sensível e o Eb mais estável diante do déficit hídrico.

Palavras-chave: *Eucalyptus*; potencial hídrico; estresse.

Agradecimento: à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pela bolsa concedida, por meio do processo 2016/15087-2.

DESENVOLVIMENTO INICIAL DE PROGÊNIES DE *Handroanthus chrysanthus*

Jordy Alvarado^{1*}; Darlin Ulises Gonzalez Zaruma², Dario Veintimilla³; David Ortega⁴; Celso Yaguana²; Deicy Lozano²; Mario Luiz Teixeira de Moraes²

¹Universidad Nacional de Loja. ²Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”. ³Technische Universität München. ⁴Universidad Técnica Particular de Loja. *E-mail do autor para correspondência: yory.andres1993@gmail.com.

O guayacán (Bignoniaceae) é uma espécie arbórea de ampla dispersão na região sul do Equador, mas mesmo assim encontra-se ameaçada, devido à alta durabilidade e resistência mecânica de sua madeira, a presença está reduzida a fragmentos florestais e árvores isoladas, daí a importância do conhecimento da estrutura de populações, para garantir a conservação dessa espécie. O presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos, para o caráter altura de plantas em mudas de *Handroanthus chrysanthus*, estabelecido no viveiro florestal da Universidad Nacional de Loja (Equador). O ensaio foi instalado no delineamento experimental de blocos ao acaso, com 27 tratamentos (progênies), duas procedências, 30 repetições e uma planta por parcela. A mensuração da altura de planta ocorreu aos cinco, dez e quinze meses de idade. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). A estimativa de herdabilidade, em nível de média entre progênies nas três avaliações, foram altas (>98%). O coeficiente de variação genotípica entre progênies variou de 32% a 20% e a média em altura variou de 7,7 a 24,2 cm, da primeira para a terceira avaliação. Embora os ganhos genéticos com a seleção das nove melhores progênies nas duas procedências (Jipiro e Virgenpamba), não sejam elevados (2,7% e 3,5%, respectivamente), em função da presença de autofecundação e cruzamentos correlacionados, a utilização desses genótipos e a continuidade das avaliações, em idades mais avançadas, será fundamental para monitorar programas de conservação ou de melhoramento genético, com essa espécie arbórea, na região Sul do Equador.

Palavras-chave: Conservação *ex situ*; Espécies arbóreas tropicais; Herdabilidade.

Agradecimentos: A Secretaria Nacional de Educação Superior, Ciência, Tecnologia e Inovação- SENESCYT/ Equador, e a Universidad Nacional de Loja pelo apoio financeiro, na concessão de bolsa de estudo em nível de doutorado e atividades acadêmicas.

DETERMINAÇÃO DA ORIGEM AUSTRALIANA DAS POPULAÇÕES DE *EUCALYPTUS GRANDIS*, UTILIZANDO DNA FINGERPRINT

Aline Miranda^{1*}; Paulo Silva²; Alexandre Sebbenn³; David Lee⁴; Mario Moraes¹

¹Unesp. ²IPEF. ³Instituto Florestal. ⁴USC. *E-mail do autor para correspondência: miranda.acf@gmail.com.

O objetivo deste estudo foi determinar a origem das populações brasileiras de melhoramento de *Eucalyptus grandis*, e se a diversidade do material introduzido é diferente da existente em sua origem. A determinação foi realizada em nível individual e populacional, utilizando a abordagem bayesiana, onde os indivíduos são selecionados aleatoriamente a partir de um conjunto de dados de referência, no presente caso, o grupo de referência são as 18 populações de origem australiana e o grupo teste foram dez procedências brasileiras. Para construção do dendrograma foi empregado o método de agrupamento UPGMA. Das dez procedências brasileiras testadas, nove foram determinadas com probabilidade maior do que 98%, sendo, que a outra foi determinada com 93,6% de probabilidade. Entretanto, quando comparado o histórico da região de origem com a população de referência determinada, ambas correspondem a região de Coffs Harbour, localizado no estado de New South Wales (NSW), Austrália. No entanto, algumas populações diferem com o histórico de origem, outra população teoricamente da região de Atherton, estado de Queensland (QLD), Austrália (população base Atherton, com algumas progênies da África do Sul e raça local). Entretanto, esta procedência foi determinada com 100% de probabilidade como sendo originada da região de Gladstone, localizada no estado de NSW, cerca de 1670 km de distância de Atherton. Outro contraste de histórico ocorre com sementes coletadas na região de origem de Atherton, entre as altitudes de 740 a 1100 metros distribuídas no estado de QLD. Contudo, ela foi determinada como sendo originada com 98,4% de probabilidade da região de Woondum (QLD), aproximadamente 1280 km de Atherton. É possível que essa determinação possa estar correta em função da amplitude da coleta que abrangeu diferentes altitudes e diferentes populações, as quais foram classificadas apenas como Atherton. A estimativa da distância genética é de grande importância para o melhoramento genético e conservação, que além de auxiliar no enriquecimento da base genética durante o desenvolvimento de um programa de melhoramento, permite avaliar a redundância e a deficiência das coleções de germoplasma. O agrupamento pelo método UPGMA, mostra a formação de um único grupo para as populações australianas e dois grupos para as procedências brasileiras. As estimativas de distância genética mostraram baixa diferenciação genética entre as populações australianas, o que sugere fluxo gênico entre elas e que a variação genética dentro das populações é ampla.

Palavras-chave: Diversidade; melhoramento; *Eucalyptus*

Agradecimentos: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais e a Suzano Papel e Celulose

DETERMINAÇÃO DO NÚMERO DE SAFRAS PARA CARACTERES DE FRUTOS DE GOIABEIRA VIA MODELOS MISTOS

Clemilton Alves da Silva^{1*}; Lidiane Gomes dos Santos² Adésio Ferreira³; Marcia Flores da Silva Ferreira³; Erli Ropke⁴

¹Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Genética em Melhoramento–CCA-UFES/Alegre-ES/Brasil e Bolsista FAPES. ² Pesquisadora vinculada ao Programa de Pós-Graduação em Genética em Melhoramento–CCA-UFES/Alegre-ES/Brasil. ³Professores do Programa de Pós-Graduação em Genética em Melhoramento–CCA-UFES/Alegre-ES/Brasil. ⁴Proprietário da empresa Frucafé mudas e plantas LTDA/Linhares-ES/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: clemiltonalves@gmail.com.

A estimativa do coeficiente de repetibilidade possibilita ao melhorista avaliar se a seleção baseada em alguma característica fenotípica será confiável, ou seja, se os genótipos selecionados manterão sua superioridade indefinidamente. Objetivou-se estimar o coeficiente de repetibilidade em características de frutos de goiabeira, e determinar o número de safras que devem ser feitas para uma predição acurada do valor real dos genótipos. O experimento foi constituído por três genótipos de goiabeira (*Psidium guajava* L.). O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com quatro repetições. Cada repetição com uma parcela composta de duas plantas, sendo utilizados cinco frutos por planta para estimar a repetibilidade. Foram avaliadas as variáveis comprimento de fruto e espessura de polpa. Os coeficientes de repetibilidade foram estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), e a predição dos valores fenotípicos e genotípicos, pela melhor predição linear não viciada (BLUP), por meio do software Selegen-REML/BLUP. As variáveis comprimento de fruto e espessura de polpa apresentaram estimativas de coeficientes de repetibilidade (r) de alta magnitude, demonstrando acurácia das medições realizadas, alta regularidade da superioridade dos genótipos de uma safra para outra e que a expressão das variáveis tem bom controle genético. As estimativas de acurácia e determinação foram superiores a 90% para comprimento de fruto, espessura da polpa, a partir de três e quatro safras respectivamente, indicando que o número de safras avaliadas no trabalho foi o suficiente para predizer os valores reais dos genótipos estudados. A acurácia refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos, e quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito do indivíduo. A acurácia é também o principal elemento do progresso genético, em que o melhorista pode alterar, visando a maximizar o ganho genético. O número de quatro safras é o indicado para predizer o valor real dos genótipos para as características analisada em goiabeira.

Palavras-chave: Seleção, *Psidium guajava* L., melhoramento

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MARACUJAZEIRO AZEDO ATRAVÉS DA METODOLOGIA WARD-MLM

Amanda Fernanda Nunes Ferreira^{1*}; Paulo Ricardo Junges dos Santos¹;
Dhiego Pereira Krause¹; Roberta Flávia Cipriano Machado, Debora Sarana
Ortolan Arantes; Willian Krause¹

¹Universidade do Estado do Mato Grosso - Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. *Autor para correspondência: amanda.afnf@gmail.com

A metodologia Ward-MLM (*Modified Location Model*) é um método que permite analisar simultaneamente variáveis quantitativas e qualitativas. Por intermédio dessa técnica é possível definir o número ótimo de grupos e identificar a melhor probabilidade de cada acesso alocar-se em determinado grupo, além de combinar dados multicategóricos, quantitativos e moleculares possibilitando novas perspectivas nos estudos de dissimilaridade. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética existente entre 35 famílias de irmãos completo (FIC) de maracujazeiro azedo provenientes do programa de melhoramento genético da Universidade do Estado de Mato Grosso (Unemat), utilizando descritores morfológicos e moleculares simultaneamente através da metodologia Ward-MLM. O experimento foi instalado no mês de setembro de 2014 na área experimental da Unemat, localizado no município de Tangará da Serra - MT. Foram avaliadas 23 variáveis morfoagronômicas qualitativas de acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 30 variáveis quantitativas e foram utilizando 64 marcadores moleculares. Para a quantificação da divergência genética foi adotado o método Ward-MLM. Foi observado a formação de quatro grupos, determinando que há variabilidade entre as FIC selecionadas. No entanto, dentro de cada grupo as FIC são mais próximas geneticamente, sendo descartadas as 15 FIC que apresentaram menor distância intragrupo. Foram descartadas 12 FIC do grupo I e três do grupo II. No grupo I as FIC descartadas foram 3, 4, 6, 8, 9, 10, 19, 21, 26, 27, 32 e 35 e no grupo II foram 12, 17 e 28. A manutenção da variabilidade genética, ao longo das gerações de seleção recorrente intrapopulacional, permite ganhos nas gerações seguintes para as principais características sob seleção, tais como produtividade, número de frutos por planta, massa de frutos, comprimento de frutos, largura de frutos e espessura de casca. Assim, foram selecionadas 20 FIC (1, 2, 5, 7, 11, 13, 14, 15, 16, 18, 20, 22, 23, 24, 25, 29, 30, 31, 33 e 34) dos quatro grupos visando a recombinação, permitindo assim que haja variabilidade na nova população de maracujazeiro azedo.

Palavras-chave: estratégia de recombinação; variabilidade genética; *Passiflora edulis* Sims.

Agradecimentos: A FAPEMAT pelo financiamento do projeto de pesquisa e a CAPES pela concessão da bolsa de mestrado.

DIVERSIDADE GENÉTICA DA POPULAÇÃO BASE UCP-C0 DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MAMOEIRO UENF/CALIMAN

Renato Santa Catarina^{1*}; Diego Fernando Marmolejo Cortes¹; Julio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹; Tathianne Pastana de Souza Poltronieri¹; Nádía Fernandes Moreira¹; Messias Gonzaga Pereira¹.

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. Av. Alberto Lamego, 2000. Campos dos Goytacazes, RJ. *e-mail: renato.scata@gmail.com.

A seleção recorrente (SR) é um método de melhoramento genético utilizado para aumentar a frequência de alelos favoráveis mantendo a variabilidade genética. Contudo o sucesso do programa de melhoramento de SR depende de uma população base de base genética ampla. O objetivo do estudo foi avaliar por meio de características morfoagronômicas a diversidade genética da população base UCP-C0 do programa de SR UENF/Caliman. As características altura de planta (AP), altura de inserção do primeiro fruto (AIPF), diâmetro do caule (DC), número de frutos comerciais e deformados (NFC e NFD) foram avaliadas em 260 indivíduos da UCP-C0. A análise de divergência genética foi realizada empregando como método de dissimilaridade a distância euclidiana média padronizada, na qual foi obtida a matriz de distância genética (MDG). Com a MDG foi realizado o agrupamento hierárquico pelo método UPGMA. O ajuste entre a MDG e a matriz de agrupamento foi realizado por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC). Também foi estimada a contribuição relativa das características para diversidade genética proposta por Singh (1981). O CCC foi de 0,67%. A análise de agrupamento formou 13 grupos com corte na distância 0,22. Desses, quatro grupos reuniram maior número de indivíduos (I, II, V e VI). Os grupos XIII e XII foram os mais divergentes compostos pelos indivíduos 166/2 e 203 respectivamente. O grupo XIII apresentou em média menor AP (58,7 cm), AIPF (34,0 cm) e DC (4,3 cm), o grupo III apresentou em média maior AP (250,3 cm), AIPF (169,2 cm) e DC (12,7 cm). Os grupos XII e I apresentaram em média maior e menor NFD (21 e 1) respectivamente. O grupo V apresenta menor NFD (4) e o grupo X apresentou em média maior NFC (58). Com base nestas descrições dos grupos, nota-se que as características AP, AIPF, DC foram as que mais contribuíram para distinção dos indivíduos. Verifica-se que as características que proporcionaram maior contribuição relativa para a diversidade genética foram AIPF 50,38% e AP 34,26%. A análise de divergência genética da UCP-C0 revelou ampla variabilidade genética em relação às características agronômicas avaliadas, passíveis de exploração no programa de melhoramento genético da UENF/Caliman.

Palavras-chave: *Carica papaya* L.; Melhoramento Genético.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; FAPERJ; Caliman Agrícola S.A.; UENF.

EFEITO DA SOBREVIVÊNCIA SOBRE O INCREMENTO MÉDIO ANUAL EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE *PINUS MAXIMINOI*

Vitor Passos da Silva Junior^{1*}; Vinicius Gontijo Rodrigues Roque¹; Lucas Rodrigues Rosado¹; Flavia Maria Avelar Gonçalves¹; Denilson Ferreira²

¹Universidade Federal de Lavras. ²Grupo Resinas Brasil. *E-mail do autor para correspondência: vitorpsjunior@hotmail.com.

O *Pinus maximinoi* é uma espécie que ocorre principalmente em florestas tropicais e subtropicais úmidas em altitudes variando entre 700 e 2400 m, cuja área de ocorrência é a América Central. O melhoramento genético dessa espécie é recente, se encontra ainda em fase de adaptação nas regiões brasileiras. Contudo, sabe-se que a espécie apresenta potencial para a produção de celulose e as propriedades da madeira se assemelham ao *Pinus taeda*, que é a espécie de *Pinus* mais plantada comercialmente no Brasil. Dessa forma, o objetivo foi avaliar o ganho de seleção, utilizando uma intensidade de seleção (IS) de 10% para o incremento médio anual (IMA) ao nível de indivíduo e ao nível de parcela, levando em conta a porcentagem de sobrevivência em um teste de progênie de *Pinus maximinoi*. Para isso, foram coletadas sementes das 23 melhores matrizes do Instituto Nacional de Bosques da Guatemala e adicionados 3 testemunhas, totalizando 26 tratamentos, distribuídos em 10 blocos, com seis plantas por parcela no arranjo de 3 x 2m, contendo quatro linhas de bordadura, implantadas em Buri - SP. Para a realização das análises, utilizou-se os modelos 1 e 19 do SELEGEN, para o IMA sem ponderação pelas falhas e com ponderação, estimadas aos cinco anos, sendo então estimado a correlação de Spearman envolvendo todos os tratamentos. Constatou-se que o ganho com a seleção com IS de 10% para o IMA sem ponderação foi de 22,1%, e para o IMA ponderado foi de 15,77%, isso porque a primeira seleção é realizada ao nível de indivíduos (157 plantas), e a segunda ao nível de progênies (3 progênies). A herdabilidade ao nível de progênie foi de aproximadamente 0,4 e 0,36 para o IMA sem ponderação e com ponderação, respectivamente. A estimação da correlação foi de alta magnitude (0,92), indicando boa coincidência entre as duas formas de análise, contudo, a ausência de informação a respeito da porcentagem de sobrevivência pode levar a decisões equivocadas na escolha dos melhores indivíduos e das estimativas viesadas de ganho com a seleção.

Palavras-chave: Taxa de sobrevivência; Herdabilidade

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES e CNPq e Grupo Resinas Brasil

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO MULTIVARIADA PARA DOIS CARACTERES EM PROGÊNIES DE CAFEIEIRO

João Pedro Gomes Pagan¹; Tatiana Vilela de Souza Pessoa; César Elias Botelho²; Gladyston Rodrigues Carvalho²; Flávia Maria Avelar Gonçalves¹; Indalécio Cunha Vieira Júnior^{1*}

¹Universidade Federal de Lavras; ²EPAMIG; *E-mail do autor para correspondência: indasjunior@hotmail.com

Análise multicaracteres é muito comum no melhoramento animal e de algumas espécies perenes como eucalipto. Sabe-se que para caracteres correlacionados ocorre melhoria nas estimativas dos parâmetros quando se usa essa análise, apesar de ter vantagens, a seleção de progênies de cafeeiro utilizando essa abordagem tem sido pouco explorada. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi verificar a eficiência da seleção de progênies de cafeeiro por meio da análise multicaracteres para duas variáveis de interesse na cultura: diâmetro do caule (DC) em centímetros e produção em saca de 60 kg e verificar o ganho esperado na seleção indireta. O experimento foi implantado na cidade de Três Pontas - MG no delineamento de blocos ao acaso (DBC). Analisou-se dados de 42 progênies de *Coffea arabica* L. do programa de melhoramento da EPAMIG provenientes de cruzamento entre as cultivares Mundo Novo e Catuaí, com as abordagens uni e multivariada (multrait) por meio do procedimento REML/BLUP. Estimou-se o ganho esperado com a seleção (GS%) considerando intensidade de seleção de 23% e erro de predição (EP). Obteve-se também a correlação genética entre os dois caracteres e o ganho correlacionado da seleção em DC para produção. Observou-se menor erro de predição para a análise multivariada. O EP para a produção e diâmetro do caule foi respectivamente, 1,41 e 0,071. Para a análise univariada essas estimativas foram 1,56 e 0,077, respectivamente. Essa melhora já era esperada dada a magnitude da correlação genética entre os caracteres (0.91). O GS na análise multivariada foi de 9,74% e 5,22% para produção e DC, respectivamente. Nessa mesma ordem os ganhos na análise univariada foram 9,22% e 5,07%. O ganho correlacionado foi de 9,24% e 5,46% para os modelos multicaracteres e univariado respectivamente. Entretanto, o ganho em produção no modelo multivariado foi de 8,76%, quando a seleção é baseada no ranqueamento do DC no modelo univariado. A análise multivariada foi mais eficiente para selecionar as melhores progênies. A seleção indireta para produção baseando-se em DC é eficiente, sugerindo ser possível utilizar apenas esse caráter como escolha de progênies nas fases iniciais do programa.

Palavras-chave: erro de predição; ganho correlacionado.

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG, CAPES.

EMPREGO DA TÉCNICA *POST-HOC BLOCKING* NO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DO MARACUJAZEIRO AZEDO

Roberta Flávia Cipriano Machado^{1*}; Alexandre Pio Viana², Fernando Higino de Lima e Silva², Willian Krause¹

¹Universidade do Estado de Mato Grosso. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Centro de Ciência e Tecnologia Agropecuária, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). *Autor para correspondência: robertafcmachado@gmail.com

A técnica *post-hoc blocking Row-Col* é uma técnica *posteriori*, que capta variação espacial de forma mais eficaz, sobrepondo uma estrutura de blocos sobre o desenho do campo original, no qual, além dos efeitos de blocos e tratamento, acrescentam-se os efeitos de linhas e colunas. Esta técnica apresenta baixo custo e permite avaliar a eficiência de um delineamento experimental através de fontes de variação adicionais, as quais ajudam na redução do erro experimental e precisão das estimativas. Objetivou-se analisar o emprego da técnica *post-hoc blocking Row-Col* na avaliação de 120 famílias de irmãos completos (FIC) provenientes do programa de melhoramento genético intrapopulacional do maracujazeiro azedo. O experimento foi realizado na área experimental da UNEMAT, conduzido em delineamento de blocos casualizados, com três repetições, sendo três plantas por parcela. As 120 FIC foram fenotipadas para as seguintes variáveis: dias para o florescimento (DFL), número de frutos (NF), produção (PROD), massa de fruto (MF), comprimento de fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), formato de fruto (FF), espessura de casca (EC), porcentagem de polpa (PP), coloração de polpa (CP), sólidos Solúveis (SS), acidez total titulável (ATT) e ratio (SS/ATT). As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa estatístico ASReml. Para as variáveis NF, MF e ATT observaram diferenças significativas ($P < 0,00$) entre os modelos avaliados, confirmando a eficiência da técnica *row-col* na redução de erros experimentais. Para as demais variáveis não se observaram diferenças entre os modelos, e, portanto, a técnica utilizada foi igual ao modelo original de blocos casualizados. A técnica *post-hoc blocking Row-Col* mostrou-se eficiente em comparação à avaliação em blocos casualizados, proporcionando redução de erros experimentais e melhorando a precisão das estimativas para seleção.

Palavras-chave: linha-coluna; *Passiflora edulis* Sims.; técnica *posteriori*.

Agradecimentos: A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) pelo financiamento do projeto de pesquisa e pela concessão da bolsa de mestrado.

ENXERTIA DE ESPÉCIES DE *Eucalyptus* TOLERANTES A FRIO PARA FORMAÇÃO DE POMAR DE POLINIZAÇÃO CONTROLADA

Rafael Henrique Roque¹; Rayssa Chaves Braga¹; Renan Marcelo Portela¹; Daniela Sanson¹; Fernando Rusch¹; Evandro Vagner Tambarussi¹; Fabiana Schmidt Bandeira Peres¹;

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste. E-mail do autor para correspondência: rafahroque@gmail.com

A polinização controlada é um dos métodos mais importantes para a condução de um programa de melhoramento, sendo uma técnica que permite a seleção de melhores genitores e a realização de cruzamentos específicos, o que possibilita maximizar os ganhos genéticos. Com vistas à implantação de um pomar de polinização controlada composto por espécies tolerantes ao frio, realizou-se experimento de propagação vegetativa por enxertia, por meio da técnica de “garfagem” em fenda cheia, de diferentes espécies de *Eucalyptus*. A propagação vegetativa por enxertia consiste na união entre tecidos de duas plantas diferentes, cuja principal vantagem está na manutenção das características genéticas da planta multiplicada. Esta ferramenta pode ser utilizada no melhoramento florestal, com vistas à indução de florescimento precoce. Foram utilizados como porta-enxerto mudas seminais da espécie *E. dunnii*, e no preparo dos enxertos, ramos provenientes de mudas clonais de *E. badjaensis*, *E. nobilis*, *E. viminalis*, *E. macarthurii*, *E. dalrympleana*, *E. deglupta* e cinco clones de *E. longirostrata*. Como testemunha foi realizada a autoenxertia envolvendo a espécie *E. dunnii*, utilizada como porta-enxerto. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, com 12 repetições constituídas de três plantas enxertadas. Avaliou-se a sobrevivência das plantas aos 30 dias após a enxertia. A percentagem de sobrevivência das plantas variou de 0 a 66% entre as combinações de enxerto e porta-enxerto. A testemunha apresentou maior sobrevivência média (66%) dos enxertos, seguida dos tratamentos *E. dunnii* (enxerto) x clone 1 de *E. longirostrata* (porta-enxerto) com 58% e das combinações *E. dunnii* (enxerto) x clone 2 de *E. longirostrata* (porta-enxerto) e *E. dunnii* (enxerto) x clone 3 de *E. longirostrata* (porta-enxerto) cuja sobrevivência média foi de 50%. A técnica de enxertia possibilita maior ganho genético no melhoramento florestal, tendo em vista que a propagação vegetativa permite que toda a variância genética possa ser aproveitada, abrangendo a variância aditiva, dominante e epistática. Desta forma, as características desejáveis de um genótipo superior obtido podem ser transmitidas a geração posterior resultando em maior ganho de seleção, devido principalmente ao conceito de herdabilidade.

Palavras-chave: melhoramento genético; enxertos; florescimento precoce.

ESTABILIDADE TEMPORAL EM CLONES HÍBRIDOS DE *Eucalyptus grandis* X *E. urophylla*

Márcio José de Araújo¹; Rinaldo Cesar de Paula²; Bruna Zanatto³

^{1,2,3} Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. * marcio_ok66@hotmail.com.

Um programa de melhoramento florestal é caracterizado por várias etapas, desde o planejamento, implantação e execução dos experimentos, sendo o fator tempo um dos grandes desafios para os melhoristas. O gênero *Eucalyptus* é constituído de espécies perenes, com ciclo longo, sendo comum a medição de diferentes caracteres ao longo do tempo, o que resulta em dados longitudinais. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a estabilidade temporal de clones de híbridos de eucalipto, de modo a auxiliar a seleção precoce de genótipos superiores em programas de melhoramento florestal. Foi avaliado um teste clonal de híbridos de *Eucalyptus grandis* x *E. urophylla*. Avaliou-se o volume comercial sem casca das árvores ($m^3 \cdot \text{árvore}^{-1}$), nas idades de 25, 50 e 72 meses. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com seis repetições e 30 tratamentos (clones), no espaçamento 3,0 x 3,0 m e parcelas lineares de seis plantas. Os valores genotípicos foram obtidos para cada idade avaliada a partir do procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), aplicada ao modelo linear misto e a predição dos valores genéticos pela Melhor Predição Linear Não-viesada (BLUP). As matrizes de variâncias e covariâncias residuais (R) e valores genotípicos (G), para as análises aos 50 (envolvendo duas avaliações: 25 e 50 meses) e 72 meses (envolvendo três avaliações: 25, 50 e 72 meses), foram testadas com 17 estruturas e comparadas por meio dos critérios de informação de Akaike, Akaike corrigido, Bayesiano e análise de deviance. As melhores estruturas para as matrizes de variâncias e covariâncias residuais e genotípicas, foram respectivamente não estruturado (UN) e ante-dependência estruturado (SAD), as quais, apresentaram menores valores dos critérios adotados e foram consideradas as mais aproximadas da realidade. Considerando uma intensidade de seleção de 20% dos clones, houve interação genótipo x idade significativa, porém do tipo simples e com alta estabilidade temporal. A interação do tipo simples indica que existe sucinta alteração no ordenamento dos genótipos ao longo das idades, mas mantendo-se o grupo selecionado inalterado. Isto é importante para o melhoramento, pois possibilita a seleção precoce de clones superiores, com ganho genético relevante e alta acurácia. A seleção de indivíduos superiores nas idades juvenis (a partir de dois anos), em testes clonais de híbridos de *E. grandis* x *E. urophylla* é eficiente para obtenção de ganhos genéticos na idade adulta (72 meses) dos indivíduos.

Palavras-chave: Matriz de (CO) variância; medidas repetidas; genética quantitativa.

Agradecimentos: À CAPES pela concessão de bolsa de estudos.

ESTIMATIVA DE CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERES DE CAFÉ ARÁBICA

Antonio Carlos Baião de Oliveira^{1*}; Pedro Henrique Silva Ferreira²; Carlos Nunes Chaves²; Matheus Oliveira Tristão²; Vanessa Vitoriano Pereira²; Antonio Alves Pereira³

¹Pesquisador Embrapa Café. ²Graduando em Agronomia, UFV/Viçosa - MG.

³Pesquisador EPAMIG. *antonio.baiao@embrapa.br

Em programas de melhoramento é de suma importância estudar e conhecer as relações entre as características. Selecionar genótipos controlados por vários genes é uma tarefa complicada. No entanto, a seleção indireta, através de características correlacionadas, auxilia a identificação dos melhores genótipos. Portanto, o objetivo desse trabalho foi estimar os coeficientes de correlações fenotípicas entre características agrônômicas de genótipos de café arábica resistentes à ferrugem. O experimento foi instalado na Fazenda Alvorada, no município de Aricanduva-MG, região do Vale do Jequitinhonha, com 11 cultivares de café arábica, entre elas, algumas suscetíveis à ferrugem e outras, portadoras de diferentes níveis de resistentes à essa doença. O delineamento estatístico foi o de blocos casualizados, com três repetições, 10 plantas por parcela e espaçamento de 3,7 m entre linhas por 0,7 m entre plantas. No ano de 2012, foram avaliadas as seguintes características: vigor vegetativo, ciclo e uniformidade de maturação dos frutos, tamanho dos frutos maduros, incidência de ferrugem e de cercosporiose e produtividade de grãos, esta, avaliada em sacas de 60 kg de café beneficiado por hectare. Os dados foram submetidos à análise individual de variância. Foi realizada a análise de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados e a significância dos coeficientes foi avaliada por meio do teste t ($P < 0,05$). Houve correlação fenotípica positiva e significativa entre as características vigor vegetativo e ciclo de maturação dos frutos (0,67) e entre ciclo de maturação dos frutos e produtividade de grãos (0,73), inferindo que genótipos de café arábica com maturação mais tardia foram, também, mais vigorosos e mais produtivos. O vigor vegetativo apresentou correlação negativa e significativa com a incidência de ferrugem nos cafeeiros (- 0,76), o que indica que os cafeeiros ficam debilitados pela presença da doença e, conseqüentemente, menos vigorosos. A produtividade de grãos apresentou correlação negativa com a incidência de cercosporiose (- 0,42) e com a incidência de ferrugem (- 0,43), ou seja, a presença dessas doenças afeta drasticamente a capacidade produtiva dos cafeeiros. Os coeficientes de correlação fenotípica estimados neste trabalho indicam que a seleção indireta de genótipos mais produtivos de cafeeiros arábica é possível por meio da seleção daqueles que apresentam maturação dos frutos mais tardia.

Palavras-chave: *Coffea arabica*; ferrugem; melhoramento do cafeeiro

Agradecimentos: FAPEMIG, Consórcio Pesquisa Café e CNPq.

Estimativa de parâmetros genéticos em teste de progênies de segunda geração de *Araucaria angustifolia*

Carolina Tiemi Kita¹; Lucas Moura de Abreu²; Julio Cesar Soares³; Gilmar Carlos Michelin⁴, Valderês Aparecida de Sousa⁵, Ananda Virgínia de Aguiar⁶

¹Embrapa Florestas; ²Epagri; ³UFSC; carolkita@outlook.com

A *Araucaria angustifolia*, única de seu gênero presente no Brasil, é a mais importante gimnosperma nativa no país em termos econômicos, sociais e ecológicos. Sua madeira possui alta qualidade, sendo utilizada para diversos fins, e suas sementes são muito utilizadas na alimentação humana e animal. Por seu grande valor econômico, foi explorada indiscriminadamente até a década de 70 e entrou para a lista de espécies ameaçadas de extinção. Estudos sobre a genética de populações são de grande importância para fins de melhoramento genético e a conservação dessa espécie. Assim, um teste de progênies de segunda geração foi implantado em 2011, no município de Curitiba-SC, visando dar continuidade ao programa de melhoramento da Embrapa Florestas. O experimento foi instalado no delineamento em blocos completos ao acaso com 30 progênies de polinização aberta, distribuídas em 33 blocos de uma planta por parcela, no espaçamento de 4 m x 4 m. A avaliação desse teste considerou os caracteres altura total, DAP e altura do primeiro verticilo aos seis anos de idade para estimativa de parâmetros genéticos. Os resultados foram analisados com o auxílio do software SELEGEN-REML/BLUP. Diferença significativa entre progênies a 1% de probabilidade pela análise de *deviance* foi observada apenas para o caráter DAP. As herdabilidades individuais no sentido restrito foram baixas para os caracteres de crescimento (0,08, 0,16, 0,05, para altura total, DAP e altura do primeiro verticilo). Já os coeficientes de variação aditiva individual (CV_{gi} %) foram 5,48 %, 8,78% e 4,86% para altura total, DAP e altura do primeiro verticilo, respectivamente. Os baixos valores para herdabilidade e CV_{gi} podem ser explicados pela amostragem na população base e a contribuição restrita de machos e fêmeas no processo de florescimento, o que aumenta o grau de parentesco entre progênies e reduz a variação entre os indivíduos amostrados. Além disso, como a espécie apresenta um longo ciclo de vida, deve-se considerar que a avaliação desses caracteres em idade mais avançada é necessária e poderá corroborar essa tendência. Pelos resultados obtidos, conclui-se que a seleção baseada no caráter DAP seria mais eficiente por apresentar mais variação genética e alta correlação com o volume de madeira.

Palavras-chave: pinheiro do Paraná; genética; melhoramento.

Agradecimentos: Agradeço à Embrapa, Epagri e UFSC pela colaboração e a todos os técnicos e pessoas que de alguma forma contribuíram e apoiaram a realização desse trabalho.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES FITOQUÍMICOS DE ERVA-MATE

Kelen Haygert Lencina¹; Leandro da Luz; Dilson Antônio Bisognin^{2*}

¹Programa de Pós-graduação em Engenharia Florestal, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), CEP 97105-900, Camobi, Santa Maria, RS. ²UFSM, Departamento de Fitotecnia. *E-mail do autor para correspondência: dilson.bisognin@ufsm.br

As folhas e talos da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hill. - Aquifoliaceae) geralmente apresentam altos teores de compostos fenólicos, que conferem propriedades diurética, digestiva e estimulante na infusão. O objetivo deste estudo foi estimar os parâmetros genéticos para os teores de compostos fenólicos totais (CFT), dos flavonoides (FLV) e a capacidade antioxidante total (CA) de plantas de erva-mate. Foram coletadas folhas de 60 plantas adultas selecionadas fenotipicamente em povoamentos uniformes no município de Ilópolis-RS. Para o preparo dos extratos, as folhas foram secadas a 65°C até atingir massa constante e trituradas até atingirem a granulometria da erva-mate comercial moída grossa. O solvente extrator utilizado foi composto de solução aquosa de etanol e acidificadas com HCl 6M na proporção 70:30:1 (v/v/v, etanol:água:ácido). As extrações foram realizadas em banho ultrassônico com frequência de 40 KHz na proporção de 1:50 (p/v - amostra:solvente) por 15 min., em temperatura ambiente (21 °C ± 2 °C) e no escuro. Os extratos de erva-mate foram quantificados quando ao teor dos CFT, pela reação de oxirredução com Folin-Ciocalteu, de FLV, pelo método colorimétrico, e da CA pelo método de redução do ferro. O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado, com três repetições e leituras em triplicata. Os dados foram submetidos à análise de variância, e a estimação dos parâmetros genéticos para os caracteres fitoquímicos foi realizada no programa GENES. Foram verificadas diferenças estatísticas entre os genótipos para os três caracteres estudados. O coeficiente de variação genética foi de 42,6% para CFT, 42,9% para FLV e 42,9% para CA, indicando a existência de heterogeneidade entre os genótipos avaliados. A presença de variabilidade genética para os compostos fenólicos é um indicativo favorável para o melhoramento genético, a qual pode ser aproveitada para a seleção de genótipos superiores. Além disso, os caracteres fitoquímicos estudados apresentaram altas estimativas de herdabilidade. O índice de variação foi de 4,4 para CFT e 4,9 para FLV, enquanto para CA foi de 1,6. Embora este índice apresente variações entre os caracteres, todos foram superiores a 1, o que caracteriza predominância de fatores genéticos sobre os ambientais. Assim, com base nos parâmetros genéticos estimados para os caracteres fitoquímicos, ganhos genéticos podem ser obtidos por meio da seleção de genótipos superiores de erva-mate.

Palavras-chave: coeficiente de variação genética; herdabilidade; índice de variação.

ESTIMATIVA DE REPETIBILIDADE PARA SEVERIDADE DE PINTA-PRETA EM FOLHAS DE MAMOEIRO

Ramon de Moraes¹, Marcelo Vivas¹; Ana Kesia Faria Vidal¹; Janieli Maganha Silva Vivas²; Wanessa Francesconi Stida¹; Rogério Figueiredo Daher¹; Messias Gonzaga Pereira³

¹Laboratório de Engenharia Agrícola, ²Laboratório de Entomologia e Fitopatologia, ³Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Av. Alberto Lamego, 2000, CEP 28013-602, Campos dos Goytacazes, RJ. E-mail: mrclvivas@hotmail.com

A pinta-preta, causada pelo fungo *Asperisporium caricae*, é uma das doenças fungicas mais importantes na cultura do mamoeiro. Dentre as medidas de controle desta doença, destaca-se o melhoramento genético. No entanto, a cultura ainda necessita de informações de base para nortear o melhoramento visando resistência a essa doença, tal como a definição do número de avaliações necessárias para comparar os genótipos em avaliação. Dado o exposto, conduziu-se este estudo com o objetivo de determinar o coeficiente de repetibilidade, bem como definir o número mínimo de avaliações sucessivas necessárias para estimar de forma confiável a severidade de pinta-preta em folhas de mamoeiro. Para tal, conduziu-se experimento em delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, na fazenda Água Limpa, em Mimoso do Sul, ES. Os dados de severidade de doença utilizados neste estudo foram obtidos através de avaliações mensais (entre os meses de março e setembro), de seis genótipos de mamoeiro: 'Golden', 'Sunrise Solo PT', 'Maradol', 'STZ-03', 'STA-04', 'STA-10'. A partir dos dados referentes às sete avaliações, foram estimados o coeficiente de repetibilidade e o número mínimo de medições necessárias para se estimar a severidade de pinta-preta. Para a estimativa destes parâmetros, foram utilizados quatro métodos distintos: métodos baseados na análise de variância (ANOVA), componentes principais com base na matriz de correlações (CPMCO) e na matriz de covariâncias (CPMCV) e análise estrutural com base na matriz de correlações (AEMCO). As estimativas do coeficiente de repetibilidade variaram de 0,50 (para ANOVA) a 0,87 (CPMCO) e uma precisão de $87,8 \leq R^2 \leq 97,9$ %, respectivamente para ANOVA e CPMCO. O número mínimo de avaliações requerido para obter $R^2 = 90\%$ variou de duas a nove, dependendo do método de estimação. Com base nos resultados obtidos, nota-se que há necessidade de poucas avaliações para avaliar o desempenho do genótipo, o que é desejável. Entretanto, as avaliações do presente estudo foram conduzidas em época de favorabilidade climática para o patógeno. Novos estudos serão conduzidos em diferentes épocas do ano visando confirmar o observado no presente estudo.

Palavras-chave: *Asperisporium caricae*; *Carica papaya*; Resistência genética.

Agradecimento: CAPES, FAPERJ, UENF.

ESTIMATIVAS DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Pinus maximinoi*

Vinicius Gontijo Rodrigues Roque*¹; Vitor Passos Junior²; Lucas Rosado³;
Flavia Avelar Gonçalves⁴; Denilson Ferreira⁵

¹Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas (UFLA). ²Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas (UFLA); ³Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas (UFLA); ⁴Professora do Programa em Genética e Melhoramento de Plantas (UFLA); ⁵Gerente do Grupo Resinas Brasil. *E-mail do autor para correspondência: vinicius.gontijo@resinasbrasil.com.br

Algumas espécies do gênero *Pinus* pouco estudadas no Brasil, tem começado a receber maiores atenções com o intuito de expandir o cultivo de *Pinus* para outras regiões do país. Nesse sentido, destacamos o *Pinus maximinoi* que possui características similares ao *Pinus taeda* em termos de qualidade da madeira para produção de celulose e crescimento volumétrico. Contudo, ainda necessita de mais estudos, principalmente referentes aos componentes de variância genética, uma vez que estas pesquisas são recentes para estas espécies. Estas informações facilitam a tomada de decisão no Programa de Melhoramento Genético, a respeito dos genótipos a serem selecionados e qual estratégia seria a mais eficiente. Além disso, permite isolar os efeitos ambientais e obter diversas informações referentes aos caracteres avaliados. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi realizar uma análise via modelos mistos, para as variáveis altura, diâmetro à altura do peito (DAP) e incremento médio anual (IMA) em um teste de progênies de *Pinus maximinoi* aos 5 anos, implantado em Buri - SP. O experimento foi constituído por 23 progênies advindas de árvores selecionadas pelo Instituto Nacional de Bosques da Guatemala e 3 testemunhas compostas por famílias de *P. taeda* e *P. elliottii* x *P. caribea* var. *hondurensis*. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com 10 repetições e 6 plantas por parcela, sendo utilizado para análise, o modelo 1 do software SELEGEN. A acurácia seletiva encontrada foi muito elevada, com valores acima de 0.9 para todos os caracteres analisados, indicando uma predição fidedigna dos parâmetros genéticos. A herdabilidade em nível de médias de progênies assumindo sobrevivência completa (h_{mp}^2) foi tida como alta apresentando valores de 0.91, 0.82 e 0.87, para altura, DAP e IMA, respectivamente, indicando a viabilidade de seleção e progresso genético. Porém, a herdabilidade restrita individual ajustada para os efeitos de parcela (h_{aj}^2), foi considerada baixa para IMA (0,40) e DAP (0,28) e moderada para a altura (0,67), indicando que o efeito ambiental foi expressivo. Nesse caso, a melhor estratégia seria a seleção ao nível de progênies e não ao nível de indivíduos. Uma vez que a acurácia ao nível de progênies foi bem mais elevada, garantindo assim, uma credibilidade maior na escolha dos melhores genótipos.

Palavras-chave: herdabilidade; progênies; melhoramento florestal.

Agradecimentos: GRUPO RESINAS BRASIL, FAPEMIG, CAPES e CNPq.

ESTRUTURA DE POPULAÇÕES E DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Coffea arabica* ANALISADAS POR MARCADORES MOLECULARES SNP

Tiago Vieira Sousa^{1*}; Emilly Ruas Alkimim¹; Antonio Carlos Baião de Oliveira^{2,3}, Antônio Alves Pereira³, Ney Sussumu Sakiyama¹; Laércio Zambolim¹; Eveline Teixeira Caixeta^{1,2}

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Embrapa Café. ³Epamig Sudeste. *E-mail: tiago.vieira@ufv.br

O uso de marcadores moleculares SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) em larga escala têm proporcionado avanços nas metodologias de seleção nos programas de melhoramento genético de diferentes culturas de interesse agrônomo, reduzindo o tempo e custos de lançamento das cultivares. O cafeeiro arábica, apesar de sua grande importância econômica e social, ainda não dispõe desses marcadores amplamente disponível. Dessa forma, objetivou-se identificar e validar marcadores moleculares SNP para a espécie *Coffea arabica* e introduzi-los no melhoramento genético por meio da análise acurada da diversidade e estrutura genética de populações de melhoramento dessa espécie. Foram identificados 91.517 SNP em 72 genótipos de cafeeiros de diferentes gerações obtidas a partir de cruzamentos de genitores contrastantes em relação à resistência à ferrugem do cafeeiro. Após as análises de qualidade, 49.567 SNP foram selecionados e localizados no genoma de referência de *C. canephora* e no banco de dados do transcriptoma de *C. arabica*. Verificou-se a ocorrência de grande número de marcadores distribuído nos 12 cromossomos e transcritos, sendo estes utilizados para estimar a dissimilaridade genética entre os indivíduos das populações do programa de melhoramento. A análise do dendrograma demonstrou a discriminação precisa de todos os genótipos avaliados e a formação de dois grupos. Através da abordagem Bayesiana, utilizando os SNP selecionados pelo teste de equilíbrio de Hard-Weinberg, o número ótimo de grupos de cafeeiros foi dois ($K=2$). O expressivo número de marcadores moleculares SNP distribuídos ao longo do genoma de *C. arabica* foi eficiente para discriminar todos os acessos avaliados, agrupando-os de acordo com as suas genealogias. Misturas dentro das progênies foram identificadas. Foram identificados novos genitores a serem introduzidos no melhoramento em andamento e os genitores atualmente usados foram detalhadamente analisados. As informações da estrutura das populações e da variabilidade genética são informações valiosas no direcionamento dos cruzamentos na obtenção das progênies na busca de variedades melhoradas de *C. arabica*.

Palavras-chave: melhoramento genético; seleção genotípica; variabilidade genética.

Agradecimentos: Consórcio Pesquisa Café; Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais – Fapemig; INCT/Café.

ESTRUTURAÇÃO GENÉTICA DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE *Psidium* spp POR MEIO DE ABORDAGEM BAYESIANA

Eileen Azevedo Santos¹; Raiane Mariani Santos¹; Alexandre Pio Viana¹;
Sandra da Costa Preisigke¹; Daniele Lima Rodrigues¹; Fernando
Henrique de Barros Walter¹; Rodrigo Moreira Ribeiro¹

¹UENF/Campos dos Goytacazes-RJ, *eileenbiologa@gmail.com

O declínio da goiabeira há alguns anos se instalou no País, constituindo-se um grave problema fitossanitário, responsável pela erradicação de inúmeros pomares de goiabeiras. Os sintomas do declínio são atribuídos à ação sinérgica entre *Meloidogyne enterolobii* e *Fusarium solani*, que contribui para o apodrecimento das raízes, tornando assim o manejo da doença complexo. Nesse contexto os marcadores SSR foram usados para o estudo da estrutura genética de populações interespecíficas de *Psidium* spp. resistentes ao *M. enterolobii* para dar continuidade ao programa de melhoramento da goiaba na Uenf. Foram avaliados 94 indivíduos oriundos de cinco populações segregantes resistentes ao nematoide *M. enterolobii*, e seus respectivos genitores, obtidas a partir de hibridação interespecífica de *P. cattleyanum* (genótipo resistente), *P. guajava* e *P. guineensi* (genótipos suscetíveis). A extração do DNA foi realizada pelo método CTAB. Foram utilizados 33 iniciadores polimórficos. Os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose *Metaphor* 4% para visualização dos resultados. A partir da matriz das informações moleculares dos marcadores SSR foram estimadas as distâncias genéticas entre as populações, constituindo-se a matriz de dissimilaridade pelo índice de Nei. As cinco populações foram avaliadas quanto à estruturação genética, através do método baseado em algoritmos de agrupamentos bayesianos, com o uso do software STRUCTURE. A análise da estrutura genética com abordagem bayesiana mostrou que K = 4 foi o número ideal de grupos genéticos, ou seja, o K que melhor ajustou por apresentar o maior valor de ΔK (176,90), concordando com o número de grupos observados no dendograma baseado na distância de Nei. O grupo azul foi constituído pelos genótipos oriundos do cruzamento de *P. guineensi* x *P. cattleyanum*, o grupo verde alocou os indivíduos dos cruzamentos entre *P. cattleyanum* x *P. guineensi* e o grupo vermelho agrupou os genótipos provenientes dos cruzamentos entre *P. guajava* x *P. cattleyanum*. As populações resultantes de cruzamentos entre goiaba e araçá e as populações obtidas do cruzamento entre as espécies de araçá *P. cattleyanum* x *P. guineense* foram as mais similares entre si enquanto que a população obtida do cruzamento entre *P. guineensi* x *P. cattleyanum* se diferenciou das demais com uma nítida estruturação. Os marcadores SSR foram eficientes na discriminação das populações o que poderá auxiliar novas etapas do programa de melhoramento genético da goiaba na Uenf.

Palavras chave: *Meloidogyne enterolobii*; declínio da goiabeira; SSR.

Agradecimentos: UENF, CAPES, FAPERJ

ESTUDO DE FAMÍLIAS PARA SELEÇÃO DE CLONES PROMISSORES EM CANA-ENERGIA

Carlos Diniz^{1,2*}; João Santos^{1,2}; Rodrigo Gazaffi^{3,4}; Danilo Cursi⁴; Edjane Freitas^{1,2}; Hermann Hoffmann^{3,4}; Geraldo Barbosa^{1,2}

¹ Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo/AL. ² Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar, RIDESA/UFAL. ³ Universidade Federal de São Carlos, Araras/SP. ⁴ Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar, RIDESA/UFSCar. *carlos_assispc@hotmail.com

A cana-energia tem surgido como fonte alternativa de energia renovável com grande potencial de expansão, apresentando elevada produção de biomassa e alto rendimento de colheita. Porém, é um tipo de cana pouco explorada pelo melhoramento, necessitando de estudos que contribuam na obtenção de cultivares com esse perfil. Logo, o uso de técnicas de análises com abordagem em modelos mistos aparece como uma ótima ferramenta para estimar o potencial produtivo de diferentes cruzamentos de cana-energia. O presente trabalho teve por objetivo estudar o potencial produtivo de famílias de cana-energia, bem como seus componentes de variação e suas correlações genéticas. Foram realizados 68 cruzamentos de irmãos germanos na Estação de Floração e Cruzamentos Serra do Ouro, (Murici, Alagoas), pertencente ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Alagoas (PMGCA/CECA/UFAL/RIDESA). O experimento foi instalado na estação experimental da BioVertis (Barra de São Miguel, Alagoas), no delineamento em blocos ao acaso com três repetições e 72 plântulas por parcela. As variáveis analisadas foram: Tonelada de Cana por Hectare (TCH), Tonelada de Massa Verde por Hectare (TMVH), Tonelada de Massa Seca por Hectare (TMSH), Brix, Fibra e Tonelada de Fibra por Hectare (TFH). Os dados foram analisados utilizando-se a abordagem de modelos mistos para estimar os componentes de variância e para obtenção das médias ajustadas (BLUPs). Para as correlações genotípicas utilizou-se a correlação de Pearson. Os resultados mostraram que os coeficientes de variação residual variaram entre 0,11 para Brix e 0,20 para TFH. Observou-se que a herdabilidade individual variou de 0,59 a 0,72 e a herdabilidade média (0,71 a 0,90) foi considerada alta para todas as variáveis analisadas. Na observação das médias ajustadas (BLUPs) da variável TMSH, verificou-se que 48 famílias apresentaram desempenho superior ($>24,52 \text{ t ha}^{-1}$) ao cruzamento padrão (RB01616 x RB92579) de cana-de-açúcar. Para as demais características, exceto Brix, observou-se que mais de 63% dos cruzamentos apresentaram médias ajustadas superiores ao cruzamento padrão. As correlações genotípicas entre TCH, TMVH, TMSH e TFH apresentaram valores superiores a 55%. Por fim, nota-se que os cruzamentos avaliados apresentam considerável potencial produtivo e variabilidade genética suficiente para seleção de clones com caracteres de interesse para os programas de melhoramento genético em cana-energia.

Palavras-chave: BLUP; Parâmetros genéticos; Modelos mistos.

ESTUDO DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA FENOTÍPICA PARA CARACTERES DE PRODUTIVIDADE EM CANA-DE-AÇÚCAR

Rachel C CTairum¹; Danilo E Cursi²; Roberto G Chapola²; Antonio R F Júnior²; Hermann P Hoffmann¹; Rodrigo Gazaffi^{1*}

¹Universidade Federal de São Carlos, Araras/SP.²Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar-RIDES/UFSCar. *E-mail do autor para correspondência: rodrigo@cca.ufscar.br.

A cana de açúcar é uma cultura importante para o país, sendo o melhoramento genético responsável pela obtenção de novas variedades. A mensuração dos componentes de variação fenotípica para caracteres de interesse econômico é fundamental para nortear decisões ao longo destes programas. O objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade no sentido individual e de médias, coeficientes de variação genético (CVg) e ambiental (CVe) para os caracteres produtividade (TCH), teor de açúcar (POL) e teor de Fibra na primeira fase de melhoramento. Para tanto, duas populações foram utilizadas, obtidas em 2010 e 2012, apresentando 55 e 79 cruzamentos biparentais, respectivamente. Os experimentos foram conduzidos pela equipe do Programa de Melhoramento Genético Cana de açúcar (PMGCA), desenvolvido na UFSCar/RIDES, sendo implementado em blocos ao acaso com três repetições, com parcelas compostas por duas linhas de cinco metros, contendo 20 plantas. Para POL e Fibra amostrou-se um colmo de cada planta da parcela visando representar a variação genética existente. Para os genótipos de 2010 as estimativas de média para POL, Fibra e TCH foram 13,76 (10,39-17,10); 11,89 (10,12-14,27) e 188,57 (73,54-313,24), respectivamente. As herdabilidades individuais estimadas foram 24,81 (POL), 18,70 (Fibra) e 60,25 (TCH). As herdabilidades no sentido de médias foram de 49,74% (POL), 40,84% (Fibra) e 81,97% (TCH). Os CVe foram 6,90% (POL), 5,66% (Fibra) e 16,26% (TCH) e os CVg foram de 3,96% (POL), 2,71% (Fibra) e 20,02% (TCH). Já para o ano de 2012 as estimativas para média foram 13,94 (9,9-16,9, POL), 11,68 (9,9-18,9, Fibra) e 165,82 (69,58-281,39, TCH). As herdabilidades individuais foram 43,12 (TCH), 17,02 (Fibra) e 32,83 (TCH) e as herdabilidades em nível de médias foram 69,46 (POL) 38,09 (Fibra), 59,44 (TCH). Os CVe foram de 6,87% (POL), 6,88% (Fibra) e 20,25% (TCH) e os CVg foram 5,98% (POL), 3,12% (Fibra) e 14,16% (TCH). Dentre os três caracteres avaliados, TCH foi o que apresentou maior diferença entre os anos (22 ton/ha), provável reflexo da forte estiagem que ocorreu no verão de 2013-2014. Nota-se também que a herdabilidade em nível de médias aumenta em relação a individual, o que é uma vantagem explorada quando utiliza-se o método de seleção de famílias. O maior CVg é referente a TCH indicando que esta característica tem elevado potencial para seleção e os baixos valores para POL indicam a necessidade de desenvolvimento de novas estratégias para diversificação de genitores, as quais já estão em implementação no referido programa.

Palavras-chave: POL; TCH; Teste de famílias

Agradecimento: FAPESP

FENOLOGIA DE ACESSOS DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE UVAS PARA MESA DO INSTITUTO AGRONÔMICO

Juliana Rocha de Souza^{1*}; Lenon Romano Modesto¹; Carlos Tadeu dos Santos Dias²; Miguel Zagreti Saito¹; Mara Fernandes Moura¹

¹Centro Apta de Frutas-IAC. ²ESALQ/USP *julianarocha_agrofer@hotmail.com.

A variabilidade genética de um banco de germoplasma só pode ser utilizada de forma eficiente se for devidamente avaliada e quantificada. Classificar as diversas variedades de uva em relação ao número de dias para completar o seu ciclo produtivo e as fases fenológicas intermediárias é de suma importância para a aplicação de técnicas de manejo, condução e colheita do vinhedo. Considerando a importância de conhecer o ciclo produtivo das variedades, o objetivo deste trabalho foi classificar 110 genótipos de uva, usando métodos multivariados de interesse no programa de melhoramento genético das uvas, dividindo-os em ciclo precoce, mediano e tardio. Foram calculados os estádios fenológicos em quatro anos de produção, 2011 a 2014, compreendidos em número de dias da poda a brotação (NDB), ao florescimento (NDF), ao início da maturação (NDIM) e para a colheita (NDM). Análises multivariadas como correlação entre as variáveis, componentes principais e o método de agrupamento UPGMA obtido a partir da matriz de dissimilaridade da distância Euclidiana, foram empregados para classificar os genótipos quanto ao ciclo produtivo. O método de agrupamento UPGMA aplicado à matriz das distâncias Euclidianas, combinado com os escores da análise de componentes principais, discriminou três agrupamentos. Os dois primeiros componentes explicaram 81 % da variabilidade total. Desta forma, as técnicas multivariadas para estudo de diversidade genética aplicadas aos caracteres de variação contínua (método de agrupamento UPGMA e componentes principais) foram concordantes entre si, sendo eficientes para a classificação do germoplasma de uvas, podendo ser usadas para orientação nos futuros cruzamentos para o melhoramento desses genótipos. As variáveis NDIM e NDM foram as que tiveram maior contribuição para a classificação dos genótipos quanto ao ciclo de produção, sendo que o método UPGM juntamente com o gráfico de dispersão agrupou os acessos como 25 precoces, 75 medianos e 10 tardios.

Palavras-chave: *Vitis spp*; fenologia; melhoramento de plantas.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP

FENOTIPAGEM DIGITAL EM SEMENTES DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Passiflora* spp.

Géssica Xavier Torres¹; Alexandre Pio Viana²; Henrique Duarte Vieira³; Daniele Lima Rodrigues⁴; Raiane Mariani Santos⁵; Valquíria Oliveira dos Santos⁵; Sandra da Costa Preisigke⁶

¹Mestranda em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF; ²Professor Dr. do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF. ³Professor Dr. do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, UENF. ⁴Pós-doutoranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. UENF. ⁵Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF. ⁶Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF. E-mail: gessicaxaviertorres@hotmail.com

O maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) possui alta variabilidade genética e características desejáveis ao mercado consumidor, porém enfrenta sérios problemas fitossanitários que dificultam o cultivo. O vírus do endurecimento dos frutos (CABMV) destaca-se por sua agressividade a cultura e a espécie *Passiflora setacea* conhecida como maracujá-do-sono tem sido indicada como fonte de resistência a esta doença. O uso de novas variáveis para identificação da diversidade entre genótipos é de grande auxílio para programas de melhoramento, deste modo, diferenças encontradas em sementes pode nos propiciar a seleção de lotes com melhor desempenho de germinação e vigor em uma população com boas características. A fenotipagem digital é uma ferramenta crucial para análise de sementes, sendo um método rápido, pouco oneroso, e não destrutível que facilita o trabalho de identificação por diferenças encontradas nelas como cor, tamanho e formato. O trabalho teve por objetivo observar a diversidade entre os híbrido de *P. edulis* e *P. setacea* por meio de fenotipagem digital de sementes. A captura e análise digital das imagens foi realizada no equipamento GroundEye, com repetições de 50 sementes onde ao final da captura o equipamento forneceu uma planilha com os valores médios das variáveis (área, diâmetro máximo e mínimo). Os resultados das análises indicaram que o híbrido H5.13.P12 (18,1 mm²) obteve valor próximo ao parental *P. edulis* (18,3 mm²) que é a espécie de interesse comercial. Para o diâmetro máximo das sementes o híbrido que obteve maior valor foi H5.13.P12 (5,8 mm) e para diâmetro mínimo H5.16.P6 (3,8 mm), H5.13.P12 (3,8 mm) e H5.13.P6 (3,8 mm). Sementes maiores apresentam maior espaço de reserva nutricional, o que melhora as chances de sucesso na germinação. Os Híbridos resultantes do cruzamento entre *P. setacea* e *P. edulis* apresentaram grande variabilidade para as variáveis de tamanho de sementes e o híbrido H5.13.P12 foi o mais próximo do maracujá-azedo, espécie de interesse comercial, podendo ser utilizado futuramente no programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando a resistência ao CABMV.

Palavras-chave: diversidade genética; *Passiflora edulis* Sims; *Passiflora setacea*.

FIRMEZA DOS FRUTOS DE GOIABA NO AMADURECIMENTO PÓS-COLHEITA

Gabriel Lenen Javarini Moro^{1*}; Lidiane Gomes dos Santos¹; Abigail Taisi Coelho Pena¹; Sara Maria Andrade Pereira¹; Clemilton Alves Silva¹; Adésio Ferreira¹; Marcia Flores da Silva Ferreira¹.

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *gabrieljmor@gmail.com

Os problemas de pós-colheita do fruto da goiabeira (*Psidium guajava L*) são severos, pois as altas taxas de transpiração e perda de massa diminuem o seu tempo de armazenagem, acarretando a perda da coloração da casca, seguida pelo amolecimento e por podridões. Através da refrigeração é possível reduzir a velocidade das transformações microbiológicas e bioquímicas, prolongando assim o tempo de prateleira da goiaba. A firmeza das frutas pode ser avaliada pelo penetrômetro, que mede a resistência à penetração que a polpa possui. Objetivou-se com esse trabalho relacionar a firmeza do fruto de diferentes genótipos ao tempo de maturação pós-colheita em diferentes temperaturas de armazenagem. As goiabas selecionadas para os testes foram coletadas no mês de fevereiro de 2017, em um pomar experimental que está localizado na zona rural do município de Mimoso do Sul-ES. Para colheita, os frutos foram escolhidos de maneira mais homogênea possível, apresentando uma coloração verde-escuro a verde-amarelo. A firmeza do fruto foi avaliada com penetrômetro digital da linha IP-90DI IMPAC, ponteira plana de 8mm de diâmetro. Os resultados foram expressos em N (Newton). O período de avaliação dos frutos foi de 10 dias analisados em intervalos de 2 dias. Foram avaliados 8 genótipos: Cortibel 1, Cortibel 2, Cortibel 7, Cortibel 9, Cortibel 13, Cortibel 14, Cortibel 17 (respectivamente, C1, C2, C7, C9, C13, C14, C17) e Pedro Sato, em duas temperaturas de armazenamento (25°C e 12°C). Na temperatura de 12°C todos os genótipos tiveram frutos viáveis de serem avaliados até o 10º dia. A goiaba é um fruto climatérico, cuja senescência ocorre em até quatro dias após a colheita, porém para a temperatura de 25°C foi no 6º dia que os primeiros genótipos (C9 e C14) foram retirados das análises por apresentar frutos em estágio de podridão avançado. No 8º dia também a C1 foi retirada da análise. O genótipo C9 destacou-se na temperatura de armazenagem de 12°C, pois além de apresentar menor percentual de redução na firmeza (30,37%), foi o genótipo cuja polpa teve a maior resistência à penetração juntamente com a C1. O resfriamento mostrou-se eficiente no retardamento do processo de amadurecimento do fruto e os genótipos apresentaram resultados diferentes, indicando um potencial para a seleção da característica tempo de armazenagem pós-colheita.

Palavras-chave: Penetrômetro; Cortibel; *Psidium guajava L*

Agradecimentos: UFES, FAPES, CAPES e CNPq

FORMAÇÃO DA POPULAÇÃO DE MELHORAMENTO DE *EUCALYPTUS UROPHYLLA* COM FAMÍLIAS MULTIPROCEDÊNCIA DE DUAS REDES EXPERIMENTAIS.

Paulo Henrique Müller da Silva^{1,2,3*}; Arno Brune⁴; Clayton Alcarde Alvares⁵; Weber do Amaral³; Mario Luis Teixeira de Moraes²; Dario Grattapaglia⁶; Rinaldo Cesar de Paula².

¹ Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais – IPEF; ²Universidade Estadual Paulista-UNESP; ³ Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” / Universidade de São Paulo-USP, ⁴ APSD- Ghana; ⁵ Suzano Papel e Celulose; ⁶ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária -EMBRAPA. E-mail: paulohenrique@ipef.br

Nas últimas décadas o *Eucalyptus urophylla* ganhou importância na silvicultura brasileira, sendo a espécie mais utilizadas nos plantios comerciais. A espécie é plantada pura ou em combinação híbridas de norte a sul do país. O objetivo do estudo foi compor uma nova população de melhoramento de *Eucalyptus urophylla* com ampla base genética, sendo utilizadas várias procedências melhoradas disponíveis em duas redes experimentais compostas por cinco ensaios cada e distribuídos em diferentes condições climáticas brasileiras. Para atingir o objetivo, foi estudada a estabilidade e adaptabilidade (zoneamento ecológico) em ambas as redes experimentais e foi realizada a comparação da diversidade genética e do índice de fixação das populações avançadas com populações base de diferentes origens da espécie. Ambas as redes experimentais apresentaram variações na mortalidade e produtividade devido aos diversos estresses dos locais estudados. Diferentes comportamentos foram observados entre as redes experimentais, sendo possível obter maior número de famílias com plasticidade (produtiva e estável em vários locais) na primeira rede experimental. Na segunda rede observou-se menor número de famílias com plasticidade, forte diferenciação de procedências entre os locais estudados e a necessidade de estratificar a seleção das famílias por regiões (tropicais e subtropicais). A diversidade genética das duas redes experimentais foi maior do que das populações base e o índice de fixação não foi significativamente maior do que zero em todas as populações (tanto nas populações melhorada quanto na base). A seleção de famílias multi-procedências obtidas com polinização aberta de *E. urophylla* permitiu criar uma nova população de melhoramento com ampla diversidade genética e estabilidade, o que permite a continuidade do trabalho de melhoramento nas próximas gerações para condições climáticas divergentes.

Palavras-Chave: Interação Genótipo x Ambiente; Estresses biótico e abiótico; Diversidade genética; Produtividade

Agradecimentos: Amcel, Arborgen, Aperam, Copener, Duratex, Eldorado, Fibria, International Paper, Jari, Klabin, Lwarcel, Montes del Prata, Palmasola, Stora Enso, Vallourec, Veracel e Votoratin Siderurgia (empresas afiliadas ao programa Cooperativo de Melhoramento do IPEF), Suzano, USP/ESALQ, UNESP, COTEC - IF e a FAPESP (15/15651-2), pelo fornecimento de germoplasma, área e financiamento.

GANHO DE PRODUTIVIDADE NA SELEÇÃO DE FAMILIAS CLONAIIS DE *Eucalyptus grandis* Hill ex-Maiden

Izabel Christina Gava de Souza^{1*}; Shinitiro Oda¹; Leandro de Siqueira¹; Celso Luis Marino²

¹Companhia Suzano Papel e Celulose. ²Prof. UNESP Campus Botucatu, Departamento de Biociências. *izabelsouza@suzano.com.br

Este trabalho teve como objetivo propor um novo método de melhoramento para *Eucalyptus* visando obter materiais genéticos para plantio operacional, por meio dos seguintes estudos: a) avaliar o ganho em produtividade volumétrica de madeira na seleção aplicada numa população clonal de *Eucalyptus grandis* oriunda da mistura de clones selecionados em progênies de polinização controlada (irmãos completos); b) avaliar a variabilidade genética a partir de marcadores moleculares microsatélites na população clonal selecionada, quando submetida a diferentes condições ambientais e níveis de seleção. Com as sementes obtidas no cruzamento controlado foi instalado um plantio experimental na Fazenda Ribeirão Grande (município de Salesópolis/SP) de propriedade da Suzano Papel e Celulose no ano de 2001. Aos 6 anos de idade foi realizada a seleção de árvores superiores (clones) com base nos caracteres silviculturais e densidade básica da madeira. Foram selecionados 57 clones (irmãos completos), os quais foram propagados vegetativamente, misturados para a formação do minijardim clonal e posterior produção de mudas para plantio operacional na empresa. Este material genético foi recomendado para plantio em 2010. Para este trabalho foram selecionadas três áreas de plantio operacional desse material genético com idade de 3,3 a 3,5 anos. Em cada local foram estabelecidas 3 parcelas de 100 árvores e realizada a avaliação silvicultural das árvores. Foram selecionadas as 40 árvores com maiores valores de DAP e boa forma do tronco, e as 15 árvores com menores valores de DAP, totalizando 405 árvores. O perfil genético por meio de marcadores moleculares microsatélites foi realizado para as árvores selecionadas, clones que formam a população clonal inicial e clones genitores. O Incremento Médio Anual com casca aos 7 anos de idade (IMA7; m³/ha/ano) foi estimado por parcela e níveis de seleção de 10%, 20%, 30% e 40%. Com o perfil genético obteve-se os clones presentes na seleção e nas 15 árvores de comportamento silvicultural inferior. Os resultados mostram que a seleção de 40% dos melhores indivíduos apresenta ganhos em Incremento Médio Anual aos 7 anos (IMA7; m³/ha/ano) de 16,9%, 14,1% e 23,2% para os locais 1, 2 e 3, respectivamente. No nível de seleção de 10% temos no mínimo 10 clones presentes num material genético produtivo e com variabilidade genética para plantio operacional. O método de seleção e melhoramento em populações clonais de *E. grandis* é promissor, diminuindo o tempo de obtenção de materiais genéticos para plantio operacional.

Palavras-chave: *Eucalyptus grandis*; famílias clonais; seleção em população clonal.

GANHOS DE SELEÇÃO EM FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS DE ACACIA MANGIUM AVALIADAS EM BARRA DO GARÇAS-MT

Daniele Moreira Birck,¹; Euller Ribeiro¹; Glauco Vieira de Oliveira^{1*}

¹Universidade Federal do Mato Grosso/Campus Universitário do Araguaia.

*glaucovo@ufmt.br;

A *Acacia mangium* é uma espécie florestal da família das leguminosas que vem se destacando na região Centro-Oeste. Usada em sistemas agroflorestais, recuperação de áreas degradadas e na integração lavoura-pecuária-floresta, a espécie se destaca pelo uso madeireiro, energético, pela boa capacidade de fixação de nitrogênio além de ser uma ótima fornecedora de néctar às abelhas, propiciando assim a promoção da apicultura em seus plantios. Um estudo preliminar realizado no município de Barra do Garças-MT com 76 famílias de meios-irmãos no ano de 2015 evidenciou a existência de variabilidade genética para o caráter altura de plantas, abrindo espaço para as atividades de seleção para o melhoramento genético da espécie no bioma cerrado mato-grossense. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar ganhos de seleção na espécie *Acacia mangium* para o caráter altura de planta e perímetro à altura do peito e suas correlações genéticas. Em 2015, foi montado um ensaio com 70 famílias de meios-irmãos na área experimental do Campus Universitário do Araguaia, município de Barra do Garças/UFMT, em blocos casualizados, com três repetições, quatro plantas/parcela e espaçamento de 1,5 x 3 m. A altura de planta (ALT) foi avaliada três meses após o plantio e o perímetro à altura do peito (PAP) foi avaliado após 24 meses de plantio. Os dados tabulados foram analisados através do software GENES, por meio do procedimento biométrico “índice de seleção” entre famílias. Foram realizadas três simulações com seleção de 35, 21 e 7 melhores progênies para ALT e seus efeitos sobre PAP. Em nível de família, a herdabilidade foi de 32 e 22% para ALT e PAP respectivamente, e para seleção massal as herdabilidades individuais foram 19% para ALT e 12% para PAP. As correlações fenotípicas e genéticas para ALT e PAP foram iguais a 0,8 e 1 respectivamente, indicando a possibilidade de se realizar seleção precoce para PAP através de seleção precoce em ALT. A seleção das 35, 21 e 7 melhores famílias em altura (ALT) promoveu ganhos indiretos em PAP de 15,4%, 24,5% e 40,9%. Quando seleção incidia diretamente em PAP os ganhos foram 19,9%, 30,5% e 45,5%. As 29 melhores famílias para PAP coincidiram com as melhores famílias em ALT. Embora os dados sugiram que famílias mais altas dão origem a maiores volumes de madeira pelo critério PAP, novos estudos deverão ser realizados para verificar a consistência desta relação, seja em novos ensaios de *Acacia mangium* em ambientes similares, seja em avaliações futuras deste mesmo ensaio. Algumas famílias apresentaram médias de ALT e PAP reduzidas dado ao cálculo que considerou as perdas de plantas dentro de parcelas. A literatura relata a sobrevivência de plantas de *Acacia sp* em campo como um importante fator a ser considerado no processo de seleção de matrizes que também é um caráter herdável em algumas populações. Assim as famílias com maior número de plantas sobreviventes foram favorecidas no processo de seleção.

Palavras-chave: melhoramento genético, melhoramento florestal, Altura de planta, *Acacia mangium*

GENETIC PARAMETERS AND GENOTYPE-BY-ENVIRONMENT INTERACTION IN *Corymbia citriodora* HOOK

Bruno Marchetti de Souza¹; Miguel Luiz Menezes Freitas²; Salvador Alejandro Gezan³; Bruna Zanatto⁴; Ananda Virgínia de Aguiar⁵

¹Universidade Federal de São Carlos, ²Instituto Florestal de São Paulo. ³University of Florida. ⁴Universidade Estadual de São Paulo. ⁵Embrapa Florestas. *E-mail do autor para correspondência: marchetti.bruno@hotmail.com.

Corymbia citriodora is one of the most cultivated forestry species in Brazil, and combines a high growth rate with high wood density. Its timber is used for a wide range of products, such as poles, railway sleepers, posts, scantlings, wharf and construction lumber. Despite its commercial importance, this species does not have a formal breeding program. Genotype-by-environment interaction (GEI) is one of the most important elements in the management of a tree breeding program to define breeding zones and to select genetic material that is targeted to specific environmental conditions. The aim of this research was to estimate genetic parameters to understand GEI patterns based on *C. citriodora* progeny tests. The experiment was established using 56 open-pollinated families in three different locations within the Luiz Antônio's experimental station (São Paulo state, Brazil). The three sites differ contrastingly on their soil type (RL: Red Latosol, QN: Quartzarenic Neosol, CL: Clay Latosol). The following traits were measured at 30 years of age: total height (HT), diameter at breast height (DBH), stem form and survival. Based on this data the individual stem volume (VOL) was calculated. Statistical analyses and genetic parameters were estimated by REML/BLUP methodology. The survival ranged from 38% (QN) to 55% (CL). The overall mean values for HT and DBH were 26.79 m and 21.5 cm, respectively. The highest growth rates were found in the CL soil. The GEI was found to be not significant to all growth traits. A complex GEI was detected only for survival, proving the importance of choosing the right genetic material of the species to specific sites. The joint analysis showed a significant difference between families for DBH, survival and VOL. In the individual analyses, families growth traits performances different considerably only in the QN site. This site also presented high narrow-sense heritability values. The estimated values for narrow-sense heritability based on individual were in general low to moderate, with the highest values for DBH. In summary, the material studied here, due its wide genetic variation and moderate genetic control of growth traits, presents potential to obtain considerable genetic gains through selection in the future.

Keywords: progeny test; tree breeding; heritability

GRAUS-DIA NECESSÁRIOS PARA O CICLO DE MATURAÇÃO DOS FRUTOS DE *Coffea canephora*

Carolina Augusto de Souza^{1*}; Marcos Santana Moraes¹; Karine Marques Rodrigues²; Darlan Sanches Barbosa Alves²; Victor Mouzinho Spinelli³; Rodrigo Barros Rocha³

¹Universidade Federal de Rondônia-UNIR. ²Faculdades Integradas Aparício Carvalho-FIMCA. ³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-EMBRAPA. *carolina_augusto@hotmail.com

O ciclo de maturação do fruto do cafeeiro é uma fase fenológica, compreendida entre o período de floração até colheita. Na espécie *Coffea Canephora* o período da colheita é influenciado tanto por fatores ambientais quanto por fatores genéticos. A avaliação do ciclo de maturação em função da soma de graus-dia se baseia na pressuposição de que a planta para completar uma fase fenológica necessita de um somatório térmico próprio, característico de sua fisiologia. O objetivo desse trabalho foi quantificar os componentes genéticos da soma térmica necessária para a maturação dos frutos de *C. canephora* visando caracterizar o mecanismo de herança e a influência do ambiente na expressão dessa característica. Para isso foi mensurado a soma térmica entre o florescimento e a colheita, de 130 clones avaliados ao longo de 36 meses, em delineamento de blocos ao acaso com seis repetições de quatro plantas por parcela no campo experimental da Embrapa Rondônia localizado no município de Ouro Preto do Oeste. Dados climáticos foram coletados durante o período de julho de 2013 a dezembro de 2015 por meio de estação automática localizada nas coordenadas 10°43'37.01"S e 62°13'44.94"W. Os valores genotípicos e os componentes de variância foram estimados utilizando-se métodos de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear Não Viesada (BLUP). A análise de variância da soma térmica para o desenvolvimento dos frutos mostrou que a fonte de variação do genótipo foi significativa de acordo com o teste F a 1% de probabilidade, em todas as épocas avaliadas. A herdabilidade no sentido amplo foi de 78% no primeiro ano agrícola e 69% no segundo ano agrícola. O ciclo de maturação dos frutos de *C. canephora* é uma característica de herança complexa, de expressão governada por vários genes influenciados pelo ambiente, o que resulta em uma característica quantitativa de distribuição contínua. A caracterização dos componentes genéticos do desenvolvimento e maturação dos frutos de *C. canephora* demonstrou predominância da variância genotípica na expressão dessa característica, o que subsidia uma alta eficiência de seleção, para o desenvolvimento de cultivares com diferentes ciclos de maturação.

Palavras-chave: Ciclo de maturação; acurácia de seleção; Rondônia.

Agradecimentos: Ao Programa de Pós-Graduação em Desenvolvimento Regional e Meio Ambiente da Fundação Universidade Federal de Rondônia, à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

HERDABILIDADE DE VARIÁVEIS RELACIONADAS A QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE MARACUJAZEIRO AZEDO

Leandro Rafael Fachl^{1*}; Amanda Fernanda Nunes Ferreira¹; Angélica Padilha de Freitas¹; Egídio Leonardo da Silva Garbugio¹; Petterson Baptista da Luz¹; Willian Krause¹

¹Universidade do Estado do Mato Grosso. Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de plantas. *Autor para correspondência: leandrofachi@hotmail.com

A estimativa de parâmetros genéticos tem sido amplamente avaliada em programas de melhoramento genético. Dentre elas a herdabilidade que é fundamental importância para a estimação dos ganhos genéticos e para a escolha dos métodos de seleção. Contudo, em relação à qualidade fisiológica de sementes tem sido pouco explorada, havendo escassez de informações na literatura. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi estimar a herdabilidade de variáveis relacionadas a qualidade fisiológica de sementes de famílias de meio irmãos (FMI) provenientes do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da Universidade do Estado do Mato Grosso, campus de Tangará da Serra - MT. Foi adotado o delineamento inteiramente casualizado, com 98 FMI e quatro repetições. As variáveis mensuradas foram: massa seca de plântulas, comprimento de radícula, índice de velocidade de emergência, porcentagem de emergência das sementes, índice de velocidade de germinação, porcentagem de germinação das sementes, teor de água das sementes e massa de mil sementes. A herdabilidade foi estimada com base nas médias das famílias de meio irmão. A partir da análise de variância, observou-se diferença significativa ($p < 0,01$), pelo teste F, para todas as características, o que indica a existência de variabilidade entre os genótipos e possibilidades de ganhos genéticos na população em estudo. Entre os componentes da variância, observou-se maior participação da variância genotípica em relação a ambiental para todas as características, demonstrando que na expressão do caráter o ambiente exerceu pouca influência. A herdabilidade foi alta para todas as características (88,65 a 96,93%), desta forma, é possível obter ganhos genéticos com a seleção.

Palavras-chaves: *Passiflora edulis* Sims.; genética quantitativa; melhoramento.

Agradecimentos: A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) pelo financiamento do projeto de pesquisa e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado.

HERDABILIDADE REALIZADA PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS NO CAFEEIRO

Gustavo Alvares Velásquez*; Juliana Andrade Dias¹; Gustavo Pucci Botega¹;
Marcela Kastein Lourenço¹; Cesar Elias Botelho²; Flávia Maria Avelar
Gonçalves¹

¹ Universidade Federal de Lavras. ² Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais – EPAMIG. *galvaresv@gmail.com

A herdabilidade realizada (HR) permite a estimação do progresso genético a partir da comparação entre o ganho de seleção estimado e a produtividade real quantificada na geração seguinte. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar o ganho com a seleção a partir da HR e verificar se uma redução do número de colheitas permitiria a obtenção de ganhos semelhantes aos obtidos com um maior número de colheitas em *Coffea arabica*. Os experimentos foram constituídos de 45 progênies $F_{2.3}$ e $F_{2.4}$ no delineamento de blocos casualizados com três repetições. A HR foi estimada levando em consideração a produção de duas a oito colheitas na geração $F_{2.3}$ e três colheitas da geração $F_{2.4}$. As intensidades de seleção (IS) utilizadas foram de 15,55%, 20% e 31,11%. Para as análises conjuntas das colheitas o modelo estatístico utilizado foi o de parcelas subdivididas no tempo. Não houve variação entre as progênies na geração $F_{2.4}$, porém elas não se comportaram de maneira similar ao longo das colheitas, uma vez que a interação progênies x colheitas apresentou efeito significativo. A falta de variação observada entre as progênies pode ser devido ao menor número de colheitas que estas foram avaliadas, uma vez que ao avaliar oito colheitas na geração $F_{2.3}$ foi possível observar variação entre as progênies e um valor de herdabilidade de 68%. Quando se considerou apenas duas colheitas na seleção a HR foi inferior a 30% para todas as IS utilizadas, não sendo recomendado realizar a seleção nessa condição. Ao selecionar as sete melhores progênies (15,55%) a HR para cinco colheitas foi de 69% e para seis colheitas de 70%, mostrando que o incremento no valor de HR é pequeno, não se justificando avaliar as progênies por mais um ano. A seleção de quatorze progênies (31,11%) a HR foi de 55% para cinco colheitas e de 53% para seis colheitas. Isso demonstra que à medida que houve um incremento do número de progênies selecionadas a HR não aumentou linearmente. Pode-se concluir que cinco colheitas e uma intensidade de seleção de 15,55% se mostrou ideal para a seleção em $F_{2.3}$ e ganho em $F_{2.4}$, uma vez que o valor de HR foi superior a herdabilidade quando se selecionou na média das oito colheitas na geração $F_{2.3}$, sugerindo que as progênies tendem a se manterem superiores ao longo das demais colheitas não se justificando deste modo proceder as avaliações em um maior número de colheitas.

Palavras-chave: progresso genético; *Coffea arabica*; seleção precoce

Agradecimentos: FAPEMIG, Capes, CNPq

IAC 5377 - CLONE F₁ DE CAFÉ ARÁBICA RESISTENTE À FERRUGEM

Masako Toma Braghini^{1*}; Luiz Carlos Fazuoli¹; Oliveira Guerreiro Filho²

¹Bolsistas do CBP&D-Café/IAC, Campinas-SP. *mako@iac.sp.gov.br

²Centro de Café Alcides Carvalho/IAC/APTA, Campinas, SP. Bolsa CNPq/DT

A ferrugem alaranjada (*Hemileia vastatrix*) é a principal doença do cafeeiro no Brasil e no mundo. A melhor alternativa para o seu controle é a utilização de cultivares com resistência genética ao patógeno. Cerca de 17 raças fisiológicas do fungo foram identificadas no Brasil, em um total de 45 raças presentes no mundo. A piramidação de genes de resistência constitui-se na melhor estratégia de seleção de cultivares com resistência duradoura à ferrugem. Assim, esse trabalho teve como objetivo o desenvolvimento de híbridos F₁ com elevada produção e resistência durável à ferrugem. O híbrido F₁ IAC 5377 obtido da hibridação entre cafeeiros resistentes das cultivares Obatã IAC 1669-20 e Icatu Vermelho IAC 4045 destacou-se, em Campinas, entre os demais híbridos estudados em relação à produção, apresentando elevada heterose para esse atributo e também, resistência à ferrugem. Cafeeiros clonais do híbrido F₁, obtidos por meio de propagação por embriogênese somática, foram avaliados em experimento de campo, instalado em 2010. A cultivar Obatã IAC 1669-20, parental mais produtivo e resistente à ferrugem, a seleção IAC 4266 de porte alto e duas seleções da cultivar IAC Catuaí SH3 foram utilizadas como controles experimentais. O delineamento foi de blocos ao acaso, com três repetições, parcelas de 20 plantas e espaçamento de 3,80 x 0,60 m. A produção de café maduro, foi avaliada por quatro colheitas, entre 2013 e 2016. Avaliou-se também, características agrônômicas como, vigor, maturação e tamanho dos frutos e características tecnológicas como qualidade dos grãos e da bebida. A produtividade média estimada do híbrido F₁ IAC 5377 foi de 50,5 sacas.ha⁻¹, enquanto a cultivar Obatã IAC 1669-20, produziu 39,5 sacas.ha⁻¹, ou seja, 28% a menos em relação ao clone F₁. As seleções IAC 4266, IAC Catuaí SH3 C1621 e IAC Catuaí SH3 C1638 produziram, respectivamente, 37,0; 38,9; e 34,3 sacas.ha⁻¹. A análise de variância da produtividade entre os tratamentos apresentou diferenças significativas. A comparação das médias pelo teste Tukey a 5% evidenciou a superioridade do híbrido F₁ em relação aos controles. A avaliação da qualidade da bebida, pelo método SCAA, do híbrido F₁ obteve 85,2 pontos, enquanto a cultivar Obatã IAC 1669-20 foi de 82,3 pontos. Em avaliações realizadas em 2015 e 2016, o clone revelou-se mais vigoroso, apresentando maturação entre média a tardia e frutos de tamanho médio a grande. O clone IAC 5377 pode ser multiplicado por cultivo in vitro ou por estaquia e poderá constituir-se em boa opção para a cafeicultura.

Palavras-chave: cultivar clonal, resistência à ferrugem, propagação vegetativa

Agradecimentos: APTA/IAC; Daterra Atividades Rurais Ltda; Consórcio Pesquisa Café/Embrapa Café; CNPq.

IDENTIFICAÇÃO DE CLONES DE *Eucalyptus* spp. PROMISSORES PARA GOIÁS

Rodrigo de Sousa Oliveira^{1*}; Carlos Vinícius Gonçalves Ribeiro¹; Deisiany Ferreira Neres¹; Douglas Matheus de Lima Faria¹; Acelino Couto Alfenas²; Evandro Novaes¹.

¹Universidade Federal de Goiás (UFG). ²Universidade Federal de Viçosa (UFV). *E-mail do autor para correspondência: rodrigodesousa12@gmail.com

O gênero *Eucalyptus* é responsável por cerca de 72% dos plantios florestais no Brasil. Originalmente, os plantios florestais se desenvolveram nas regiões do bioma Mata Atlântica, com destaque para os estados Minas Gerais, São Paulo e Bahia. Recentemente, a eucaliptocultura vem migrando para as regiões de Cerrado, no centro-norte brasileiro. Nessas novas fronteiras, ainda há carência de materiais genéticos de *Eucalyptus* adaptados. Diante disso, o presente estudo avaliou uma diversidade de clones de *Eucalyptus* presentes no mercado em três diferentes regiões do estado de Goiás. O objetivo é identificar clones com potencial de adaptação às condições do bioma cerrado. Foram instalados testes clonais nos municípios goianos de Catalão, Luziânia e Corumbá de Goiás, utilizando um total de 112 clones. O plantio foi realizado no final de 2012, adotando um delineamento de blocos completos casualizados com 29 repetições, utilizando espaçamento de 3 x 3 metros. Cada parcela foi constituída por uma única árvore. Em cada teste, foram avaliados 92 clones, sendo 80 presentes nas três regiões. Em todas as árvores dos experimentos foram avaliadas altura total, diâmetro à altura do peito (DAP), permitindo estimativas de volume de madeira (em m³.ha⁻¹). Também foram avaliadas variáveis qualitativas como mortalidade, tortuosidade e presença de bifurcação. Os resultados indicaram interação significativa entre os clones e as três regiões. Em geral a taxa de mortalidade ficou abaixo de 5%. Uma exceção ocorreu com um clone de *E. cloeziana* que teve ~50% de mortalidade, indicando baixa adaptação às condições locais. Os genótipos que apresentaram os melhores resultados em desenvolvimento, tem *E. urophylla* em sua constituição. Dentre a gama de materiais utilizados, existem clones que apresentam desempenho promissor para as regiões onde os experimentos estão instalados, apresentando, incremento médio (em m³.ha⁻¹.ano⁻¹), superiores em até 73% com relação à média geral dos testes clonais, de 49,4 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. O Clone A0217 teve o melhor desempenho de Catalão (~97 m³.ha⁻¹.ano⁻¹) e Luziânia (~85 m³.ha⁻¹.ano⁻¹), além de estar entre os melhores de Corumbá com ~61 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. Outros clones que merecem destaque são: CRLGX018, 3336, 3335, GG-24 e GG-680, todos com rendimento superior aos 70 m³.ha⁻¹.ano⁻¹. Estes resultados evidenciam que existe potencial para seleção de genótipos que sejam apropriados às condições edafoclimáticas do bioma cerrado, a fim de se estabelecer um programa de melhoramento genético para esta finalidade.

Palavras-chave: eucaliptocultura; melhoramento florestal; teste clonal.

Agradecimentos: À CAPES, CLONAR e Suzano Papel e Celulose.

IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MAMÃO (*Carica papaya* L.) VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Renato Santa Catarina¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes¹; Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri¹; Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹; Helaine Christine Cancela Ramos¹; Messias Gonzaga Pereira¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. Av. Alberto Lamego, 2000. Campos dos Goytacazes, RJ. e-mail: juliocesarf.v@hotmail.com.

Nos programas de melhoramento genético é importante obter respostas favoráveis a seleção para todas as características de importância. A utilização de índices de seleção permite considerar várias características simultaneamente no processo de seleção. Apesar da redução no ganho genético combinado, ocorre a valorização das características de maior relevância e a redução das características desfavoráveis ao melhoramento genético vegetal. O objetivo do trabalho foi selecionar genótipos de mamoeiro agronomicamente superiores, via índice de seleção combinada a partir da análise de sete características morfoagronômicas. O experimento foi instalado na área comercial da empresa Caliman Agrícola S.A, localizada no município de Linhares-ES. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com seis repetições e três plantas por parcela. Foram avaliados 36 genótipos, sendo 10 linhagens superiores utilizadas como genitoras, quatro testadores UC-JS12, UC-Sekati, UC-41/7, UC-SS-72/12, 20 híbridos Topcrosses F₁ e duas testemunhas comerciais 'Golden' e 'Tainung 01'. Foram avaliadas as características Altura da inserção do primeiro fruto (AIPF), Número de frutos comerciais (NFC), Produção (PROD), Peso médio do fruto (PMF), Teor de sólidos solúveis (TSS), Firmeza do fruto e polpa (FF e FP). A seleção das linhagens foi feita através da seleção combinada. As características foram padronizadas utilizando a equação $(Xg - \bar{xg})/S\bar{xg}$, onde Xg é o valor mensurado do indivíduo para a variável, \bar{xg} é a média geral da variável, $S\bar{xg}$ é o desvio padrão. Foram atribuídos pesos para cada característica associados aos valores agrônômicos, obtendo-se um índice, conforme descrito: AIPF (-10), NFC (100), PROD (100), PMF (1), TSS (100), FF (100) e FP (100). Após o ranqueamento pelo índice, foi realizada uma seleção de 20%. Foi observado que as linhagens 2, 6 e 10 podem ser consideradas superiores tanto *per se* e/ou quando cruzadas com testadores do grupo 'Solo' UC-SS-72/12 e do grupo 'Formosa' UC-41/7. A linhagem 1 não apresentou bom desempenho *per se*, apenas quando cruzada com o testador do grupo 'Solo' UC-SS-72/12. A utilização de índices de seleção auxilia a identificação de linhagens e/ou híbridos superiores permitindo o avanço no melhoramento do mamoeiro.

Palavras-chave: Linhagem; Híbrido; Topcross.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; FAPERJ; Caliman Agrícola S.A.; UENF.

IDENTIFICAÇÃO DE MACROAMBIENTES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR VIA ANÁLISE DE AGRUPAMENTO

Rodrigo Gazaffi^{1*}; Gabriela E S Leme¹, Danilo E Cursi²; Antonio R F Júnior², Roberto G Chapola²; Hermann P Hoffmann¹

¹Universidade Federal de São Carlos, Araras/SP. ²Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar – RIDESA/UFSCar. *E-mail do autor para correspondência: rodrigo@cca.ufscar.br

As etapas finais do melhoramento genético da cana-de-açúcar são caracterizadas pelo estudo da interação entre genótipos e ambientes. Logo, abordagens que permitam a identificação de diferentes ambientes de produção são necessárias visando à máxima exploração deste fenômeno. Uma abordagem inicial para este tipo de situação é a clusterização de ambientes em grupos hierárquicos, devido à facilidade de interpretação e visualização dos resultados. O objetivo do trabalho foi analisar ensaios multilocais, ao longo de três cortes visando à identificação de possíveis padrões ambientais. Para tanto, foram considerados 17 ensaios conduzidos entre 2010 e 2014 em diferentes locais do estado de São Paulo, pela equipe técnica do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar desenvolvido pela RIDESA/UFSCar. O número de repetições variou entre três e quatro e a característica avaliada foi produtividade de colmos por hectare (TCH) avaliada entre dois e três cortes. As análises foram realizadas em duas etapas, a primeira utilizando a abordagem de modelos mistos para obtenção dos valores genotípicos dos indivíduos, em cada ambiente; posteriormente, a distância entre os pares de ambientes foi mensurada através da distância euclidiana e a clusterização entre ambientes foi realizada através do método UPGMA, sendo os resultados sumarizados em quatro dendrogramas, isto é, um para cada corte e outro considerando todas as combinações entre locais e cortes. Para o primeiro corte, os locais foram agrupados em dois grandes grupos, os quais de maneira geral foram condizentes com a classificação de ambientes de produção de cana-de-açúcar baseada predominantemente em tipo de solo e disponibilidade hídrica. Para o segundo e terceiro cortes houve o agrupamento em dois grandes ambientes, sendo um com histórico de produtividade elevada e outro dividido em dois subgrupos de baixa e moderada produtividade. Nota-se que com o passar dos cortes esta diferença torna-se mais pronunciada. Já a análise conjunta indicou quatro grandes grupos, contudo a metodologia não permitiu agrupar os experimentos em função de cortes, sugerindo a presença de interação tripla entre local, cortes e genótipos. Percebe-se que nesta abordagem os ambientes são agrupados pela produtividade média, o que em alguns casos não necessariamente coincide com as propostas fitotécnicas de classificação ambiental. Técnicas mais elaboradas podem ser utilizadas para melhor explorar os dados, porém pode-se afirmar que neste estudo houve pelo menos três grandes ambientes detectados.

Palavras-chave: TCH; Interação entre genótipos e ambientes; UPGMA

IDENTIFICAÇÃO DE MATRIZES SUPERIORES DE *Euterpe edulis*

Guilherme Bravim Canal^{1*}; Liana Hilda Golin Mengarda¹; Ramon Azevedo Braz¹ Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. *guilhermebravim@hotmail.com

O *Euterpe edulis* conhecido popularmente como palmito juçara é uma espécie nativa que está ameaçada de extinção em decorrência, entre outros fatores, do intenso e prolongado extrativismo. Uma das alternativas para a preservação desta espécie é a sua utilização com a finalidade comercial, com plantios objetivando o uso de seus frutos para a produção de polpa. A viabilidade do uso comercial da espécie depende da seleção de indivíduos com produção de frutos com maior rendimento de polpa. Neste contexto, objetivou-se a identificação de matrizes superiores para a produção de frutos com maiores tamanhos e sementes de menores dimensões. Foram avaliadas 60 matrizes de *E. edulis* que fazem parte do Programa de Melhoramento da espécie na UFES. Os materiais foram coletados, identificados e avaliados quanto aos diâmetros equatorial e longitudinal dos frutos e sementes (DEF, DLF, DES e DLS, respectivamente). Os dados foram obtidos de 4 repetições com 10 frutos cada. Foram estimados, com o uso do programa Genes (Cruz, 2013), três índices de seleção visando a seleção das melhores matrizes. Os índices utilizados foram: Multiplicativo (M); Mulamba e Mock (MM), que baseia-se na soma do posto do *rank* de cada característica; e um índice ponderado pelos ganhos esperados (GE), que utiliza como pesos os ganhos desejado no lugar dos valores econômicos. Foi utilizado também o método de seleção direta, que visa o ganho em uma única característica de forma direta e apresenta o ganho das demais de modo indireto. Foi utilizado uma intensidade de seleção de 25%. Os índices foram comparados quanto a sua eficiência de acordo com o ganho total e o desvio padrão dos ganhos das características em cada índice com o ganho estimado pelo método direto. Os ganhos de seleção estimados pelo método de seleção direta, foram de 7,98% (DEF), 9,18% (DLF), -7,97% (DES) e de -9,18% (DLS). A superioridade das matrizes selecionadas foi comprovada avaliando a coincidência de seleção entre os índices, sendo a proporção de similaridade de: 53,33% entre GE e MM; 66,67% entre GE e M; e de 73,33% entre MM e M. Dos índices utilizados, o Multiplicativo foi o que apresentou melhores resultados, pois apresentou um desvio padrão mediano quando comparado entre os demais índices (19 mm) e o maior ganho total observado (15,42%). Os ganhos de seleção que foram observados nas análises, mostraram que a seleção das 15 melhores matrizes, resultará em indivíduos com maior produção de polpa, destacando-se a matriz 1, que só não foi selecionada pelo método de seleção direta para a característica DES.

Palavras-chave: palmito juçara; índice de seleção; ganhos de seleção.

Agradecimentos: À FAPES, VALE, CAPES e CNPq.

IDENTIFICAÇÃO E VALIDAÇÃO DE MARCADORES SNP EM *Coffea canephora* USANDO SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO

Emilly Ruas Alkimim^{1*}; Tiago Vieira Sousa¹; Felipe Lopes da Silva²; Ney Sussumu Sakiyama²; Laércio Zambolim³; Eveline Teixeira Caixeta⁴

¹BIOAGRO, BioCafé, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

²Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

³Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa Viçosa-MG, Brasil.

⁴Embrapa Café, BIOAGRO, BioCafé, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.*emillyalkimim@yahoo.com.br.

O desenvolvimento e utilização de marcadores SNP para o cafeeiro abrem novas perspectivas para a avaliação da diversidade genética e estrutura de populações, envolvendo diferentes abordagens estatísticas. Essas análises permitem ainda a validação dos SNP por meio de sua capacidade de discriminação de genótipos aparentados. Portanto, o objetivo do trabalho foi identificar marcadores moleculares SNP para a espécie *Coffea canephora*, validá-los para estudos genéticos e utilizá-los para seleção de genitores e Híbridos para o melhoramento genético. Foram analisados 72 genótipos de cafeeiros, sendo 26 do grupo varietal Conilon, 26 do grupo Robusta e 20 Híbridos (Conilon x Híbrido). Utilizando a plataforma da empresa *Rapid Genomics* foram identificados 117.450 SNP. Após análises de qualidade, os 33.485 SNP restantes foram validados em análises de diversidade e estrutura genética de populações. Por meio de métodos de agrupamento foi possível separar os genótipos de acordo com seu grupo varietal, além de discriminar os Híbridos. Acessos de cafeeiros identificados erroneamente no germoplasma e no melhoramento foram detectados com os marcadores. A abordagem bayesiana realizada confirmou os resultados encontrados com os agrupamentos. A metodologia de identificação e genotipagem de SNP utilizada apresenta grande potencial na detecção e seleção de um expressivo número de marcadores SNP. O grupo varietal Conilon apresentou os menores valores de dissimilaridade genética, sugerindo-se, portanto, a introdução de novos acessos no germoplasma visando à ampliação da variabilidade. Os maiores valores de distâncias genéticas foram observados entre genótipos dos grupos heteróticos Conilon e Robusta. Os marcadores foram eficientes na avaliação da diversidade e estrutura genética de *C. canephora* e com base em sua análise foi possível selecionar cruzamentos promissores dentro e entre os grupos varietais, conforme interesse dos Programas de Melhoramento de *C. canephora*. Além disso, foi possível selecionar Híbridos com maiores distâncias os quais são importantes para os programas de *C. canephora* a fim de evitar problemas de incompatibilidade genética.

Palavras-chave: *Next generation sequencing*; *single nucleotide polymorphism*; variabilidade genética.

Agradecimentos: Esse trabalho teve o apoio financeiro da FAPEMIG, CNPq, INCT/Café e CBP&D/Café.

INDUÇÃO DE CALOGÊNESE EM MACAÚBA SOB DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE AUXINA

Antonia Maiara Marques do Nascimento^{1*}; Sérgio Yoshimitsu Motoike¹; Rachel Soares Ramos¹; Mariana Magalhães Caetano¹; Geís Ferreira Neves¹; Fernando Batista dos Santos Filho¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Viçosa –MG, Brasil.
*maiaara2011.marques@gmail.com.

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) tem despertado interesse econômico, sobretudo na indústria de biocombustíveis devido ao seu elevado teor de óleo. Entretanto, problemas na propagação desta espécie limitam seu uso, sendo necessários estudos que viabilizem a sua produção em escala comercial. Sendo assim, a micropropagação é uma excelente alternativa para a produção desta espécie em escala comercial. A embriogênese somática é uma ferramenta promissora para esta espécie, necessitando de balanços hormonais adequados para a indução de calogênese, e assim, obter embriões. Com isso, este trabalho teve por objetivo estudar diferentes concentrações da auxina Picloram e caracterizar a calogênese *in vitro* da macaúba. O experimento foi realizado no Laboratório de Cultura de Tecidos, no Setor de Fruticultura da Universidade Federal de Viçosa. Para tanto, folíolos jovens de macaúba foram desinfestados e inoculados em placas de petri constituído de sais e vitaminas Y3 acrescido de diferentes concentrações de Picloram (45; 90; 135; 180 μM). As culturas foram transferidas para sala de crescimento, ficando na ausência de luz, e temperatura de 27 ± 1 °C. Aos 90 dias após a inoculação, procedeu-se à avaliação das placas. As variáveis analisadas foram: número de explantes necrosados, número de explantes oxidados, número de explantes viáveis e número de calos por explante. Na concentração de 135 μM de Picloram foi possível observar 29% de calogênese. Nesta mesma concentração de Picloram houve 29% de necrose dos explantes. A maior taxa de necrose (43%) foi observada na concentração de 180 μM , A taxa de oxidação variou de 0 a 12%, sendo a primeira equivalente a 45 μM e a última a 90 μM . Portanto, pode-se concluir que a concentração de 135 μM de Picloram se mostrou mais eficiente na indução da calogênese *in vitro* da macaúba.

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*; embriogênese somática; Picloram

Agradecimentos: CNPq, FAPEMIG

MACRO E MICRONUTRIENTES RELACIONADOS À TOLERÂNCIA À SECA EM CAFEIROS

Willian Gabriel dos Santos^{*1}; Elder Andreazi²; Melina Marques Holderbaum¹, Ines Cristina de Batista Fonseca²; Carlos Theodoro Motta Pereira¹; Gustavo Hiroshi Sera¹.

¹Instituto Agrônômico do Paraná; ²Universidade Estadual de Londrina. E-mail do autor para correspondência: wgabriel2013@hotmail.com

A cultura do café está limitada à zona inter-tropical 20-25 °N no Havaí até a 24 °S no Brasil, principalmente devido a fatores ecológicos relacionados com a temperatura e umidade. O estresse hídrico afeta o crescimento e desenvolvimento das plantas, comprometendo todo o seu processo fisiológico. O balanço nutricional está intimamente ligado com a capacidade das plantas em tolerar períodos de deficiência hídrica. Com exceção de potássio e cálcio, todos os macronutrientes são integrados em compostos orgânicos importantes, como aminoácidos e proteínas, ácidos nucleicos, fosfolipídios e clorofila. Por outro lado, os micronutrientes parecem atuar principalmente como sinalizadores e ativadores enzimáticos. O objetivo deste estudo foi identificar tolerância à seca em linhagens de café arábica portadoras de genes de *Coffea racemosa*, por meio de parâmetros nutricionais associados ao conteúdo relativo de água das plantas e a intensidade de murcha. O experimento foi conduzido em casa de vegetação. Foram utilizadas plântulas, que ao atingirem aproximadamente seis pares de folhas, foram submetidas ao estresse hídrico por um período de 10 dias. O substrato utilizado foi a base de casca de pinus e vermiculita, com adição de formulado N-P-K 15-09-12 (16g.kg⁻¹) de liberação lenta. Foram testados três genótipos de *C. arabica* portadores de genes de *C. racemosa* (H0113-40-26-1; H0113-40-26-9 e H0113-40-26-10), além das cultivares IAPAR 59 (padrão tolerante) e Tupi IAC 1669-33 (padrão sensível). Foram determinados o conteúdo relativo de água (CRA), dado em porcentagem e avaliada a intensidade de murcha (IM) através de escala de notas visuais variando de 1 (sem sintomas de murcha foliar) à 5 (planta com folhas secas e quebradiças), além de análise química de macro e micronutrientes. O experimento foi instalado em DIC, com 5 tratamentos e nove repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de agrupamento de médias de Scott Knott à 5% de probabilidade. Os menores valores de CRA foram registrados na cultivar Tupi, que diferiu estatisticamente de H0113-40-26-10 e IAPAR 59. O menor IM foi verificado em H0113-40-26-10 e o maior em Tupi. No geral, os resultados demonstraram boa tolerância à seca para os genótipos com introgressão de genes de *C. racemosa*, com destaque para H0113-40-26-10, que teve o maior conteúdo relativo de água, menor intensidade de murcha e maiores teores de nitrogênio, fósforo, potássio, cálcio, magnésio, cobre, zinco e boro no tecido vegetal. Dessa forma, é possível que a maior absorção de nutrientes em condições de estresse hídrico esteja relacionada com a tolerância à seca em café.

Palavras-chave: déficit hídrico; melhoramento genético; nutrição mineral.

MARCADORES MOLECULARES ISSR APLICADOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DO MARACUJAZEIRO AZEDO

Amanda Fernanda Nunes Ferreira¹; Paulo Ricardo Junges dos Santos¹; Sarah Krause¹; Alexandro Cesar Faleiro¹; Anderson Fernandes de Miranda¹; Willian Krause¹

¹Universidade do Estado do Mato Grosso, Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de plantas. *E-mail do autor para correspondência: amanda.afnf@gmail.com

Os marcadores ISSR são utilizados como ferramenta que fornecem respostas importantes quanto a variabilidade genética empregados em estudos de divergência genética do maracujazeiro, permitindo a indicação de genótipos para recombinação, pois fornecem informações da variabilidade genética existente nos genótipos em estudo, além de se obter um número ilimitado de polimorfismos. Diante disso, este trabalho teve como finalidade avaliar a divergência genética entre famílias de irmãos completos de maracujazeiro utilizando marcadores moleculares ISSR. Utilizou-se 35 FIC de maracujazeiro azedo. Foram coletadas nove folhas jovens de cada FIC para extração de DNA. Para a extração de DNA utilizou-se 0,5 a 0,7 mg de tecido foliar macerado, o DNA genômico foi extraído das folhas de cada FIC, de acordo com o protocolo de Doyle e Doyle (1990) com modificações. Foram utilizados 21 iniciadores ISSR, cujas reações de amplificação foram realizadas de acordo com Oliveira (2006) com pequenas modificações, o mix para PCR (13µl) continha 10 ng de DNA genômico de *Passiflora edulis*, 1,0 µM de cada iniciador e 1,5 U de Taq DNA Polimerase, 0,2 mM de dNTP e 1,5 mM de cloreto de magnésio e tampão de PCR (1X), sendo adicionado água ultrapura para completar o volume final da reação. Todos os 21 iniciadores apresentaram polimorfismo para os 35 genótipos estudados. Um total de 108 bandas foram produzidas das quais 63 foram polimórficas. A matriz gerada obteve o seguinte coeficiente de correlação cofenética: Jaccard 0,83. Com base na matriz de distância de Jaccard, gerou-se o dendrograma. Fazendo-se um corte vertical a uma distância de ligação de 0,09 no agrupamento hierárquico dos acessos com base nas características avaliadas, observaram-se a formação de quatro grupos. O grupo I foi formado pela FIC 23, o grupo II agrupou apenas a FIC 11, o grupo III a FIC 16 e o grupo IV reuniu as demais FIC's. Na avaliação da divergência genética com a utilização de marcadores moleculares, a análise ISSR detectou um elevado número de bandas. Os *primers* ISSR apresentaram bandas nítidas e definidas. O número de *primers* e as bandas polimórficas identificadas neste estudo foram suficientes para identificação da variabilidade genética entre as 35 FIC estudadas.

Palavras-chave: variabilidade genética, *Passiflora edulis* Sims.; recombinação.

Agradecimentos: A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) pelo financiamento do projeto de pesquisa e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado.

MELHORAMENTO DO MARACUJAZEIRO: SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PRODUTIVOS EM POPULAÇÕES SEGREGANTES

Ravena Ferreira Vidal¹; Sandra da Costa Preisigke^{1*}; Eileen Azevedo Santos¹;
Paulo Ricardo dos Santos¹; Valquíria Oliveira dos Santos¹; Gessica Xavier
Torres¹; Alexandre Pio Viana¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense. *e-mail: sandrapreisigke@hotmail.com

O maracujazeiro azedo é uma fruteira amplamente produzida e consumida no Brasil. No entanto, seu cultivo é afetado pela virose do endurecimento dos frutos (CABMV). Além de resistência à doença, o melhoramento genético do maracujazeiro visa atender também às exigências do mercado consumidor, principalmente no que se refere à produção e qualidade de frutos. Sendo assim, esse trabalho objetivou-se estimar parâmetros genéticos para características agrônômicas e selecionar genótipos mais produtivos em populações segregantes de maracujazeiro resistentes ao CABMV. Foram avaliados 318 genótipos da primeira geração de retrocruzamentos entre híbridos interespecíficos resistentes ao CABMV (*Passiflora edulis* x *P. setacea*) x *P. edulis*, distribuídos em seis famílias de irmãos completos. Os genótipos foram avaliados para características massa de fruto e número de frutos por planta. Com essas variáveis foram estimados os componentes de variâncias (REML) e os efeitos genéticos aditivos preditos pelo BLUP para cada genótipo. Verificou-se baixa variância genética para as características número de fruto (NF) e massa de fruto (MF), 3,24 e 2294,88, respectivamente e altos valores de variância fenotípica (278,87 e 1114274,80, respectivamente). Os menores valores das estimativas de herdabilidade no sentido restrito e com base na média das famílias foram constatados para MF (0,0041; 0,17 respectivamente), para NF foram obtidos valores de 0,023 e 0,56, respectivamente. Valores elevados de variância fenotípica são esperados em populações segregantes, cujas características são de herança quantitativa. Neste caso, o uso de métodos de seleção mais acurados é indicado para tais características. A aplicação dos procedimentos de modelos mistos para seleção são os recomendados, visto que, mesmo com característica de baixa herdabilidade, os ganhos genéticos são preditos e os genótipos têm potencial para serem selecionados. No que se refere a seleção dos 30 melhores genótipos para MF e NF, o melhor ranqueado foi o genótipo 386, para as duas características. Os ganhos preditos com a seleção deste genótipo foi de 29,89 % para NF e de 6,24% para MF. Os ganhos variaram de 6,24% a 4,99% para MF e de 28,70% a 22,64% para NF. Em geral, os genótipos selecionados MF foram os mesmos selecionados pra NF. Com o uso dos modelos mistos foi possível obter ganhos na seleção individual de genótipos para as características estudadas.

Palavras-chave: *Passiflora*; retrocruzamento; modelos mistos.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), CAPES, CNPq e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

MÍCROPROPAGAÇÃO DE CANELA SASSAFRÁS *Ocotea odorifera* (VEIL. ROHWER)

Johny Vargas¹; Emily Tiedt ²; Sandra Cabel³

¹Pontifícia Universidade Católica do Paraná. ²Pontifícia Universidade Católica do Paraná. ³Pontifícia Universidade Católica do Paraná.
*johnywesleyvargas@yahoo.com.br

A canela sassafrás, *Ocotea odorifera* (Vell. Rohwer), é uma espécie arbórea, pertencente à família das Lauráceas, endêmica do Brasil. Corre risco de extinção, pois sofreu grande exploração nas últimas décadas. Seu desenvolvimento é exigente quanto à nutrição do solo e sua reprodução sexuada é dificultada por fatores como produção irregular, baixo vigor de sementes, predação dos frutos por pássaros, insetos e apodrecimento das sementes por fungos (AUER E GRAÇA, 1995). Assim, a propagação vegetativa visa superar essas dificuldades. A micropropagação, ou cultivo *in vitro*, consiste em cultivar assepticamente explantes em meio nutritivo, contendo concentrações adequadas de fitorreguladores para indução de crescimento, proliferação e enraizamento (CABEL, 2009). O objetivo do presente trabalho foi avaliar diferentes métodos de desinfestação superficial para o estabelecimento *in vitro* de segmentos nodais de canela sassafrás. Foram utilizadas 20 mudas provenientes de um jardim clonal estabelecida na Fazenda Experimental Gralha Azul da Pontifícia Universidade Católica do Paraná, na cidade de Fazenda Rio Grande, PR. As mudas selecionadas para o experimento foram classificadas conforme seu porte e sanidade. Foram obtidos como explantes, segmentos nodais com tamanho médio de 2 cm. O experimento foi instalado no laboratório de Biotecnologia da PUCPR, onde os segmentos nodais foram submetidos a diferentes processos de desinfestação, os quais definiram os tratamentos. Primeiramente foram lavados em água corrente por 5 minutos e tratados com álcool 70% por 1 minuto. Em seguida, foram submetidos à desinfestação superficial com NaClO 0,5% e Tween 20 (1 mL). Os tratamentos propostos foram constituídos por três diferentes tempos de imersão sob agitação, sendo 15, 20 e 30 minutos. Após, procedeu-se o enxágue com água deionizada e autoclavada. O meio de cultura utilizado foi MS básico (MURASHIGE & SKOOG, 1962). O isolamento dos segmentos nodais foi realizado em câmara de fluxo laminar e permaneceram por três dias sob ausência de luz. Posteriormente foram transferidos para câmara de crescimento (BOD) com fotoperíodo de 12 horas e temperatura constante de 25°C por 17 dias. Foi adotado o delineamento inteiramente casualizado com três repetições de 10 explantes cada. Na avaliação, verificou-se que o melhor resultado encontrado foi o tratamento correspondente a 30 minutos de agitação, onde 30% dos explantes não apresentaram contaminação fúngica ou bacteriana.

Palavras-chave: Propagação vegetativa; Lauraceae; desinfestação superficial.

Modelos mistos generalizados na avaliação de dados categóricos de progênies de *Coffea arabica*

Humberto Fanelli Carvalho^{1*}; Juliana Vieira Almeida Nonato¹; Oliveira Guerreiro Filho¹; Roberto Fritsche-Neto²; Andreza Jardelino da Silva²; Tiago Almeida de Oliveira³

¹Instituto Agronômico de Campinas, ²Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - ESALQ/USP, ³Universidade Estadual da Paraíba. *E-mail do autor para correspondência: humberto.fanelli@gmail.com.

Escalas de notas são comumente empregadas em avaliações de estresses bióticos, visando representar o dano causado pelo patógeno ou praga. Esta abordagem gera variável resposta categorizada, geralmente analisada pela distribuição Gaussiana. Por se tratar de distribuição contínua ajustada a dados categóricos, o erro padrão é inconsistente e causa viés de predição, por não levar em conta a condição discreta dos dados heterocedásticos e assimétricos. Assim, os modelos lineares generalizados mistos são os mais indicados por assumir distribuições que melhor descrevam o fenômeno observado. Diante do exposto, o objetivo foi avaliar modelos de predição do genótipo em distribuições discretas de Poisson (PO), Quasi-Poisson (QP), Binomial (BN) e Multinomial (MN) em comparação com o modelo Gaussiano (N). Os dados experimentais são oriundos de experimento localizado no Centro Experimental do IAC (22°51'30.8"S 47°04'37.0"O), em Campinas, constituído por cafeeiros de nove progênies segregantes e uma testemunha suscetível, distribuídos em delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições e parcelas de dez plantas. A resistência ao bicho-mineiro foi avaliada em 2011, por meio de escala de 1 a 5 pontos, sendo 1 plantas resistentes e 5 suscetíveis. No BN, considerou-se as plantas com notas entre 1 e 3, como resistentes (0) e entre 4 e 5, como suscetíveis (1). Em todos modelos considerou-se o efeito de blocos como fixo e o de genótipos, como aleatório. A comparação destes foi baseada no critério de informação de Akaike (AIC), na variância do erro de predição (PEV) e na coincidência de ordenamento das progênies. As análises foram realizadas por meio dos pacotes lme4, nnet e mgcv do software R. Não houve convergência do modelo MN com efeitos aleatórios, sendo o mesmo ajustado com efeitos fixos. Com isto, a PEV não pode ser estimada para este. O QP foi o que melhor se ajustou aos parâmetros avaliados, com AIC de -160,32 e PEV de 0.21, seguido pelo BN, com AIC de 331,43 e PEV de 0.65. Os valores de AIC e PEV do modelo N foram respectivamente, 899,45 e 0,21. O PO apresentou o pior ajuste com AIC de 1506,69 e PEV de 0.92. O índice de coincidência do ordenamento estimado em relação à distribuição Gaussiana foi de 1.0 para os modelos P e QP e de 0.2 e 0.4, respectivamente, para os modelos BN e MN. Dessa forma, concluímos que o QP é o modelo mais adequado para a análise de dados categóricos relacionados à resistência a estresses bióticos em progênies de cafeeiro.

Palavras-chave: *Leucoptera coffeella*; modelos de predição; estresse biótico.

MUTAÇÃO DA MACIEIRA 'IMPERIAL GALA' PARA MAIOR ÁREA VERMELHA NOS FRUTOS

Ivan Dagoberto Faoro¹; José Luiz Petri¹; Luiz Carlos Argenta¹; André Amarildo Sezerino¹

¹Epagri, Estação Experimental de Caçador, *E-mail do autor para correspondência: ivanfaoro@uol.com.br

A produção de maçãs do grupo 'Gala' correspondeu a 60,8 % da produção brasileira na safra 2013, e 51,2 % da produção de Santa Catarina na safra 2014/2015. Esses valores evidenciam a importância dos cultivares derivados de 'Gala'. Esse setor produtivo é extremamente dinâmico e busca constantemente os melhores clones para o plantio e replantio de pomares, sendo a característica mais marcante dos principais genótipos a maior área de coloração vermelha rajada nos frutos produzidos. Por isso, clones como 'Royal Gala' e 'Imperial Gala' estão sendo substituídos por 'Baigent' (= 'Brookfield'), 'Galaxy' e 'Maxi Gala'. A busca por mutantes de alta qualidade é uma constante em programas de melhoramento genético. Sendo assim, um ramo mutante espontâneo de uma planta de 'Imperial Gala', com frutos mais coloridos, foi selecionado em um pomar da Epagri/Estação Experimental de Caçador, em 2009. Segmentos desse ramo foram enxertados em outras plantas, na própria Estação. Em 2012 foi selecionado um ramo que produziu os melhores frutos quanto a aparência da coloração vermelha. Segmentos desse ramo foram enxertados em cinco plantas adultas, numa altura a 25 cm do solo, em pomar comercial da empresa Fisher, em Fraiburgo, SC. Essas plantas foram conduzidas em líder central e receberam podas normais, as quais serviram para avaliar a estabilidade da mutação, durante quatro anos. O objetivo desse trabalho foi confirmar a estabilidade da mutação e avaliar a qualidade dos frutos produzidos na safra 2016/2017. Estes, foram colhidos em estágio inicial de maturação, próprio para longo período de armazenagem, cujas características médias, considerando cinco plantas avaliadas, foram: 88,5% de intensidade de cor vermelha e 92,5% da superfície com cor vermelha sobre o fruto; firmeza de 19,1 lb; 11,1 de açúcares solúveis; acidez de 5,88 mEq de ác. málico e índice de amido de 2,1 como (escala de 1 a 9). Esses valores da percentagem de vermelho sobre o fruto foram superiores ao apresentado por 'Baigent' (70%) e 'Galaxy' (77%), colhidas no mesmo dia. Essa seleção apresenta a casca do fruto com coloração nas estrias e entre as estrias mais avermelhadas e maior área de cobertura vermelha quando comparada aos três melhores genótipos do grupo 'Gala' mais plantados no Brasil. Nas demais características, o genótipo IG09M é semelhante aos outros clones mutantes do grupo Gala, sendo suscetível à doença mancha foliar de glomerella (*Colletotrichum* spp.). Pelas suas boas características e manutenção da estabilidade qualitativa, essa seleção IG09M poderá ser lançada como novo cultivar, mas indicado para o plantio em regiões ou países onde essa doença não ocorra.

Palavras-chave: maçã; cultivar; qualidade fruto.

Agradecimentos: Ao apoio financeiro parcial do Finep, Fapesc e Fisher S/A Agroindústria.

MUTAÇÃO DA MACIEIRA 'STAR GALA' COM RESISTÊNCIA À MANCHA FOLIAR DE GLOMERELLA E MAIOR ÁREA VERMELHA NA PELÍCULA DOS FRUTOS

Ivan Dagoberto Faoro^{1*}; Luiz Carlos Argenta¹; André Amarildo Sezerino¹

¹Epagri, Estação Experimental de Caçador. *E-mail do autor para correspondência: ivanfaoro@uol.com.br

A mancha foliar de glomerella, causada pelo fungo *Colletotrichum* spp., é a doença de verão de maior importância na cultura da macieira, principalmente nas regiões mais quentes do Brasil. Causa abscisão precoce nas folhas, resultando em menor produtividade e qualidade dos frutos no ano seguinte. Ainda não existe método químico eficiente e específico para o controle dessa doença e, por isso, os produtores comumente aumentam a dosagem e a periodicidade do uso de fungicidas protetores, gerando aumento do custo de produção. As cultivares do grupo 'Gala' mais plantadas no Brasil são suscetíveis à essa doença e foram responsáveis por 60,8% da produção nacional de maçã, na safra 2012/2013. A solução mais sustentável para o controle dessa doença é o uso da resistência genética. 'Star Gala' foi o primeiro mutante do grupo 'Gala' com resistência à essa doença, mas apresenta baixa área vermelha na película nos frutos (35%) e, por isso, é pouco plantada. O objetivo desse trabalho foi avaliar um novo mutante espontâneo de 'Star Gala' para coloração mais avermelhada dos frutos, obtido em 2014 e designado como IG14MP3. A planta selecionada apresentou mutação em toda a sua extensão e foi detectada em um pomar comercial implantado em 2010, em Fraiburgo, SC. A estabilidade da mutação está em fase de observação mediante podas anuais nos ramos da planta, entre 2014 e 2017, e em ramos enxertados em plantas adultas, na Epagri/Estação Experimental de Caçador, em 2016. Em 07/04/2015 foram inoculados, em condições controladas, ramos com folhas dessa planta e de outros genótipos reconhecidamente resistentes e suscetíveis, confirmando a resistência da seleção IG14MP3 à mancha foliar de glomerella. Anualmente, essa seleção é avaliada à campo para verificar a estabilidade da mutação e eventuais sintomas da doença. Até o momento não ocorreu qualquer indício da expressão de sintomas da doença nas plantas. Considerando somente a cor da película do fruto de IG14MP3, 90% deles foram classificados em CAT 1 ou 83,3% como Extra, na safra de 2016/2017, evidenciando maior qualidade comercial quanto 'Star Gala'. Esta cultivar apresentou 55% dos frutos na CAT 1 ou 37% como Extra. A média de três anos da área de cobertura vermelha estriada na película dos frutos foi de 69% nessa seleção IG14MP3 e somente 29% em 'Star Gala'. Por isso, IG14MP3 apresenta a melhor opção para a continuidade de plantio do grupo 'Gala' no Brasil, pois alia alta resistência à mancha foliar de glomerella e boa qualidade comercial do fruto. Por isso, apresenta alto potencial para ser lançada nos próximos anos como nova cultivar de macieira.

Palavras-chave: *Malus x domestica*; cultivar, qualidade frutos.

Agradecimento: ao apoio financeiro parcial da Fapesc e Finep.

NÚMERO DE URÉDIAS PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *TECTONA GRANDIS* RESISTENTES À FERRUGEM

Kamila Christie Martins Oliveira¹; Antonio Marcos Chimello²; Nathalia Cristina Zucarelli¹; Milson Evaldo Serafim³; Leonarda Grillo Neves⁴.

¹UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil – e-mail: agroliveira@yahoo.com; ² Programa de Biotecnologia e Biodiversidade da Rede Pró Centro-Oeste - Universidade Federal de Mato Grosso. ³ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso – IFMT. ⁴Pós-doutora em Genética e Melhoramento, na UNEMAT-Campus Cáceres.

A ferrugem da teca causada pelo fungo *Olivea neotectonae* foi constatada no estado do Mato Grosso em 2009, no município de Cáceres e nos anos seguintes foi observada em outras regiões do estado. A doença causa o aparecimento de manchas de coloração marrom com pústulas (urédias) pulverulentas de coloração alaranjadas, constituídas pela massa de urediniósporos (esporos) do patógeno. O fungo quando identificado em grande intensidade ocasiona a desfolha precoce das plantas contribuindo para a redução da área fotossintética e conseqüentemente, da produção. Os problemas fitossanitários representam uma ameaça para os produtores florestais, por isso o desenvolvimento de conhecimentos neste domínio e a difusão dos mesmos é fundamental para os plantios comerciais da espécie. Estudos relacionados a quantificação do número de urédias são importantes para o controle do agente causal. Assim, este trabalho objetivou quantificar o número de urédias por cm² de *O. neotectonae*. O presente trabalho foi desenvolvido em casa de vegetação, o delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições e cada parcela composta por três plantas. Foram avaliados 30 diferentes genótipos de teca clonais, a fim de estabelecer genótipos promissores para o uso, como fontes de resistência genética à ferrugem da teca. O inóculo foi obtido de folhas de teca com sintomas de ferrugem coletados na região de Cáceres-MT. Em seguida, foram coletados os urediniósporos através da raspagem das folhas com um pincel. E posteriormente foi realizada uma suspensão de esporos com água destilada e tween 80 (0,075%), a qual foi homogeneizada em agitador magnético. A suspensão foi quantificada sob microscópio de luz com a ajuda da câmara de Neubauer para se obter uma concentração de 2 x10⁴ esporos por mL. Foi utilizado para a inoculação aproximadamente 11 mL da suspensão por planta, que foi realizada com borrifador manual pulverizando todas as folhas aos 36 dias após o transplante das mudas nos vasos. Após a inoculação, os genótipos foram cobertos com sacos pretos por 24 horas (câmara úmida). Em seguida, foi selecionada uma folha do terço médio de cada planta para a avaliação, 20 dias após a inoculação. O número de urédias foi avaliado no final do experimento. Para isso foram feitos 3 cortes das áreas mais afetadas em cada folha de cada genótipo de 1 cm² cada. Para a quantificação do número de urédias foram colocados os pedaços de folhas em placas de petri e levados à lupa. Os dados da característica avaliada foram submetidos à análise de variância e sua significância testada pelo teste F a 1%, utilizando-se o programa Genes. As médias foram comparadas pelo método de agrupamento Scott-Knott a 5% de probabilidade. Foi observada diferença significativa para a característica avaliada a 1% de probabilidade. Indicando que pelo menos um genótipo difere dos demais quanto ao padrão do número de urédias identificadas nas folhas de teca. Confirmando a existência de variabilidade para o caractere avaliado. No teste de Scott-Knott foi possível separar os 30 genótipos clonais de teca em dois grupos de médias (A e B). O grupo com os genótipos mais resistentes, apresentou médias entre 0,000 a 0,3944 urédias por cm². O grupo (B) composto por 6 genótipos (20, 7, 12, 8, 18 e 13) foi considerado susceptível a doença, apresentando valores entre 0,505 a 1,3306 urédias por cm². Os genótipos que foram considerados resistentes podem ser utilizados em programas de melhoramento futuros visando a resistência à ferrugem da teca.

Palavras-chave: Teca, *Olivea neotectonae*, Resistência Genética.

OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Passiflora* spp. VISANDO RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO COLO

Daiani da Silva de Oliveira^{1*}; Jeferson Gonçalves de Jesus¹; Guilherme Koch¹;
Kenia Kelli Coelho Gomes Viscovini¹; Thalita Neves Marostega¹; Leonarda
Grillo Neves¹

¹Universidade do Estado de Mato Grosso. *daiani.cas@hotmail.com

O maracujazeiro está entre as frutíferas tropicais com grande potencial de cultivo no Brasil, apresentando acentuada expansão e proporcionando grande popularização no mercado interno entre os diferentes segmentos de consumo. Contudo, um dos grandes problemas que impedem o avanço do *P. edulis* no país é a intolerância a fitopatógenos de solo, em especial aos que causam a podridão do colo. O controle dessas doenças é somente preventivo, pois uma vez afetada pelo patógeno, dificilmente a planta sobreviverá. Sendo assim, por ser um fungo de difícil controle e pela complexidade do patossistema (maracujazeiro x patógeno), principalmente com relação à variabilidade do patógeno, o uso de cultivares resistentes é a medida de controle mais eficiente e menos onerosa para os agricultores. Entretanto, não há registros de cultivares resistentes/tolerantes à podridão do colo, assim, uma das possibilidades é o uso de espécies silvestres (base genética ampla) que podem contribuir para aumentar o grau de resistência da espécie comercial *P. edulis*. Este trabalho pretendeu obter híbridos F₁ entre genótipos de *Passiflora* silvestre resistentes à podridão do colo com *P. edulis*. Para tanto foram selecionados os genótipos resistentes à podridão do colo (*P. nítida*, *P. cincinnata* e *P. quadrangularis*) e uma população pré melhorada de *P. edulis*, sendo o material silvestre o doador de pólen (genitor masculino) e o maracujazeiro azedo o receptor de pólen (genitor feminino). A liberação do pólen e a receptividade do estigma ocorrem no mesmo dia. Portanto, os botões florais dos genitores em pré-antese foram protegidos com sacos de papel no dia anterior à hibridação, sendo que aqueles pertencentes ao genitor feminino foram emasculados antes da antese. No dia seguinte, as anteras das espécies silvestres foram coletadas e os grãos de pólen depositados com o auxílio de pinça nos estigmas de *P. edulis*. Após a hibridação artificial, os cruzamentos foram identificados e os frutos resultantes das hibridações bem sucedidas foram coletados e com isso foram obtidas as sementes do material genético F₁. Até o momento obteve-se 3,8% dos híbridos de *P. edulis* x *P. quadrangularis*, 10,2% de *P. edulis* x *P. nítida* e 56% de *P. edulis* e *P. cincinnata*. Mediante consulta em literatura específica, o número de cromossomos e a similaridade genética entre as espécies envolvidas nos cruzamentos corroboram com os resultados encontrados.

Palavras-chave: Hibridação; Maracujazeiro; *Fusarium solani*.

PARÂMETROS FISIOLÓGICOS, BIOQUÍMICOS E DE CRESCIMENTO RELACIONADOS À TOLERÂNCIA À SECA EM CAFEEIROS

Carlos Theodoro Motta Pereira^{*1}; Elder Andreazi²; Ines Cristina de Batista Fonseca²; Melina Marques Holderbaum², Willian Gabriel dos Santos¹, Gustavo Hiroshi Sera¹.

¹Instituto Agrônomo do Paraná; ²Universidade Estadual de Londrina. E-mail do autor para correspondência: carlosthpereira@hotmail.com

O estresse por déficit hídrico prejudica todas as fases de crescimento e desenvolvimento do cafeeiro, comprometendo a produtividade, no entanto, a quantificação dos danos é difícil de ser mensurada devido à complexa rede de mecanismos e interações que atuam na resposta ao estresse hídrico. Os objetivos deste trabalho foram avaliar a resposta de tolerância à seca em linhagens de café arábica portadoras de genes de *Coffea racemosa*, por meio de parâmetros fisiológicos, bioquímicos, e de crescimento e estudar quais as variáveis, dentre esses parâmetros, estão mais relacionadas com a tolerância à seca. O trabalho foi desenvolvido em casa de vegetação com mudas de aproximadamente seis pares de folhas que foram submetidas a dois déficits hídricos sucessivos, sendo uma réplica usada como ambiente controle. Foram testados três genótipos de *Coffea arabica* portadores de genes de *C. racemosa* (H0113-40-26-1; H0113-40-26-9 e H0113-40-26-10) além das cultivares Tupi IAC 1669-33 e IAPAR 59, sensível e tolerante à seca, respectivamente. As variáveis utilizadas permitiram, de maneira geral, boa diferenciação entre os genótipos tolerantes e sensíveis à seca, porém a observação dos parâmetros em conjunto foi mais eficiente nessa separação. Fotossíntese líquida, eficiência no uso da água, eficiência intrínseca no uso da água, eficiência de carboxilação, intensidade de murcha e açúcares solúveis foram mais importantes na identificação de tolerância à seca. Ao contrário, o teor de prolina e o peso seco não foram bons indicadores para diferenciar genótipos tolerantes de sensíveis. No geral, os resultados demonstraram boa tolerância à seca para os genótipos com introgressão de genes de *C. racemosa*, com destaque para H0113-40-26-10, que teve o melhor comportamento na maioria das variáveis estudadas, apresentando maior taxa fotossintética líquida, maior eficiência no uso da água, maior eficiência intrínseca no uso da água, maior eficiência instantânea de carboxilação e maiores teores de açúcares solúveis. A utilização de parâmetros fisiológicos, bioquímicos e de crescimento, em conjunto, permitiram melhor identificação da tolerância à seca em café. O genótipo H0113-40-26-10, levando em conta todas as variáveis estudadas, pode ser considerado mais tolerante que a testemunha tolerante IAPAR 59. Os genótipos H0113-40-26-1 e H0113-40-26-9, obtiveram comportamento similar à cultivar IAPAR 59 e foram mais tolerantes à seca que Tupi IAC 1669-33.

Palavras-chave: *Coffea Racemosa*; déficit hídrico; melhoramento genético.

PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus pellita* F. MUELL EM SELVÍRIA-MS

Maiara Ribeiro Cornacini^{1*}; Silvelise Pupin²; Darlin Ulises Gonzalez Zaruma³; José Cambuim²; Celso Luís Marino¹; Paulo Henrique Müller da Silva⁴; Mario Luiz Teixeira de Moraes²

¹Instituto de Biociências, Unesp; ²Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Unesp; ³Faculdade de Ciências Agrônômicas, Unesp; ⁴Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais -IPEF.*maiara.cornacini@gmail.com

Diversas espécies de Eucaliptos são amplamente plantadas no Brasil, contudo, a produtividade verificada em áreas consideradas como novas fronteiras florestais tem sido baixa, devido principalmente à falta de genótipos adaptados. Na busca por novas espécies que possam se tornar promissoras, foi considerado o *Eucalyptus pellita*, que apresenta excelente forma de fuste, superando 40 m de altura e 1 m de diâmetro à altura do peito, sendo indicado para regiões onde não ocorrem geadas severas. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi avaliar a variação genética para a altura de plantas e sobrevivência, em um teste de progênies e procedências de *E. pellita*. O teste foi instalado em maio de 2016, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/Unesp), em Selvíria-MS. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com uma planta por parcela, 20 repetições, no espaçamento de 3,0 m × 1,5 m. Foram utilizados 206 tratamentos (progênies), oriundos do “Projeto de Populações Núcleo”, coordenado pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, sendo as procedências Anhembi, Csiro, Dendros e Helenvale. Aos seis meses de idade foi avaliada a altura total das plantas (ALT) e a sobrevivência (SOB). As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita e melhor predição linear não viciada (REML/BLUP). Os indivíduos apresentaram boa adaptação na região com 88% de SOB e média de ALT de 0,94 m. O coeficiente de variação experimental foi elevado (35% para ALT). Apesar disso, foram detectadas diferenças significativas a 1% de significância na análise de deviance. O coeficiente de herdabilidade, em nível de média de progênies, foi de 0,71 (ALT) resultando em acurácia elevada: 84%. O coeficiente de variação genética, em nível de progênies, foi alto 12,33 (ALT). De modo geral, a espécie apresentou boa adaptação na região e apesar do estágio inicial ser muito influenciado por condições ambientais foi observada variação genética, para esse caráter de crescimento. No entanto, são necessárias avaliações futuras e o acompanhamento do teste para resultados mais acurados. Portanto, o teste possibilita acessar informações para propor e executar um plano de manejo florestal, visando a conservação genética e futuros programas de melhoramento para a espécie na região do Bolsão Sul-mato-grossense, que se tornou um polo industrial e produtivo de papel e celulose.

Palavras-chaves: eucalipto; melhoramento genético; variação genética.

PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *Eucalyptus urophylla* S.T. BLAKE

Silvelise Pupin^{1*}; José Cambuim¹; Luis Susumu Sasaki¹; Darlin Ulises Gonzalez Zaruma¹; Murilo da Serra Silva¹; Thaisa Yuriko Kuboyama Kubota¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹UNESP - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. *E-mail do autor para correspondência: silvelise.pupin@gmail.com.

O *Eucalyptus urophylla* é uma das espécies mais importantes para regiões tropicais e apresenta potencial produtivo, qualidade da madeira, rusticidade e boa capacidade para produção de híbridos. Entre as técnicas que englobam a reprodução sexuada, destaca-se a formação de pomares de sementes, que consistem na seleção de parentais superiores para produção de sementes geneticamente melhoradas, agregando a manutenção da variabilidade genética e a possibilidade de adaptação a ambientes específicos. Assim, o objetivo foi avaliar a variabilidade genética e sobrevivência em progênies de segunda geração de *E. urophylla*. Para tanto, coletou-se sementes em 23 árvores matrizes de um pomar de sementes por mudas de polinização aberta. Em outubro de 2016 foi estabelecido o teste de progênies de segunda geração com 605 indivíduos, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, em Selvíria-MS. O experimento segue o delineamento de blocos casualizados, com 23 tratamentos, 30 repetições (desbalanceado), uma planta por parcela, em espaçamento de 3,0 m × 1,5 m. Aos sete meses foram avaliados a altura de plantas (ALT, m) e sobrevivência (SOB, %). Os parâmetros genéticos e componentes de variância foram obtidos pela utilização do procedimento REML/BLUP. A média para ALT foi elevada (3,96 m) e o teste da razão de verossimilhança (LRT) detectou diferenças genéticas significativas entre as progênies. Dos indivíduos avaliados, 54,8% apresentaram crescimento acima da média. Para SOB a média foi adequada (81,83%) e o LRT não foi significativo, indicando que a mortalidade de progênies foi aleatória. O coeficiente de variação experimental para ALT foi alto (25,2%) e superior ao coeficiente de variação genética aditiva (20%). Isso deve estar relacionado a pouca idade e ao efeito ambiental predominante sobre as progênies. Apesar disso, os coeficientes de herdabilidades foram elevados, sendo de 0,55±0,19 para aditiva individual e 0,83 para média de progênies, resultando em acurácia superior a 90%, indicando que existe variação e controle genético para o caractere. Assim, a presença de variação genética para altura de plantas, nessa fase inicial do teste, passa a ser um indicativo de adaptação dos genótipos a região do Bósa Sul-mato-grossense, com ótimas perspectivas de se encontrar genótipos superiores para essa área importante, em que a cultura do eucalipto está se expandindo.

Palavras-chave: eucalipto; genética quantitativa; melhoramento florestal.

Agradecimentos: FAPESP, CAPES, Eldorado Brasil, Suzano Papel e Celulose e Aperam BioEnergia.

PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES JUVENIS DE AÇAIZEIRO

Patricia Cardoso Andrade Navegantes¹; José Airton Rodrigues Nunes^{1*}; Maria do Socorro Padilha de Oliveira²

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Amazônia Oriental. *E-mail do autor para correspondência: jarnunes@dbi.ufla.br

A avaliação e caracterização de diferentes progênies de açaizeiro (*Euterpe oleracea* Mart.) para caracteres juvenis pode auxiliar na seleção em etapas mais precoces do desenvolvimento da cultura com vistas na produção de frutos. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos, além de selecionar entre e dentro de progênies de açaizeiro superiores quanto a caracteres juvenis. Para isso, foram avaliadas 34 progênies de meios-irmãos e 16 progênies de irmãos germanos e duas testemunhas, em experimento no delineamento inteiramente casualizado com oito repetições e parcela de uma planta. Foram avaliados os caracteres número de folhas (NF), número de folhas emitidas (NFE), número de folhas mortas (NFM), comprimento total da folha (CTF), comprimento da bainha foliar (CBF), altura da planta (AP), circunferência do coleto (CC), número de pares de folíolos (NPF) e número de perfilhos (NPERF) em cinco avaliações. Os dados foram analisados utilizando a metodologia de modelos mistos assim como, a predição dos valores genéticos, acurácia seletiva e o ganho com a seleção para os dois tipos de progênies. Foi observada variância genética significativa somente entre as progênies de irmãos germanos de *E. oleracea*, exceto para NPERF. Nas progênies de irmãos germanos a maioria dos caracteres teve acurácia de magnitude alta a muito alta, exceto para NPERF. As estimativas de herdabilidade na média de progênies foram de magnitude moderada com variação de 51% (NFM) a 59% (CBF). As correlações genéticas foram positivas e de moderadas a muito altas para a maioria dos caracteres estudados. Os ganhos genéticos foram mais expressivos para os caracteres AP, CBF e CC. As progênies P42, P33 e P37 se mostraram promissoras para fins de melhoramento genético do açaizeiro, na medida que apresentaram plantas superiores.

Palavras-chave: *Euterpe oleracea*, Ganhos genéticos. Modelos mistos. Valores genéticos

Agradecimentos: Capes, CNPq, FAPEMIG, Embrapa Amazonia Oriental.

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA *Terminalia argentea* EM TESTE DE PROGÊNIES DE ESPÉCIES ARBÓREAS NATIVAS

Francine Beatriz de Souza¹; Silvelise Pupin¹; José Cambuim¹; Darlin Ulises Gonzalez Zaruma¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹; Alexandre Magno Sebbenn²

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira.

²Instituto Florestal de São Paulo. *E-mail do autor para correspondência: francinnysouza@yahoo.com.br.

Terminalia argentea Mart. et Zucc., popularmente conhecida como capitão-do-campo, é uma espécie pioneira de porte arbóreo, apresenta madeira de média durabilidade, utilizada na construção civil e recomendada para recuperação de áreas degradadas, devido ao bom desenvolvimento em solos de baixa fertilidade. O objetivo desse estudo foi estimar parâmetros genéticos para volume de madeira em progênies de *T. argentea*, visando fornecer subsídios para o melhoramento genético. Para tanto, foi instalado um experimento oriundo da coleta de sementes em 28 árvores matrizes de polinização aberta, em populações naturais de *Myracrodruon urundeuva*, *Astronium fraxinifolium* e *T. argentea*, constituindo um Teste de Progênies Misto, localizado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/FEIS/UNESP), em Selvíria-MS. O delineamento experimental foi de blocos casualizados e espaçamento de 3,0 × 1,5 m. Para cada espécie, utilizaram-se 28 tratamentos (progênies), quatro repetições e dez plantas por parcela dispostas linearmente, alternando as espécies a cada parcela. Aos 22 anos de idade foi realizado um desbaste seletivo. Nas árvores abatidas foram mensuradas as alturas: total (HT) e comercial (HC), e os diâmetros em três posições, para estimar o volume real, pela cubagem rigorosa. O volume real (VR), com casca, foi estimado conforme Smalian, e gerou a equação: $y=0,0088+0,2999x$ ($R^2 = 0,90$), em que: $x=DAP^2 \cdot HT$ e $y=VR$. Os parâmetros genéticos e componentes de variância foram estimados pelo procedimento REML/BLUP. A média para volume de árvores foi de 0,0599 m³ arv⁻¹. O teste da razão de verossimilhança (LTR) indicou que existem diferenças significativas entre as progênies. O coeficiente de variação experimental foi alto (20,8%), porém, inferior ao coeficiente de variação genética aditiva individual (38,74%). A herdabilidade individual dos efeitos aditivos, média de progênies e aditiva dentro de parcelas foram de 0,33±0,13, 0,78 e 0,27, respectivamente, indicando controle genético e possibilidade de obter ganhos na seleção maiores, se baseado na herdabilidade de médias de progênies. A acurácia foi elevada (88,1%), mostrando que o valor genético estimado foi correlato ao valor genético verdadeiro. O coeficiente de variação relativa foi (0,93), indicando que esse caráter pode ser utilizado com sucesso na seleção. Assim, as progênies apresentam bom desempenho em volume de madeira para uma espécie arbórea nativa e existe variação genética para ser explorada para fins de seleção.

Palavras-chave: melhoramento florestal; variação genética; volume de madeira.

PRÉ-MELHORAMENTO DO CAMUCAMUZEIRO PARA PRECOCIDADE DE PRODUÇÃO

Bianca Galúcio Pereira Araújo^{1*}; Elaine Cristian de Sousa Coelho²; Kaoru Yuyama²

¹Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste (CETENE). ²Instituto Nacional de Pesquisas do Amazonas (INPA). *E-mail do autor para correspondência: bianca.araujo@cetene.gov.br

Natural da América Latina, o camucamuzeiro (*Myrciaria dubia* (H.B.K.) McVaugh - Myrtaceae) é encontrada distribuída por quase toda bacia Amazônica. Na forma silvestre a espécie habita as margens de rios e lagos podendo ficar totalmente submersa por até 4 meses. Seus frutos apresentam um dos maiores teores de vitamina C descritos, apresentando em média 2800 mg/ 100g de fruto. Com o auxílio do melhoramento genético, tem-se conseguido cultivar em terra firme alguns plantios comerciais, oriundos de sementes selecionados a partir de genótipos que apresentavam características agrônômicas desejáveis, como: teor de ácido ascórbico, alta produtividade, precocidade e arquitetura da planta. Nesses plantios observa-se a floração e frutificação em quase todo o ano. A presente pesquisa foi desenvolvida na Estação Experimental de Fruticultura Tropical do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA, localizada na BR 174 no KM 41 na cidade de Manaus. Para este experimento, foram utilizadas mudas provenientes de sementes de plantas em produtividade, previamente selecionadas do Banco Ativo de Germoplasma do INPA. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados em esquema fatorial 2x5, sendo dois tipos de espaçamento (4x2m e 5x2m) e cinco tipos de adubação (testemunha, calcário1 (500g.cova⁻¹) + NPK1 (20-15-20); calcário2 (1kg.cova⁻¹) + NPK1; calcário1 + NPK2 (20-30-40) e calcário2 + NPK2), totalizando dez tratamentos com dez plantas por parcela. As avaliações foram realizadas a cada três meses, tomando-se os parâmetros de altura (m), diâmetro (mm) e número de ramos da base. Após o período de avaliação, foram feitas as análises estatísticas pelo Teste de Tukey (P<0,05), onde foi obtido o resultado significativo em relação ao crescimento vegetativo, onde as plantas no tratamento testemunha apresentaram 1,29m e as plantas submetidas ao tratamento de calcário2+NPK1 (1kg de calcário+20-15-20 de NPK) apresentaram 1,27m, diferindo dos demais tratamentos. Estes resultados demonstram que, no estágio de estabelecimento das mudas em campo, as plantas não responderam positivamente a adubação aplicada, sendo necessário o acompanhamento do estádios seguintes de desenvolvimento da cultura para uma melhor avaliação e indicação de adubação que favoreça o desenvolvimento de plantas de camu-camu em ambiente de terra firme, tornando possível o manejo e controle da coleta dos frutos na maturação ideal e com melhor qualidade.

Palavras-chave: camu-camu; *Myrciaria dubia*; Banco Ativo de Germoplasma.

PRODUTIVIDADE DE CULTIVARES DE CAFÉ ARÁBICA RESISTENTES À FERRUGEM EM FRANCA, SP

Luiz Carlos Fazuoli^{1*}; Masako Toma Braghini¹; Fabrício Rodrigues Fazuoli¹; Elaine Spíndola Mantovani¹; Júlio Cesar Mistro²; Paulo Boller Gallo³

¹Bolsistas do CBP&D-Café/IAC, Campinas-SP. *fazuoli@iac.sp.gov.br

²Centro de Café Alcides Carvalho/IAC, Campinas, SP

³Polo Regional do Nordeste Paulista/APTA, Mococa, SP

A ferrugem alaranjada (*Hemileia vastatrix*) foi introduzida no Brasil em 1970 e é a principal doença do cafeeiro. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar o comportamento agrônomo, em Franca/SP, de seis cultivares de café arábica de porte baixo, resistentes à ferrugem e uma suscetível à esta doença. O experimento foi estabelecido em 29 de dezembro de 2005, na área experimental da Fundação do Café da Alta Mogiana em Franca-SP e foi conduzido sem a utilização da irrigação. O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos ao acaso, parcelas de 10 cafeeiros, com quatro repetições e no espaçamento de 3,50 x 0,70 m. As cultivares resistentes utilizadas foram: Tupi IAC 1669-33, Obatã IAC 1669-20, IAC Obatã 4739, IAC Catuaí SH3, Catucaí Amarelo 2SL, Paraíso MG1 e Catuaí Vermelho IAC 99, suscetível à ferrugem e utilizada como controle. Foram obtidas nove colheitas de café maduro, em quilogramas, no período de 2008 a 2016 e feitas outras observações agrônomicas. Os dados de produção foram transformados em sacas de café beneficiado/ha/ano. A análise estatística da produtividade de café das cultivares do experimento revelou diferenças significativas entre elas ao nível de 5%. A produtividade média de nove colheitas, em sacas de café beneficiado por hectare e por ano variou de 34,6 a 56,5. A cultivar IAC Catuaí SH3 produziu 56,5 sacas/ha/ano e foi a mais produtiva do experimento. Esta cultivar é imune à ferrugem, tolerante à seca e foi registrada e protegida pelo IAC junto ao MAPA em 2016. A cultivar IAC Obatã 4739 produziu 50,9 sacas/ha/ano e a cultivar Obatã IAC 1669-20 foi de 44,4 sacas/ha/ano. A cultivar controle Catuaí Vermelho IAC 99, produziu 37,4 sacas/ha/ano. As cultivares Paraíso MG1 e Catucaí 2 SL produziram 34,6 e 36,6 sacas/ha/ano, respectivamente, portanto, inferiores à cv. Catuaí Vermelho IAC 99. Para as três cultivares mais produtivas IAC Catuaí SH3, IAC Obatã 4739 e Obatã IAC 1669-20 os valores de IAV vigor em 2014 foram 9,0; 7,8 e 7,8 e os de IAV produção 8,5; 8,3 e 7,3, respectivamente. A maturação dos frutos destas três cultivares foi média para tardia, semelhante à cultivar Catuaí Vermelho IAC 99. O tamanho dos frutos foi médio para grande nas três cultivares. É importante frisar que mesmo sendo o experimento conduzido em condições de sequeiro, os dados obtidos revelam o ótimo comportamento agrônomo das cultivares IAC Catuaí SH3, IAC Obatã 4739 e Obatã IAC 1669-20.

Palavras-chave: café arábica; cultivares; resistência à ferrugem

Agradecimentos: APTA/IAC; Fundação do Café da Alta Mogiana; Fundação Procafé; Consórcio Pesquisa Café/Embrapa Café.

QUALIDADE DE BEBIDA DE CULTIVARES DE *Coffea arabica* EM FUNÇÃO DO PROCESSAMENTO PÓS-COLHEITA

Marcia Elaine Guimarães Lana^{1*}; Ivan de Paiva Barbosa²; Vanessa Vitoriano Pereira³; André Fraga Sudário³; Francyse Edite de Oliveira Chagas²; Antônio Alves Pereira⁴; Antônio Carlos Baião de Oliveira⁴

¹DMA/UFV; ²DBG/UFV; ³DFT/UFV; Embrapa Café/EPAMIG.
*marcia.guimaraes@ufv.br

O café é uma bebida apreciada no mundo e apresenta uma gama de sabores e aromas. Atualmente, existem muitas cultivares registradas, algumas dessas com resistência a ferrugem. No entanto poucas são as informações sobre a qualidade de bebida dessas cultivares. Desta forma objetivou-se avaliar a qualidade da bebida de cafés arábica com resistência a ferrugem processados por via úmida (despolpado) e por via seca (natural) no município de Araponga/MG, em delineamento com blocos casualizados, 2 processamentos de secagem, 2 repetições e 11 tratamentos. Foram avaliadas as cultivares resistentes a ferrugem Araponga MG1, Catiguá MG1, Catiguá MG2, Catiguá MG3, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H419-1, Pau-Brasil MG1, Sacramento MG1, H419-3-3-7-16-4-1 e Catucaí Amarelo 24/137 e a cultivar Catucaí Vermelho IAC 144 suscetível a ferrugem. Foram coletadas amostras de grãos no período de maio a agosto de 2016. Após colhidos, os grãos foram submetidos a secagem via úmida e seca para avaliação das características sensoriais da bebida. Os dados foram submetidos a análise de variância e teste de Scoott-knott (5%). Os genótipos Catucaí 144, Catucaí 24/137, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H419-1 e H 419-3-3-7-16-4-1 apresentaram notas totais superiores quando processados por via úmida em comparação com o processo por via seca. Dentro do processamento via úmida, formaram-se 4 grupos, sendo que o genótipo H 419-3-3-7-16-4-1 obteve a maior nota no primeiro grupo (86,8), o segundo grupo obteve nota de 85,1 a 85,8 sendo o genótipo Catucaí 24/137 com maior nota e o genótipo Catiguá MG2 o de menor. No terceiro grupo, a cultivar Catiguá 3(84,2) foi a de maior nota e de menor nota a Oeiras MG6851 (83,7). No quarto grupo o genótipo Sacramento obteve maior nota (83,2) e genótipo Araponga MG1 menor nota (82,4). Dentro do processamento via seca formaram-se 2 grupos, o primeiro com notas entre 84,5 (Catiguá MG1) e 82,1 (H419-3-3-7-16-4-1). No segundo grupo, os genótipos apresentaram notas entre 79,4 e 81,6. O cultivar Catucaí 24/137, quando processado por via seca, apresentou nota inferior a 80 pontos, abaixo da qualidade especial. Observa-se que os genótipos com maiores notas no processo despolpado podem não ser adequados para o processamento natural, devido à redução na qualidade de bebida. Provavelmente estes cafés apresentem características que favoreçam a fermentação. Por outro lado, os genótipos Catiguá MG1, MG2, MG3 e Pau-Brasil MG1 apresentaram notas elevadas para ambos os procedimentos.

Palavra-chave: Cultivares, qualidade de bebida, pós-colheita

Agradecimento: FAPEMIG, CAPES

QUALIDADE DE BEBIDA DE CULTIVARES DE *Coffea arabica* NA REGIÃO DAS MATAS DE MINAS

Ivan de Paiva Barbosa^{1*}; Marcia Elaine Guimarães Lana²; Diondevon Rocha de Oliveira¹; Pedro Henrique Silva Ferreira³; Alexandre Gomes Ferraz¹; Antônio Carlos Baião de Oliveira⁴; Antônio Alves Pereira⁴

¹DBG/UFV; ²DMA/UFV; ³DFT/UFV; ⁴Embrapa Café/EPAMIG. *E-mail do autor para correspondência: ivanbarbosa.agro@gmail.com

O consumo dos cafés especiais cresce no Brasil e no mundo, assim, conhecer o potencial genético das cultivares para produção de cafés especiais é indispensável. Objetiva-se avaliar a qualidade da bebida e a correlação entre os atributos de qualidade sensorial de cultivares de *Coffea arabica*. Os experimentos foram instalados nos municípios de Senhora de Oliveira, Araponga e Paula Cândido em Minas Gerais. Delineamento em blocos casualizados, três repetições e 11 tratamentos. Foram avaliadas as cultivares Araponga MG1, Catiguá MG1, Catiguá MG2, Catiguá MG3, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H419-1, Pau-Brasil MG1, Sacramento MG1, H419-3-3-7-16-4-1 e Catucaí Amarelo 24/137, com resistência a ferrugem e a cultivar Catucaí Vermelho IAC 144 suscetível a ferrugem. Foram coletadas amostras de grãos do tipo cereja entre maio a agosto de 2016. Os grãos foram submetidos a secagem via úmida para posterior avaliação das características sensoriais da bebida. Os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta e teste de Scoot-knott (5%). Foi utilizado a metodologia de rede de correlações para a visualização da matriz de correlações fenotípicas de Pearson. Os genótipos apresentaram resposta significativa para interação genótipo e ambiente. Em Paula Cândido foram formados dois grupos de médias, os genótipos Catucaí 24/137, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H 419-1, Pau-Brasil MG1 e a progênie elite H 419-3-3-7-16-4-1 apresentaram notas superiores a 84,5 pontos. Em Senhora de Oliveira foram formados três grupos de médias, sendo os genótipos Catucaí 24/137, Pau-Brasil MG1, Catiguá MG3, Catiguá MG2, Oeiras MG 6851, H 419-3-3-7-16-4-1, Paraíso MG H 419-1 com notas superiores a 84,67 pontos. Em Araponga foram formados quatro grupos de médias, sendo a progênie elite H 419-3-3-7-16-4-1 de maior nota, 86,83 pontos, e o genótipo Araponga MG1 o de menor nota, 82,42 pontos. Em todos os ambientes avaliados foram observadas correlações positivas e superiores a 0,6 entre a nota final e os atributos da análise sensorial Fragrância/Aroma, Sabor, Acidez, Corpo, Finalização, Equilíbrio e Final. Todas as cultivares apresentaram potencial para produção de cafés especiais, algumas com nota final superior à cultivar Catucaí 144. Além disso, os genótipos com maior nota final apresentam em média maiores notas para os atributos individualmente avaliados. Dessa forma, os genótipos com resistência a ferrugem avaliados no presente trabalho são boas opções para o cultivo na Região das Matas de Minas.

Palavras-chave: Qualidade sensorial, rede de correlações, cultivares.

Agradecimento: FAPEMIG, CAPES.

REPETILIDADE DE VARIÁVEIS FÍSICAS EM FRUTOS DE PEQUIZEIRO

Fernando Higino de Lima e Silva¹; Blenda Calazans Soares²; Paulo Henrique Rodrigues dos Santos²; José Sebastião Cunha Fernandes²; Elizabethe Adriana Esteves² e Miranda Titon²

¹Instituto Federal Goiano – Câmpus Rio Verde. ²Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri -UFVJM. *fernandohiginolima@gmail.com

As espécies vegetais nativas encontradas no Cerrado, principalmente as frutíferas, são de grande aceitação no mercado consumidor por seus frutos possuírem sabores marcantes e peculiares, com elevados teores de vitaminas, proteínas e sais minerais. Dentre as frutíferas nativas do Cerrado, o pequizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) merece atenção especial por apresentar elevada ocorrência nesse bioma. Estudos de pequizeiros provenientes de diferentes populações são extremamente importantes no processo de seleção de genótipos superiores devido à evidência de uma grande variabilidade de algumas características nos frutos. Outro aspecto que não pode ser ignorado em espécies perenes é que os caracteres sob seleção podem se expressar várias vezes durante o período de vida do indivíduo. Assim, avaliações sucessivas de tais caracteres devem ser realizadas para o aprimoramento da eficiência da seleção, a partir da estimativa da capacidade de um indivíduo em repetir a expressão de determinado caráter ao longo do tempo. Isto posto, o objetivo deste trabalho foi estimar os efeitos de populações e matrizes bem como o coeficiente de repetibilidade para características físicas em frutos de pequizeiro. Foram coletados dados de duas populações, por três anos consecutivos, das seguintes características: massa total do fruto; massa do mesocarpo externo; número de putâmens por fruto; massa total e média de putâmens; e massa total e média da polpa. A análise de variância foi realizada usando-se um modelo de classificação hierárquica. Os efeitos de matrizes dentro de populações foram altamente significativos para todas as características estudadas, ao passo que os efeitos destas populações não o foram para nenhuma característica, evidenciando que no dimensionamento de testes de populações e progênies, deve-se optar pelo maior número de matrizes por população em detrimento do número de populações. As estimativas de repetibilidade encontradas permitem inferir um alto controle genético para as características massa total do fruto; massa do mesocarpo externo; massa média de putâmens e massa média da polpa; e, portanto, uma maior probabilidade de expressão destas características nos descendentes clonais de matrizes selecionadas.

Palavras-chave: *Caryocar brasiliense* Camb., medidas repetidas, variabilidade genética

Agradecimentos: À CAPES, FAPEMIG e FAPEG pelo suporte técnico, financeiro e logístico.

REPRESENTATIVIDADE E DISCRIMINÂNCIA DE LOCAIS DE TESTE PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SOJA

Rodnei dos Santos^{1*}; Alana Madureira¹; Antônio Henrique Bozi¹; Lucas Vinícius Dallacorte¹; Josiane Conte¹; Vinícius de Bitencourt Bez Batti¹; Giovani Benin¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, Campus Pato Branco - PR.

*E-mail do autor para correspondência: rodn3i@hotmail.com

Em ensaios multiambientais, busca-se encontrar o local que mais represente o megaambiente em que ele está inserido, e que ao mesmo tempo proporcione maior discriminância entre os genótipos que estão sendo avaliados. A identificação de locais representativos e discriminativos maximiza a eficiência do programa de melhoramento e reduz custos com implantação e avaliações. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar locais representativos e discriminativos para a macrorregião sojícola 2, região edafoclimática 201. Foram avaliados 28 cultivares de soja em 8 ambientes de ensaios nas safras 2014/15 e 2015/16. O experimento foi conduzido pela GDM Genética do Brasil. As parcelas foram constituídas de 4 linhas com 5 metros de comprimento, onde foram colhidas as duas linhas centrais. O peso foi corrigido para 13% de umidade e os resultados extrapolados para kg ha⁻¹. Os locais de foram: Ubitatã-PR, Marechal Cândido Rondon-PR, Palotina-PR; Santa Terezinha de Itaipu-PR, Bela Vista do Paraíso-PR; Floresta-PR, Rolândia-PR e Sertãoópolis-PR. A análise de representatividade e discriminância foi avaliada através do *software* GGEbiplot. Na safra 2014/15, o município de Bela Vista do Paraíso-PR foi o local que obteve maior comprimento de vetor, indicando ser o local mais discriminativo e Floresta-PR o local que proporcionou menor discriminância entre as cultivares. Os locais mais representativos do conjunto de locais avaliados foram Rolândia-PR e Santa Terezinha de Itaipu-PR, pois obtiveram menor ângulo com a linha de seta única. O local menos representativo do conjunto de locais foi Palotina. Na safra 2015/16 o local mais discriminativo foi Sertãoópolis-PR, e o local que menos discriminou as cultivares foi Palotina-PR, diferindo dos locais da primeira safra. Porém, o local mais representativo e menos representativo na safra 2015/16 foram os mesmos da safra 2014/15, indicando comportamento similar de genótipos entre anos. Desta forma, Santa Terezinha de Itaipu-PR é o local que melhor representa os demais locais para ensaios multiambientais de cultivo de soja da macrorregião sojícola 2. O local mais discriminante não foi o mesmo entre as duas safras avaliadas, porém Ubitatã-PR foi um local que se apresentou como representativo para a macrorregião e de alta discriminância de cultivares. Desta forma, os locais Santa Terezinha de Itaipu-PR e Ubitatã-PR devem ser priorizados como ambientes de teste para a seleção de genótipos de soja superiores.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merr; GGEbiplot; Macrorregião.

RESGATE DE MATRIZES ADULTAS DE *Eucalyptus microcorys* POR MEIO DA PROPAGAÇÃO VEGETATIVA

Júlio César Tannure Faria^{1*}; Ludmila Marques dos Santos¹; Elton Grossi Amaral¹; Enéas Ricardo Konzen¹; Lucas Amaral de Melo¹; Gilvano Ebling Brondani¹

¹Universidade Federal de Lavras. *E-mail do autor para correspondência: jc.tannure@gmail.com

A maioria das espécies lenhosas sofre mudanças durante a transição da fase juvenil para a adulta, sobretudo com relação ao potencial de clonagem e vigor de crescimento. O objetivo do presente estudo foi resgatar indivíduos adultos de *Eucalyptus microcorys* por meio de técnicas de propagação vegetativa sem a necessidade de abate da matriz. Foram caracterizados dois indivíduos adultos de *E. microcorys* como matrizes (> 40 anos de idade), os quais fazem parte de um teste de procedências implantado entre os anos de 1972-1974. Foram utilizadas quatro técnicas para o resgate das matrizes, sendo elas a alporquia, estaquia, micropropagação e brotações epicórmicas. Para a técnica de alporquia, foram realizados dez alporques por indivíduo em ramos de 1 a 2 cm de diâmetro, utilizando como substrato vermiculita e material orgânico (1:1, v/v), mantidos durante 150 dias. Para a estaquia, foram coletadas 180 estacas de brotações laterais do ano, com tamanho de 3 cm com um par de folhas reduzidas pela metade, as quais receberam aplicação de ácido indolbutírico (1 mg/ml) na base por 15 segundos e foram conduzidas em tubetes contendo vermiculita e material orgânico (1:1, v/v) durante 90 dias em casa de vegetação. Para a micropropagação as coletas dos materiais ocorreram diretamente nas matrizes, tendo como padrão explantes de duas a três gemas axilares, sem presença de folhas, utilizando meio de cultura MS. Para o resgate de brotações epicórmicas foram coletados dez galhos de cada indivíduo, com diâmetros entre 1,5 a 7,2 cm, sendo mantidos em vasos com areia em casa de vegetação durante 60 dias. Após análise dos resultados, verificou-se que as técnicas de alporquia, estaquia e micropropagação não apresentaram potencial para o resgate dos materiais, havendo 100% de perda nesses experimentos. O resgate por meio de brotações epicórmicas apresentou resposta positiva quanto a emissão de novas brotações, resultando em materiais com boa qualidade e elevado volume. O diâmetro dos galhos não apresentou relação com o número de brotações. O tempo necessário para cada ciclo de coleta de novas brotações epicórmicas nos galhos foi de sete dias, sendo possível realizar até o terceiro ciclo. Com isso, pode-se afirmar que a produção de brotações epicórmicas para o resgate vegetativo de indivíduos adultos de *E. microcorys* mostrou-se viável, obtendo-se brotos com tamanho padrão e qualidade para a utilização na propagação vegetativa, sendo um resgate adequado para o cultivo *in vitro* da espécie, o qual faz parte de outro experimento que já se encontra na fase de multiplicação de gemas.

Palavras-chave: Clonagem; Resgate não-destrutivo; Brotações Epicórmicas.

Agradecimentos: À FAPEMIG, CAPES e CNPq.

RESISTÊNCIA AO ÁCARO VERMELHO EM LINHAGEM DE CAFÉ ARÁBICA COM INTROGRESSÃO DE GENES DE *Coffea racemosa*

Gustavo Hiroshi Sera^{1*}; Fernando Cesar Carducci¹; André Kikuchi Bagatim¹; Natalia Sanches Calvo¹; Valdir Mariucci Junior¹; Amanda Lovisotto Batista Martins¹

¹Instituto Agronômico do Paraná. *E-mail do autor para correspondência: gustavosera@iapar.br

O ácaro-vermelho (*Oligonychus ilicis*) é um aracnídeo que preferencialmente perfura a face superior das folhas de café e absorve o conteúdo celular, além de cobrir essa face com teia, onde ficam aderidos detritos, poeira e suas exúvias, o que prejudica na fotossíntese. Geralmente o ataque deste ácaro acontece em reboleira e quando combinado com as condições ambientais de seca e estiagem prolongadas proporciona a proliferação podendo atingir toda a lavoura. É possível o controle químico com acaricidas, porém o uso de cafeeiros resistentes seria uma boa alternativa para controle dessa praga. Entretanto, existe somente um estudo relatando a resistência do cafeeiro ao ácaro-vermelho, sendo que já foi observada resistência nas espécies *Coffea salvatrix*, *C. liberica* e *C. racemosa*. O objetivo deste trabalho foi avaliar se existe resistência ao ácaro vermelho em genótipos de *C. arabica* com introgressão de genes de *C. canephora*, *C. liberica* e *C. racemosa*. O experimento foi conduzido em casa de vegetação com condições parcialmente controladas, na sede do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR) em Londrina-PR, Brasil. As plantas de café foram conduzidas em tubos de PVC de 300 mm de diâmetro por 1,2 metro de altura e volume total de 0,2826 m³. O experimento foi instalado em DIC, com 5 tratamentos, 12 repetições e uma planta por parcela. Foram avaliadas as cultivares de *C. arabica* IPR 100, IPR 99 e IPR 103, sendo a primeira com introgressão de genes de *C. liberica* e as duas últimas de *C. canephora*, além de uma linhagem F₄ de café arábica (IAPAR H0113-40-26-10) com introgressão de *C. racemosa*. A testemunha suscetível utilizada foi *C. arabica* cv. Catuaí Vermelho IAC 99. A condição ambiental favoreceu a alta proliferação do ácaro dentro casa de vegetação. A avaliação foi visual pela porcentagem da área foliar com sintomas típicos provocados pelo ácaro-vermelho (%AF Ácaros). Foram avaliadas todas as folhas de três ramos do terço médio por parcela. Pelo teste de médias Tukey a 1%, foi verificado que as cultivares IPR 100, IPR 99, IPR 103 e Catuaí Vermelho IAC 99 não diferiram estatisticamente, com médias da %AF Ácaros, respectivamente de, 59,6, 53,0, 60,0 e 54,7%. A linhagem F₄ IAPAR H0113-40-26-10 diferiu estatisticamente de todos os genótipos e apresentou média da %AF Ácaros de 21,5%. A resistência dessa linhagem provavelmente foi originada do genótipo C1195-5-6-2, o qual é portador de genes da espécie e *C. racemosa* e já foi relatada sua resistência em um estudo anterior.

Palavras-chave: Aramosa; melhoramento genético; *Oligonychus ilicis*.

RESISTÊNCIA DE CULTIVARES DE CAFÉ ARÁBICA À MANCHA AUREOLADA EM CONDIÇÕES DE CAMPO.

Fernando Cesar Carducci^{1*}, Willian Gabriel dos Santos¹, Carlos Theodoro Motta Pereira¹, Melina Marques Holderbaum¹, Lucas Eduardo Fernandes¹, Gustavo Hiroshi Sera¹.

¹Instituto Agronômico do Paraná. *E-mail do autor para correspondência: fernando.carducci@hotmail.com

A mancha aureolada (MA) é uma importante doença provocada pela bactéria *Pseudomonas syringae* pv. *garcae*. Essa doença ocorre em regiões cafeeiras mais frias e com maior exposição ao vento. Meios de controle que amenizam essa doença são o uso de quebra ventos, controle químico com produtos à base de cobre e antibióticos e uso de cultivares resistentes. Essa última medida é a melhor alternativa para o controle da MA, porém atualmente existem pouquíssimas cultivares identificadas com resistência. O objetivo deste estudo foi avaliar a resistência à MA em cultivares de café arábica em diferentes espaçamentos e locais. Foram avaliadas 15 cultivares em dois experimentos em campo, sendo um na estação experimental do IAPAR, em Londrina (exp. 1) e outro em propriedade particular no município de Congonhinhas (exp. 2). Os experimentos foram instalados no delineamento experimental em blocos ao acaso, em esquema fatorial 4x15, com três repetições e cinco plantas por parcela. Os fatores consistiram de 4 espaçamentos entre plantas (exp. 1 = 0,40m; 0,50m; 0,60m e 0,70m/ exp. 2 = 0,30m; 0,40m; 0,50m e 0,60m) e 15 cultivares (IPR 97, IPR 98, IPR 99, IPR 100, IPR 101, IPR 102, IPR 103, IPR 104, IPR 105, IPR 106, IPR 107, IPR 108, IAPAR 59, Catuaí V. IAC 99 e Tupi IAC 1669-33). O espaçamento entre linhas dos dois experimentos foi de 2,50m. A severidade de MA foi avaliada em dezembro de 2016, em condição de infecção natural, através de escala de notas, sendo as plantas classificadas como altamente resistentes (AR), resistentes (R), moderadamente resistentes (MR), moderadamente suscetíveis (MS) e suscetíveis (S), com base nas notas médias de severidade de MA. Os dados foram transformados e submetidos à análise de variância e teste de agrupamento de médias de Scott Knott ao nível de significância de 5%. IPR 102 teve alto nível de resistência à MA, em todos espaçamentos de plantio nos municípios de Londrina e Congonhinhas. O IPR 106 apresentou moderada resistência em todos os espaçamentos e nos dois locais em condições de infecções naturais em campo. IPR 103 foi MS em Londrina e MR em Congonhinhas, enquanto que IPR 107 foi MS nos dois locais. IAPAR 59, IPR 104 e IPR 108 foram classificados de MS a MR. Além da testemunha Catuaí Vermelho IAC 99, também foram suscetíveis algumas cultivares derivadas de Híbrido de Timor e as derivadas de 'Catuaí V. IAC 81' x ('Catuaí V. IAC 81' x IAC 1110-8).

Palavras-chave: *Pseudomonas syringae* pv. *garcae*; bactéria; bacteriose; *Coffea*; melhoramento genético.

RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO AZEDO À ANTRACNOSE (*Colletotrichum gloeosporioides*), EM CONDIÇÕES DE CAMPO

Márcio De Carvalho Pires^{1*}; Isadora Nogueira²; José Ricardo Peixoto³; Anne Pinheiro Costa⁴; Daiane Da Silva Nóbrega⁵; Michelle Souza Vilela⁶.

1, 2, 3, 4, 5 e 6 Universidade de Brasília (UnB); Campus Darcy Ribeiro; Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária; Brasília; DF; Brasil. *E-mail mspires@unb.br

A escassez de cultivares resistentes a doenças é um fator limitante ao aumento da produtividade da cultura do maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims). Este trabalho teve como objetivo avaliar a resistência de 16 cruzamentos de genótipos selecionados de maracujazeiro azedo à antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*), em condições de campo. Utilizou-se delineamento de blocos casualizados, com 6 plantas por parcela e 3 repetições. As avaliações dos frutos, através da mensuração da porcentagem da área com lesões características do patógeno, foram realizadas nos meses de março, abril e maio de 2017, utilizando a margem de representação de 5 frutos por parcela. Não houve inoculação de doenças, sendo considerada a pressão de inóculo natural. A severidade e a incidência da antracnose foram estimadas de acordo com uma escala de notas, com notas variando de 1 a 4. Baseando-se nas notas médias (NM) obtidas através da escala, as plantas foram classificadas em: resistentes (R), $1 \leq NM \leq 1.5$; moderadamente resistentes (MR), $1.51 < NM \leq 2.5$; suscetíveis (S), $2.51 < NM \leq 3.5$; e altamente suscetíveis (AS), $3.51 < NM \leq 4$. Os dados foram submetidos a análise de variância, utilizando para o teste de F o nível de 5% de significância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. O cruzamento EC3-0 x MAR20#40 R3 obteve a menor média de severidade (1,11) e incidência (11%). Dos 16 cruzamentos testados, apenas dois foram classificados como moderadamente resistentes (MR), S2L AP R1 (1.51) e MAR20#46 P3 R4 X Rosa Claro R4 (1.53). Os demais apresentaram resistência ao patógeno. MAR20#100 R2 X MAR20#21 R1 (31 %) e MAR20#46 P3 R4 X Rosa Claro R4 (35 %) obtiveram as maiores médias de incidência. Houve diferença estatística entre épocas e interação época x progênie tanto para severidade como para incidência nos cruzamentos MAR20#100 R2 X MAR20#21 R1 e MAR20#24 P1 R4 X Rosa Claro P2. Os melhores cruzamentos foram selecionados para novas avaliações no programa de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Passiflora edulis* Sims; resistência a doenças; *Colletotrichum gloeosporioides*.

Agradecimentos: A FAP-DF, por fornecer os recursos financeiros para o desenvolvimento do trabalho.

RESISTÊNCIA DE MARACUJAZEIRO À VERRUGOSE EM AMBIENTE PROTEGIDO

Daiane da Silva Nóbrega^{1*}; Clarissa Ferreira Campos²; Michelle Souza Vilela³;
José Ricardo Peixoto⁴; Márcio de Carvalho Pires⁵; Isadora Nogueira¹

¹Doutoranda, Universidade de Brasília, DF; ²Doutora, Universidade de Brasília. ³Prof.^a Adjunta, Universidade de Brasília; ⁴Prof.^o Titular, Universidade de Brasília; ⁵Prof.^o Adjunto, Universidade de Brasília; *daiane_nobrega@hotmail.com

A ocorrência de doenças e pragas na cultura do maracujazeiro azedo tem representado, juntamente com deficiências nutricionais, manejo inadequado e plantas de baixa qualidade genética um grande obstáculo no aumento da produtividade da cultura. A verrugose é uma doença que provoca danos no fruto e na planta, afetando diretamente a produção e comercialização da cultura. Os trabalhos de melhoramento genético visando resistência a doenças ainda são limitados no Brasil. Visando auxiliar nesse sentido, o objetivo do trabalho foi avaliar, sob ambiente protegido, a resistência de genótipos à verrugose na fase fenológica de mudas. O experimento foi realizado em casa de vegetação, na Estação Experimental de Biologia da Universidade de Brasília. Foram avaliados os seguintes genótipos: MAR20#2005 pl2, MAR20#2005 pl4, AR pl2, MAR pl1, EC3-0 pl1, EC 3-0 pl2, FB200, Gigante Amarelo pl1, MAR20#41, HRS1RI2, MAR20#10, MAR20#15, MAR20#19, MAR20#24 pl2, MAR20#39, MAR20#44, MAR20#49, MSCA pl1, MSCA pl2, Rosa Claro pl1, Rosa Intenso pl3 e Rubi Gigante pl2. Utilizou-se delineamento de blocos casualizados, com 4 repetições, em arranjo de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas por 5 épocas de avaliação e as subparcelas formadas por 22 genótipos, totalizando 110 tratamentos. Cada unidade experimental consistiu de 6 plantas. O genótipo MAR 20#10 obteve o menor valor de severidade e baixa incidência, sendo classificado como moderadamente susceptível (MS), juntamente com os genótipos EC3-0 pl1, EC3-0 pl2, FB200 e MAR 20#19. Os demais tratamentos foram classificados como susceptíveis (S).

Palavras-chave: Passiflora, *Cladosporium herbarum*, resistência genética.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão de bolsa ao primeiro autor. À Universidade de Brasília (UnB), pela infraestrutura e apoio técnico.

SCS438 ZAFIRA – NOVA CULTIVAR DE AMEIXEIRA RESISTENTE À ESCALDADURA DAS FOLHAS (*Xylella fastidiosa*)

Marco Antonio Dalbó^{1*}; André L. Külkamp de Souza¹; Emilio Della Bruna²

¹Epagri – Estação Experimental de Videira, C.P. 21, 8956-000, Videira, SC. ²Epagri – Estação Experimental de Urussanga, C.P. 49, 88840-000, Urussanga, SC. *E-mail para correspondência: dalbo@epagri.sc.gov.br.

A ameixeira (*Prunus salicina* e híbridos), pela sua variabilidade genética, é possível de ser cultivada em condições climáticas bastante diversas. Entretanto, o seu cultivo no Brasil tem tido uma expansão limitada e o país importa quantidades significativas desta fruta. Um dos principais fatores limitantes é a escaldadura das folhas, causada pela bactéria *Xylella fastidiosa*. O programa de melhoramento de ameixa da Epagri, em Santa Catarina, tem, como um dos objetivos principais, a resistência à escaldadura. As fontes de resistência são principalmente materiais coletados na região do delta do rio Paraná (Argentina) e cultivares da Flórida, locais onde a doença é conhecida há longo tempo. A SCS438 Zafira (nome comercial: Zafira), criada por esse programa, é a primeira cultivar de ameixeira para fins comerciais que não é naturalmente infectada com *X. fastidiosa*. Foi selecionada a partir do cruzamento SC7 (Leticia x Piamontesa) x Fortune, feito em 2007, na Estação Experimental de Videira, SC. Piamontesa é uma variedade resistente originária da Argentina. Leticia e Fortune são as cultivares mais plantadas no Sul do Brasil. Plantas de Zafira estão sendo mantidas livres de *Xylella fastidiosa* por mais de dez anos, sem sintomas de infecção, além de apresentarem resultados negativos nos testes de *Xylella* por PCR. No entanto, foi observado que a transmissão da bactéria ocorre por enxertia. Aparentemente, há um mecanismo que bloqueia a transmissão por insetos vetores (cigarrinhas). Os frutos de Zafira são muito semelhantes aos de Fortune, seu parental masculino e a cultivar padrão de meia-estação no sul do Brasil. Ambas produzem frutos grandes, brilhantes e muito atraentes. No caso da Zafira, a coloração aparece cerca de uma semana mais tarde, mas o processo de maturação é mais rápido e a cor do fruto fornece uma melhor indicação do ponto de maturação. Em razão disso, tem-se observado uma melhor aceitação por parte dos consumidores em relação a Fortune. Sua grande vantagem, porém, é a possibilidade de cultivo sem a incidência da escaldadura das folhas. Para isso, é necessário que se evite qualquer tipo de sobre-enxertia com materiais suscetíveis, o que permite a entrada da bactéria através da conexão dos vasos do xilema.

Palavras-chave: ameixa; *Prunus salicina*; escaldadura

Agradecimentos: Finep, Fapesc.

SELEÇÃO DE GENITORES DE CANA-ENERGIA (*Saccharum* spp.) VIA REML/BLUP

Carlos Diniz^{1,2*}; João Santos^{1,2}; Edjane Freitas^{1,2}; Adeilson Silva^{1,2}; José Bressiani³; Hugo Soriano³; Geraldo Barbosa^{1,2}

¹ Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo/AL.² Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar, RIDESA/UFAL. ³BioVertis. * carlos_assispc@hotmail.com

Energias renováveis são importantes fontes alternativas para o desenvolvimento sustentável. A biomassa é atualmente uma das fontes para produção de energia com maior potencial de crescimento, sendo a cana-energia uma das principais opções. No entanto, existem poucas informações sobre esse novo tipo de cana. O objetivo desse trabalho foi estimar os componentes de variância genética e prever os efeitos genéticos aditivos para famílias de cana-energia. Foram realizados 81 cruzamentos seguindo o modelo dialélico desbalanceado na Estação de Floração e Cruzamentos Serra do Ouro, (Murici, Alagoas), pertencente ao Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Alagoas (PMGCA/CECA/UFAL/RIDESA). O experimento foi instalado na estação experimental da Biovertis (Barra de São Miguel, Alagoas) no delineamento em blocos ao acaso com três repetições e 72 plântulas por parcela. A variável analisada foi Tonelada de Matéria Verde por Hectare (TMVH). Os dados foram analisados com a metodologia de modelos mistos REML/BLUP. Ajustou-se o modelo: $Y = X\beta + Z u_{CGC} + Z u_{CEC} + \epsilon$, em que Y: variável observadas; X: matriz de delineamento associada a β ; β : vetor de efeitos fixos; Z: matriz de incidência associada aos efeitos aleatórios; u_{CGC} : vetor de efeito genético aditivo (aleatório) e u_{CEC} : vetor de efeito genético de dominância associado a família, portanto, com informações de Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC), respectivamente e ϵ : vetor de erros aleatórios. As análises foram realizadas com o pacote *sommer* software R (Covarrubias-Pazaran, 2017). Foram obtidos os seguintes resultados: variância genética aditiva ($\sigma_{CGC}^2 = 38,37$), variância genética de dominância entre famílias ($\sigma_{CEC}^2 = 126,11$), herdabilidade individual no sentido restrito ($h_a^2 = 0,18$), herdabilidade individual no sentido amplo ($h_g^2 = 0,79$), herdabilidade da média da família no sentido amplo ($h_{mf}^2 = 0,88$). Em relação aos efeitos genéticos, para o caractere avaliado, verificou-se que a variação genética foi explicada pelos efeitos genéticos aditivos e pelos efeitos genéticos de dominância. Observou-se ainda, que várias famílias superaram a performance média dos genitores, podendo estes serem utilizados para produzir e selecionar clones com alto potencial em biomassa, visando a obtenção de futuras cultivares RB de cana-energia.

Palavras-chave: REML/BLUP; Componentes de Variância; Capacidade Geral e Específica de Combinação.

Agradecimentos: Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar/Universidade Federal de Alagoas, BioVertis.

SELEÇÃO DE LARANJEIRAS CULTIVADAS NA MICRORREGIÃO DE GARANHUNS

Allan Deyws Francisco da Silva^{1*}; Rosimar dos Santos Musser¹; Mairon Moura daSilva²; Daniela da Silva Andrade²; Jesuito Bernardo de Araujo³

¹UFRPE-Sede.E-mail:a.deyws09@gmail.com.²UFRPE-Unidade Acadêmica de Garanhuns -UAG.³Instituto Agronômico de Pernambuco-IPA.

A citricultura é uma das atividades agrícolas de maior importância econômica e social para o Brasil, portanto, estudos de genótipos adaptados de copas e porta-enxertos principalmente para a produção de citros de mesa é fundamental para a continuidade do desenvolvimento do setor citrícola nacional. A região Nordeste é interessante por apresentar condições favoráveis ao desenvolvimento da cultura, e a Microrregião de Garanhuns no Agreste Meridional de Pernambuco, apresenta condições edafoclimáticas para produção de frutos cítricos de mesa. O estudo mostra o comportamento de cinco variedades de laranjeiras quanto a qualidade de frutos dando suporte a seleção para a diversidade da citricultura na microrregião. O experimento foi conduzido em um pomar, com doze anos de idade localizado na Estação Experimental de Brejão - PE, Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA). Na pesquisa foram utilizadas cinco variedades de laranjeiras: Bahia101, Rubi, Westin, Hamlin 02 e Sunstar. As análises físicas, físico-químicas e químicas foram realizadas em 4 frutos colhidos por parcela, de forma aleatória, nos quatro quadrantes das plantas na parte externa da copa. A colheita foi realizada, a partir do início da maturação do fruto. As amostras foram acondicionadas em sacos plásticos e conservadas em câmara fria, com temperatura entre 4 e 7°C, até o momento das análises, que foram realizadas no Laboratório de Biologia Vegetal da UFRPE-UAG, em Garanhuns-PE. O delineamento foi em blocos casualizados, composto por três repetições e uma planta por parcela. Nas avaliações físicas os resultados para massa do fruto a Westin (228,33g) apresentou maior média frente as outras variedades. No rendimento de suco a Hamlin (73,83%) obteve melhor rendimento, não diferindo das variedades Bahia 101 e Westin. O número de sementes variou entre 0,16 (Bahia 101) a 10,75 (Sunstar). Os resultados da altura e diâmetro do fruto, e espessura do epicarpo mais mesocarpo da variedade Westin apresentou melhor rendimento. Na espessura do endocarpo não houve diferença entre as variedades. Nas avaliações físico-químicas e químicas os resultados para teor de sólidos solúveis a variedade Bahia 101 apresentou a maior média (12,93° Brix). Devido a baixa acidez, a Westin (15,46) apresentou elevado teor da razão SS/AT. A Sunstar (48,21mg/100g) apresentou o maior teor de vitamina C entre as variedades. Apesar dos resultados mostrarem diferenças, todas as variedades estão dentro dos padrões exigidos pelo Programa Brasileiro para a Modernização da Horticultura para citros de mesa.

Palavras-chaves: citricultura; frutos cítricos de mesa; análises.

Agradecimentos: UFRPE-SEDE, UFRPE-UAG, IPA, CAPES.

SELEÇÃO DE MATRIZES DE SERINGUEIRA PARA O CARÁTER ALTURA COM BASE EM SOBREPOSIÇÃO DE GERAÇÕES

Murilo da Serra Silva¹, José Cambuim², Mario L. T. Moraes³, Miguel L. M. Freitas⁴

¹Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Pará - Doutorando do Programa Agronomia UNESP-FEIS, ^{2,3}UNESP-FEIS; ⁴Instituto Florestal de São Paulo. mserrasilva@yahoo.com.br

A seringueira produz látex que faz parte da constituição de diversos produtos utilizados no cotidiano. A seleção de genótipos é de importância para o melhoramento, frente as novas demandas oriundas de mudanças climáticas e/ou novos mercados. Apesar de ser uma espécie genuinamente amazônica, muitos programas de melhoramento não foram bem-sucedidos em seu local de origem, devido à alta incidência de *Microcyclus ulei*, doença de maior importância para a espécie. Por este motivo, alguns estados, entre eles Mato Grosso do Sul, possuem área de escape da doença, permitindo a prática da heveicultura. Avaliar o caráter altura é importante em diferentes fases do plantio, sobretudo no início de seu estabelecimento, uma vez que pode ser indicativo sobre quais progênies melhor irão sobreviver. Neste sentido o trabalho teve como finalidade conhecer, a partir de um teste de progênie com *Hevea brasiliensis*, o *rank* de matrizes e o percentual de indivíduos superiores em cada progênie para o caráter altura, em Selvíria-MS. As informações são procedentes de matrizes de uma população conservada *ex situ* em Marabá-PA, na qual originou o teste de progênies instalado no Município de Selvíria-MS. Foi realizado o *rank* das matrizes a partir da avaliação de indivíduos em progênies de meios irmãos. O delineamento utilizado no experimento foi blocos ao acaso, 38 tratamentos, uma planta por parcela. Os dados foram coletados de 38 progênies aos seis meses de idade. A média geral do experimento para o caráter avaliado foi de 62,27cm e considerando o valor genético aditivo, proporcionou uma nova média com valor máximo de 70,48 cm e mínimo de 62,6. A média de indivíduos superiores aos genitores para todas as progênies foi de 47%. Das 38 progênies observadas, seis apresentaram até 25% dos indivíduos superiores aos seus genitores, 18 no intervalo de 25% e 50%, e respectivamente sete entre 50% e 75% e seis entre 75% e 100%. Apenas a matriz 38 foi superior a todas as suas progênies. Portanto, em um possível programa de melhoramento considerando o caráter observado na referida idade e as condições edafoclimáticas onde estão as progênies, pode-se inferir que a matriz 38 está apta a ser propagada vegetativamente. As demais matrizes podem ser selecionadas com base em suas progênies.

Palavras-chave: *Hevea brasiliensis*; melhoramento de plantas; progênies.

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* DEHNH POR DIFERENTES CARACTERES

Marco Henrique Malheiros Bassi¹; Bruno Ettore Pavan¹; João Paulo Goulart Roel¹; Renan Furquim da Silva¹; Noemi Garcia Cestari¹; André Luis Domingues Ferreira¹; Mário Luís Teixeira de Moraes¹

¹ Unesp, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. *E-mail do autor para correspondência: pavan@agr.feis.unesp.br.

Nos trabalhos de melhoramento do *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh., a obtenção de fenótipos superiores para seleção e recombinação de famílias e indivíduos é uma ferramenta de considerável importância. Na seleção é necessário que o indivíduo selecionado reúna, simultaneamente, atributos favoráveis e confira ganhos totais mais elevados satisfazendo, tanto as exigências do consumidor quanto a dos produtores. Assim neste trabalho teve como objetivo a seleção pelo valor genotípico individual de progênies de *E. camaldulensis* para caracteres de crescimento. O teste de progênies foi instalado em Selviria-MS com delineamento em blocos casualizados com 20 repetições e uma planta por parcela. Aos oito anos de idade (2016) foram mensurados os caracteres de crescimento: diâmetro a altura do peito e altura total de árvores, a partir dessas variáveis, obteve-se o volume total com casca das árvores. Procedeu-se análise via modelos mistos RELM/BLUP obtendo os parâmetros genéticos, componentes de variância e estatísticas descritivas: variância genética aditiva; variância ambiental entre parcelas; variância residual; herdabilidade individual no sentido restrito; herdabilidade da média de progênies; acurácia da seleção de progênies; coeficiente de variação genotípica entre progênies; Média geral do experimento; e ganho com a seleção e em porcentagem com pressão de seleção de 1,5%. Todos caracteres apresentaram herdabilidades individuais médias em torno de 35%, se diferenciando de zero, logo o teste de progênies de *E. Camaldulensis* possui variabilidade genética sendo uma população passível de obter ganhos com a seleção. As herdabilidades de médias progênies também foram semelhantes só que possuindo valores mais altos, podendo assim ser vantajoso a seleção entre progênies e não individual. Os coeficientes de variação experimental e genotípico se diferenciaram entre os caracteres sendo que a altura foi o caráter que proporcionou os menores e o volume os maiores. No entanto, relação coeficiente de variação genético por experimental foi semelhante para todos os caracteres, demonstrando não haver diferenciação entre as magnitudes de variança genética entre as características estudadas. No entanto o volume foi o caráter que proporcional os maiores ganhos de seleção, sendo a população selecionada ser 100% maior que a população base, de forma que a seleção para o caráter volume apesar de ser o mais trabalhoso é recomendável para a seleção de indivíduos de progênies de *E. camaldulensis*.

Palavras-chaves: Eucalipto; herdabilidade; melhoramento genético

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO LIVRE DE *Eucalyptus camaldulensis* Dhen EM CERRADOS DE BAIXA ALTITUDE

Castro Alves da Silva Junior¹; João Paulo Goulart Roel¹; Renan Furquim da Silva¹; Noemi Garcia Cestari¹; André Luis Domingues Ferreira¹; Bruno Ettore Pavan¹; Mário Luís Teixeira de Moraes¹

¹Unesp, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Departamento de Fitotecnia, sócio economia e Tecnologia dos alimentos, Av. Brasil, Centro, 56, Ilha Solteira-SP, CEP 15385-000. *E-mail do autor para correspondência: juniorbennigton4441@gmail.com.

Com o destaque do Eucalipto na silvicultura nacional a seleção de indivíduos superiores se vê necessário, e uma das formas de obter sucesso com a seleção é na detecção de variabilidade genética e elencar caracteres que possibilitam ganhos genéticos. O *E. camaldulensis* possui relevância para a seleção de materiais adaptados a diferentes condições ecológicas pelo seu grande número de procedências, possuindo uma grande variabilidade disponível, podendo ser selecionada para diversos fins e regiões. Assim, objetivou-se nesse trabalho determinar a variabilidade genética e ganhos com a seleção de progênies de *E. camaldulensis*. O experimento foi instalado em 2008 no município de Selvíria – MS, com 133 progênies em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e cinco plantas por parcela. Aos oito anos de idade foram mensurados os caracteres diâmetro a altura do peito e altura total de árvores, e partir dessas variáveis, obteve-se o volume total. As estimativas dos componentes de variância e predição dos parâmetros genéticos foram obtidas para cada variável, utilizando-se o procedimento REML/BLUP. Os parâmetros genéticos, componentes de variância e estatísticas descritivas estudados foram: variância genética aditiva; variância ambiental entre parcelas; variância residual; herdabilidade individual; herdabilidade da média de progênies; acurácia da seleção de progênies; herdabilidade aditiva dentro de parcela; coeficiente de variação genotípica entre progênies (CV_{gp}); coeficiente de variação genotípica individual; Média geral do experimento; e ganho com a seleção. Para o ganho de seleção, visando os melhores indivíduos se fez a seleção individual destes pelo valor genético aditivo com uma intensidade de seleção de 5%. Os três caracteres avaliados apresentaram variabilidade genética significativa com herdabilidades individuais diferentes de zero. Todos os caracteres apresentaram herdabilidades individuais e de médias de progênies semelhantes em torno de 19% e 48% respectivamente. Dentre os caracteres a altura foi apresentou menor CV_{gp} demonstrando que as progênies se diferenciam menos neste caráter, sendo este menos favorável para a seleção entre progênies. Refletindo no ganho com a seleção uma vez que a altura obteve o menor ganho em porcentagem dentre as três características estudadas. Por outro lado, o volume proporcionou os maiores ganhos (42%) sendo este caráter o mais indicado para a seleção.

Palavras-chave: Eucalipto; herdabilidade; melhoramento genético

SELEÇÃO PRECOCE DE CLONES DE EUCALIPTO TOLERANTES E SUSCETÍVEIS A SECA DE PONTEIROS ASSOCIADA AO DÉFICIT HÍDRICO

Thais Roseli Corrêa¹; Natália Machado Silva¹; Samyra Alves Condé²;
Washington Luiz Pereira²; Matheus Barbosa Campos Pataro²; Bruno Tavares
Silva²; Edgard Augusto de Toledo Picoli²

¹Universidade Federal de Viçosa - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. ²Universidade Federal de Viçosa - Departamento de Biologia Vegetal.
*E-mail do autor para correspondência: thaisroselicorrea@hotmail.com

Condições de estresse hídrico causam distúrbios que podem prejudicar a cultura do eucalipto, dentre eles, a seca de ponteiros, patologia que tem sido observada em plantas de seis a dezoito meses de idade, particularmente durante os meses mais secos. Até o momento não há metodologia para selecionar clones tolerantes a seca de ponteiros em eucalipto, sendo que os mesmos são considerados tolerantes e suscetíveis a este distúrbio apenas com base em informações de ocorrência do distúrbio em áreas comerciais. Este trabalho teve como objetivo realizar a seleção precoce de acordo com características fisiológicas, morfológicas e nutricionais em clones de eucalipto tolerantes ou suscetíveis a seca de ponteiros associada ao déficit hídrico. O déficit hídrico foi simulado em mudas de eucalipto conduzidas em casa de vegetação, por meio da aplicação de polietileno glicol em diferentes concentrações e por meio da limitação de água aplicada em mudas com 110 dias de idade. Foram utilizados 12 clones comerciais de eucalipto cedidos pela empresa Suzano Papel e Celulose, que foram classificados quanto às características fisiológicas, morfológicas e nutricionais que apresentaram considerável variabilidade (herdabilidade e acurácia significativa), em ordem favorável de melhoramento. Para a seleção de clones foi utilizado o índice de Mulamba e Mock, com base nos valores genotípicos estimados. Os clones Suzano-6, Suzano-12, Suzano-10 e Suzano-9 ocuparam as primeiras posições no *ranking*, e de acordo com a classificação realizada pela empresa devido ao histórico de ocorrência em de seca de ponteiros em áreas comerciais, estes clones também são tolerantes ao distúrbio. Os clones que ocuparam as primeiras posições na média de *ranks* também são considerados tolerantes ao distúrbio em plantios comerciais, demonstrando que a presente abordagem para seleção precoce e as características utilizadas no índice de seleção, são possíveis de serem utilizadas em programas de melhoramento genético de eucalipto.

Palavras-chave: índice de seleção, estresse abiótico, espécies florestais.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG), CNPq e Suzano Papel e Celulose.

SELEÇÃO SIMULTÂNEA DOS COMPOSTOS BIOQUÍMICOS EM SEMENTES E CORRELAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart.

Marcelo Augusto Mendes Alcantara^{1*}; Silvelise Pupin²; Celso Machado³; Paulo Yoshio Kageyama⁴; Mario Luiz Teixeira de Moraes²; Miguel Luiz Menezes Freitas⁵; Celso Luis Marino¹

¹Instituto de Biociências – Unesp. ²Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - Unesp
³Companhia Energética de São Paulo - CESP. ⁴Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - USP. ⁵Instuto Florestal de São Paulo - IF. * E-mail do autor para correspondência: alcantara_bio@yahoo.com.

Acrocomia aculeata (Jacq.) Lodd. ex Mart. é uma espécie de grande ocorrência na Flora nacional. Apresenta grande potencial econômico e ambiental, a espécie abrange um leque com inúmeras utilidades, como biocombustíveis, construção civil, nutrição humana e animal ou ainda recuperação de áreas degradadas, sendo enquadrada em diversas áreas de estudo. Nesse contexto, o objetivo do estudo foi caracterizar a variabilidade genética em sementes de uma população natural de *A. aculeata* por meio de uma seleção simultânea e correlação de seus compostos químicos, para isso foram quantificados os seguintes compostos: amido, carboidratos, lipídios, macronutrientes e proteínas de reserva. As sementes utilizadas foram coletadas de 30 árvores matrizes de polinização aberta localizadas em área degradada do antigo canteiro de obras da Usina Hidroelétrica Eng. Sergio Motta da Companhia Energética de São Paulo (CESP), no município de Rosana - SP. As análises estatísticas tiveram por base o delineamento de blocos casualizados com 30 progênies e quatro repetições. As 13 características foram utilizadas com média, variância e desvio padrão conhecidos. Com a análise dos dados, foram estimadas as correlações gênicas, a divergência genética pela Distância Generalizada de Mahalanobis seguida do agrupamento pelo Método de Otimização de Tocher e o índice de Mulamba & Mock, para isso utilizou-se o *software* SELEGEM. O agrupamento e a matriz de covariâncias apresentaram convergência para os caracteres bioquímicos, evidenciando cinco grupos distintos de árvores matrizes, com 84% das árvores no primeiro grupo, 7% no segundo e 3% por grupo nos três subsequentes. O índice de Mulamba & Mock, destinado a uma seleção visando aumentar o conteúdo de todos os compostos bioquímicos, revelou índices satisfatórios, com a matriz 11 com melhor ganho estimado em 65,16%, seguida por 61,84% (matriz 16), 53,81% (matriz 14), 45,22% (matriz 18) e 39,93% (matriz 13), indicando serem fontes para um futuro programa de Melhoramento ou conservação. Tais resultados, inferem variabilidade genética nesta população, viabilizando um possível programa de melhoramento e enriquecimento florestal da espécie.

Palavras-chave: Área degradada; macaúba; caracteres bioquímicos

Agradecimentos: À CESP por ceder a área de estudo, ao IF pelo programa de Iniciação Científica e ao CNPq pela bolsa de Iniciação Científica.

SUSCETIBILIDADE AO NEMATOIDE DA GALHA DA GOIABEIRA EM POPULAÇÃO INTERESPECÍFICA DE PSIDUIM SP.

Daniele Lima Rodrigues^{1*}; Vicente Martins Gomes²; Odimar Ferreira de Almeida³; Raiane Mariani Santos¹; Rodrigo Moreira Ribeiro¹; Paulo Ricardo dos Santos¹; Eileen Azevedo Santos¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. ²Instituto Federal Fluminense. *danilr.daniele@gmail.com

O declínio da goiabeira é uma doença causada pela interação entre o nematoide da galha da goiabeira (*Meloidogyne enterolobii*) com o fungo *Fusarium solani*, que causa significativa perda da produtividade da cultura por meio da podridão radicular, posterior carência nutricional, clorose, queima dos bordos foliares, queda das folhas, acentuada queda de produtividade, que culmina na morte das plantas, em um processo irreversível de apenas alguns meses. Alguns genótipos de araçá possuem resistência ao nematoide, sendo promissores para introgressão de genes na goiabeira que é a espécie de interesse comercial. O objetivo deste estudo foi avaliar a porcentagem de híbridos interespecíficos resistentes e imunes ao nematoide da galha da goiabeira. Foram realizados os seguintes cruzamentos interespecíficos: 9.5II (*P. guajava*) x P11 (*P. cattleyanum*); 9.9I (*P. guajava*) x P52 (*P. cattleyanum*); 13.4II (*P. guajava*) x P33 (*P. cattleyanum*); 13.4II (*P. guajava*) x P51 (*P. cattleyanum*); P36 (*P. guineense*) x P11 (*P. cattleyanum*); CV1 (*P. cattleyanum*) x CV11 (*P. guineense*); e CV8 (*P. cattleyanum*) x CV11 (*P. guineense*), em que a espécie *P. cattleyanum* é a que possui a resistência. Foi feita a identificação de ovos de segundo estágio em suspensão na amostra extraída na metade do sistema radicular para classificação em imunes, resistentes e suscetíveis. Em dois cruzamentos que incluíam a goiaba: 9.5II x P11 e 9.9I x P52, todos os híbridos obtidos foram classificados como suscetíveis. Os outros cruzamentos que incluíam a goiaba obtiveram as seguintes respostas: o cruzamento 13.2II x CV4 resultou em 23,3% de plantas imunes, a mesma quantidade de resistentes e 53,3% de suscetíveis; o 13.4II x P33 resultou em 11,3% de plantas imunes, 42,5% de resistentes e 46,3% de suscetíveis; e o 13.4II x P51 resultou em 3,1% de plantas imunes, 4,2% de resistentes e 92,7% de suscetíveis. Já nos cruzamentos entre espécies de araçás as respostas alcançadas foram: P36 x P11 com 19,4% de plantas imunes, 21,3% de resistentes e 59,3% de suscetíveis; CV8 x CV11 com 18,7% de plantas imunes, 76,9% de resistentes e 4,4% de suscetíveis; e CV1 x CV11 com 18,8% de plantas imunes, 35,8% de resistentes e 45,5% de suscetíveis. O cruzamento entre *P. guajava* x *P. cattleyanum* com maior porcentagem de plantas imunes e resistentes foi o 13.4II x P33 (53,8%) e entre *P. guineense* x *P. cattleyanum* foi o CV8 x CV11 (95,6%) e as plantas resistentes e imunes são bons genótipos a serem utilizados no programa de melhoramento genético da goiabeira visando à resistência ao nematoide da galha.

Palavras-chave: declínio da goiabeira; híbridos interespecíficos; fitoresistência.

Agradecimentos: FAPERJ e CAPES

TESTE DE PATERNIDADE EM PROGÊNIES DE GOIABEIRA PALUMA

Matheus Alves Silva¹; Marina Santos Carvalho¹; Séphora Neves da Silva¹;
Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Adésio Ferreira¹

¹Universidade Federal do Espírito Santo. Centro de Ciências Agrárias e Engenharias. Departamento de Agronomia. Alto Universitário S/N – CX Postal 16, CEP: 29.500.000 – Alegre – ES, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: (adesioferreira@gmail.com).

Dentre as frutas economicamente importantes se destaca a goiaba, sendo muito utilizada tanto no consumo in natura quanto pelas indústrias. Na cultura, é relatado um fenômeno denominado metaxenia, no qual um doador de pólen pode influenciar nas características físicas e químicas dos frutos. Assim, é importante entender de forma mais ampla a polinização da espécie. Nesse trabalho objetivou-se determinar a taxa de autopolinização e polinização cruzada da goiabeira Paluma e inferir em um possível doador preferencial de pólen. Foram utilizados 23 genótipos de goiabeira presentes em pomar comercial (FruCafé) no município de Linhares, norte do Espírito Santo. Foi definida como planta mãe a goiabeira Paluma, no qual foram coletados 15 frutos considerados grandes e 15 considerados pequenos totalizando 30 frutos colhidos em ponto de colheita, e suas sementes (filhos) extraídas e colocadas para germinar em substrato. Após a germinação foi extraído o DNA de 37 plântulas obtidas de sementes de frutos grandes e 30 sementes de frutos pequenos. Folhas dos possíveis pais presentes no pomar foram coletadas e feitas extrações de DNA das mesmas. Foram testados 24 marcadores microsatélites nos possíveis pais, visando verificar o padrão de amplificação e selecionar os cinco mais polimórficos para serem utilizados também na progênie. Foi conduzido teste de paternidade, comparando o DNA genômico das sementes da goiabeira Paluma com os demais genótipos presentes no pomar. Após as análises, verificou-se que todos os filhos são provenientes de fecundação cruzada, indicando que não ocorreu autofecundação. Esse fato é favorável, uma vez que pode ocorrer incremento da produção através da polinização cruzada. Foi identificado como doador preferencial de pólen o genótipo Século XXI, com 72,73% e 94,44% de paternidade, para filhos oriundos de frutos grandes e pequenos, respectivamente. Esses dados revelam uma futura possibilidade de seleção de genótipos para composição de um pomar, a fim de aumentar a produtividade e qualidade dos frutos.

Palavras-chave: microsatélite; polinização preferencial; *Psidium guajava*

Agradecimentos: FAPES, CAPES, CNPq, UFES

TRADE-OFF no melhoramento genético da produtividade de *Pinus maximinoi*

Lucas Rodrigues Rosado^{1*}; Vinicius Gontijo Rodrigues Roque¹; Vitor Passos da Silva Júnior¹; Flávia Maria Avelar Gonçalves¹; Denilson Ferreira²

¹Programa em Genética e Melhoramento de Plantas (UFLA). ²Grupo Resinas Brasil.

*E-mail do autor para correspondência: lucasrosado@yahoo.com.br

O melhoramento genético para aumentar as dimensões das árvores, sem considerar a sua alometria podem torná-las mecanicamente instáveis diante de situações de ventos fortes. Como consequências podem ocorrer quedas, quebras e flambagem permanente dos fustes, ocasionando perdas econômicas no setor florestal. Portanto, os fustes devem ser rígidos o suficiente para resistirem às flexões aplicadas por forças mecânicas externas. Para tal, o módulo de elasticidade (E) é uma característica importante para conferir essas qualidades. Alguns trabalhos prévios, de outros autores, sugerem que o E pode ser regulado pela relação entre a altura total e o diâmetro a 1,3 m (h/d) que nos dá uma informação de como é a alocação da biomassa ao longo do fuste, sendo que as maiores relações tornam as árvores mais instáveis. O objetivo desse estudo é de prever os ganhos indiretos para produção de madeira e da melhoria na estabilidade mecânica das árvores. Os dados de diâmetro à altura do peito (DAP), altura total da árvore (Ht), volume (Vol) e o h/d foram obtidos em indivíduos com cinco anos de idade, em 23 progênies de *Pinus maximinoi* mais três testemunhas, totalizando 26 tratamentos, distribuídos em 10 blocos, com seis plantas por parcela no espaçamento 3 x 2m, implantado em Buri -SP. As correlações genotípicas e os parâmetros genéticos foram estimados pelo método REML/BLUP utilizando o software SELEGEN. Para a predição do ganho direto e indireto foi utilizado uma intensidade de seleção de 10%. Selecionando indivíduos pela a Ht, como característica preditora no ganho correlacionado, o incremento foi de 9,4% para h/d e 33,2% para o Vol. Já, utilizando o DAP como preditor, os ganhos foram de -2,0% para h/d e 23,1% para o Vol. Quando se compara a seleção indireta pela Ht e o DAP, observa-se que apesar da seleção na Ht fornecer ganhos superiores no volume, ela acarreta em uma desproporção na alocação da biomassa das árvores. Esse fenômeno é agravado quando a seleção é ao nível de progênies. Nesse caso, o ganho correlacionado, quando utilizado a Ht como preditora, foi de 5,5% para h/d e 19,4% para Vol. Utilizando o DAP como preditor, o ganho indireto foi de -1,8% para h/d e 20,8% para Vol. Os ganhos em volume foram semelhantes nas duas características preditoras, porém com os sucessivos ciclos de melhoramento, quando a seleção é realizada pela altura, podem ocorrer problemas na estabilidade mecânica das árvores, constituindo, assim, um trade-off para o melhoramento genético de árvores.

Palavras-chave: Estabilidade mecânica; Ganho genético.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, CNPq e Grupo Resinas Brasil

USO DO ALGORITMO DE GOWER NA DETERMINAÇÃO DA VARIABILIDADE PATOGENICA DE ISOLADOS DE *Fusarium solani* ASSOCIADOS AO MARACUJAZEIRO

Thalita Neves Marostega^{1*}; Lucinéia da Rocha Silva; Kenia Kelli Coelho Gomes Viscovini²; Guilherme Koch²; Lourismar Martins Araújo³; Leonarda Grillo Neves²

¹Universidade Federal de Mato Grosso. ²Universidade do Estado de Mato Grosso. ³Instituto Federal de Mato Grosso. *tamarostega@gmail.com

O cultivo do maracujá azedo, *Passiflora edulis*, vem crescendo a cada ano no Brasil, ocupando uma posição de destaque na fruticultura tropical. Contudo, para que haja uma expansão dessa cultura, em especial no estado de Mato Grosso são necessárias medidas de controle à problemas fitossanitários. Um dos principais problemas constatados é a doença Podridão do Colo, causada pelo fungo *Fusarium solani*. Em algumas situações, a incidência dessa doença no solo pode inviabilizar o cultivo do maracujá azedo por anos. Sendo assim, este trabalho buscou avaliar a diversidade genética em relação a agressividade de 19 isolados de *F. solani* coletados em *P. edulis* no estado de Mato Grosso, oriundos dos biomas Pantanal, Cerrado e Amazônia. Para tanto, produziu-se clones genéticos do acesso de *P. edulis* - UFV.UNEMAT 50 para receber os inóculos de *F. solani*. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com 20 tratamentos (19 isolados + testemunha), com quatro repetições e três plantas por parcela. Foram avaliadas 13 características de agressividade, dentre elas comprimento e largura da lesão, área normatizada abaixo da curva de expansão da área da lesão, período da inoculação até a lesão atingir mais que 50% da circunferência do caule lesionado e número de plantas que a lesão atingiu a medula. A estimativa da matriz de distância genética foi por meio da análise conjunta dos dados qualitativo e quantitativos, com base no algoritmo de Gower. E para a delimitação dos grupos foi utilizado o método de agrupamento UPGMA. Mediante resultados apresentados, constatou-se que os 19 isolados de *F. solani* mostraram agressividade variada, suficiente para separá-los em dois grupos distintos: Grupo I (mais agressivos) e Grupo II (menos agressivos). Não houve correlação entre a patogenicidade do isolado com o bioma de origem. Os isolados UNEMAT 40 e UNEMAT 46 foram os que apresentaram maiores níveis de agressividade, sendo recomendados para futuros estudos de seleção de genótipos de *P. edulis* em condução de programas de melhoramento.

Palavras-chave: Agressividade; Podridão do Colo; *Passiflora edulis*

VARIABILIDADE E POTENCIAL DE GENÓTIPOS DE MAMOEIRO PARA RESISTÊNCIA A PINTA-PRETA

Janieli Maganha Silva Vivas^{1*}; Silvaldo Felipe da Silveira¹; Marcelo Vivas¹

¹Universidade Federal do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Avenida Alberto Lamego, 2000 - Parque Califórnia - Campos dos Goytacazes – RJ. CEP: 28013-602. *E-mail: janielims19@yahoo.com.br

A pinta-preta (*Asperisporium caricae*) destaca-se como uma das mais importantes doenças do mamoeiro. Sendo o desenvolvimento de variedades resistente uma das medidas de controle. Visando subsidiar o melhoramento genético do mamoeiro, realizou-se experimento no delineamento em blocos ao acaso com cinco repetições de cada genótipo, sendo utilizados 27 genótipos. Cada unidade experimental constou de uma planta por vaso mantidos no interior do telado. A incidência de folhas com sintoma de pinta-preta (IPP), bem como a severidade de pinta-preta em folha (SPP) foram avaliadas mensalmente, durante quatro meses. Efetuou-se análise de variância conjunta dos dados, considerando-se além dos genótipos, a época de avaliação, bem como a interação entre estes dois fatores, como fontes de variação. Quando constatado efeito significativo da interação genótipo x época, foram realizadas análises separadas para cada época. Quando constatado efeito significativo, para cada característica, foram estimados as variâncias fenotípica, genotípicas e ambiental, bem como a herdabilidade e o índice de variação. Posteriormente as médias dos genótipos foram comparadas pelo teste Scott-Knott a 0,05 de probabilidade. Observou-se, efeito significativo das fontes de variação genótipo, época de avaliação e interação entre os dois fatores. Considerando as análises individuais, observou-se efeito significativo de genótipo nas duas primeiras épocas de avaliação para IPP, por outro lado para SPP houve efeito de genótipo na terceira e quarta época de avaliação. Observou-se forte influência ambiental nas avaliações conduzidas, tendo a herdabilidade estimativas que variaram de 41,98 (IPP na segunda época) à 64,24 (SPP na quarta época). Para IPP, destacam-se com menores os genótipos 'Caliman M5', 'Tailândia', 'SS PT', 'Calimosa', 'JS 12', 'Cariflora', 'STZ – 03', 'SH 12-07', 'SH 15-04', 'Papaya 46', 'FMV' e 'JS 12-4'. Já pra SPP, os genótipos com as menores médias são 'Caliman M5', 'Tailândia', 'São Mateus', 'Mamão Bené', 'Maradol', 'Maradol GL', 'Sekati', 'Americano', 'JS 12', 'Cariflora', 'SH 12-07' e 'Tainung'. Considerando as duas variáveis, os genótipos que se destacaram são 'Caliman M5', 'Tailândia', 'JS 12', 'Cariflora' e 'SH 12-07'. Tais resultados possibilitam deduzir que há variabilidade entre os acessos contidos no banco de germoplasma. Tal variabilidade pode ser usado para seleção de genótipos que agreguem além de resistência a doença, outras característica de importância para a cultura.

Palavras-chave: *Asperisporium caricae*; *Carica papaya*; Resistência genética

Agradecimentos: Cnpq e UENFf

VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE *Coffea arabica* POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES AFLP

Bruna Góes^{1*}; Patrícia Lopes²; Lucas Benicio³; Daniele Feliciano⁴; Luana Massucato⁵; Eduardo Ruas⁶; Paulo Ruas⁷

¹Doutoranda Agronomia, UEL. ²Mestranda Ciências Biológicas, UEL. ³Colab. Depto. de Bio. Geral, UEL. ⁴Mestranda Genética e Bio. Molecular, UEL. ⁵Mestranda Agronomia, UEL. ⁶Prof. Depto. de Bio. Geral, UEL. ⁷Prof. Depto. de Bio. Geral, UEL. *E-mail do autor para correspondência: brunadgoes@gmail.com.

As principais espécies de café utilizadas comercialmente são *C. arabica* e *C. canephora*, sendo *C. arabica* responsável por cerca de 70% da produção mundial de café. *C. arabica* possui uma estreita base genética, possivelmente devido ao fato de serem predominantemente autógamas e as variedades cultivadas serem originadas da seleção de poucas plantas durante o processo de dispersão da espécie, a partir do seu centro de origem, a Etiópia. O Banco de Germoplasma do IAPAR contém 132 acessos de *C. arabica* da Etiópia oriundos de coleta da FAO em 1973. O melhoramento genético convencional pode ser um processo moroso, logo, o uso de marcadores moleculares como o AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) pode tornar os programas de melhoramento mais eficientes, pois possibilitam o acesso à diversidade de forma rápida. Desta forma, este trabalho teve por objetivo avaliar a variabilidade genética de 28 acessos (10 repetições cada) de *C. arabica* provenientes da Etiópia, por meio de marcadores AFLP. Foram utilizadas amostras foliares de cada acesso, cujo registro no banco de germoplasma do IAPAR corresponde aos números 15.203 a 15.232. Foram aplicadas 4 combinações de *primers* seletivos que identificaram um total de 1580 marcadores, dos quais 93,92% foram polimórficos. O acesso 15.223 apresentou elevado polimorfismo (82,81%) em relação aos outros, enquanto que o acesso 15.211 apresentou o menor polimorfismo (55,04%). A distância genética de Reynolds foi maior entre 15.225 e 15.203 (0,411) e menor entre 15.230 e 15.231 (0,008). A AMOVA indicou que 82,82% da variabilidade genética encontram-se dentro de populações, 17,18% entre populações e o *Fst* foi de 0,1718. Os índices de polimorfismo encontrados eram esperados, visto que os exemplares que deram origem a esses acessos são provenientes do centro de origem de *C. arabica* e não passaram por processo de seleção. A AMOVA apresentou uma alta variação dentro dos acessos, isso somado ao valor do *Fst* indica uma grande variabilidade dentro dos mesmos, fator importante para plantas de reprodução autógama. As distâncias genéticas entre as amostras foram consideráveis, possibilitando que essas plantas sejam utilizadas em futuros programas de melhoramento. No presente estudo foi possível observar que os acessos da Etiópia mantiveram uma diversidade genética satisfatória e que os mesmos podem ser aproveitados para desenvolvimento de novas cultivares.

Palavras-chave: Café arábica; Marcador molecular; Diversidade genética

Agradecimentos: IAPAR

VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish EM FASE DE MUDAS

Maria Lopes Martins Avelar^{1*}; Erick Martins Nieri¹; Vitor Passos da Silva Júnior¹; Flávia Maria Avelar Gonçalves¹; Lucas Amaral de Melo¹

¹Universidade Federal de Lavras - UFLA. *E-mail do autor para correspondência: maria.lma@hotmail.com

A candeia, *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish, é uma espécie nativa, pertencente à família Asteraceae, que se desenvolve em solos com baixa profundidade efetiva e de baixa fertilidade. Sua distribuição geográfica abrange os estados de Goiás, Minas Gerais, Espírito Santo, São Paulo, Rio de Janeiro e também o Distrito Federal. É utilizada principalmente na indústria farmacêutica e de cosméticos por conter um óleo essencial, cujo princípio ativo é o alfabisabolol, mas também pode ser empregada na confecção de moirões de cerca devido à alta resistência e à durabilidade natural de sua madeira. Apesar de sua importância econômica, os estudos em melhoramento genético desta espécie ainda são escassos, o que torna necessário a continuidade dos trabalhos desenvolvidos para que seja possível selecionar as melhores progênies. Com o objetivo de determinar a variabilidade genética e identificar potenciais progênies selecionadas de meios-irmãos de *Eremanthus erythropappus*, estimando parâmetros genéticos, foi instalado um experimento em setembro de 2015, no Viveiro Florestal da Universidade Federal de Lavras, no município de Lavras, Minas Gerais. Foram produzidas mudas de 22 progênies, em tubetes de 110 cm³, preenchidos com substrato composto por 90% de fibra de coco e 10% de vermiculita, no qual foi adicionado 4 kg de adubo de liberação lenta por m³ de substrato. O experimento foi esquematizado em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições e quatorze mudas por parcela. Cem dias após a semeadura, foram realizadas avaliações das características altura total (H) e diâmetro de coleto (DC). A partir dos dados obtidos, procederam-se os estudos genéticos no software SELEGEN REML/BLUP, por meio do método REML/BLUP. De acordo com os resultados, verificou-se que as estimativas de herdabilidade média das progênies foram altas, tanto para H (0,79), quanto para DC (0,75). As acurácias foram expressivas para as duas características, com H (89%) e DC (87%), demonstrando alta correlação entre os valores estimados e reais. Portanto, mesmo em fase de mudas, foi possível verificar a existência de variabilidade genética entre as progênies, mas é preciso que avaliações em campo sejam realizadas. As progênies que apresentaram maiores ganhos dentre as 22 analisadas, para as duas variáveis, foram P8, P12 e P13.

Palavras-chave: Melhoramento genético; Candeia; Alfabisabolol

Agradecimentos: Os autores agradecem o apoio da FAPEMIG e da empresa Citróleo Indústria e Comércio de Óleos Essenciais LTDA.

VARIABILIDADE GENÉTICA E GANHO COM A SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE *Eucalyptus camaldulensis* Dhen.

Renan Furquim da Silva^{1*}; Bruno Marco Lima²; Bruno Ettore Pavan¹; João Paulo Goulart Roel¹; André Luis Domingues Ferreira¹

¹ Unesp Ilha Solteira; ² Fibria Unidade de Três Lagoas – MS; *E-mail do autor para correspondência: renans867@gmail.com

O gênero *Eucalyptus* é o mais importante para silvicultura nacional, e dentre a inúmeras espécies o *E. camaldulensis* tem papel de destaque na silvicultura moderna. Ganhando relevância após a expansão de plantios para áreas de fronteira agrícola. Devido o grande número de procedências disponíveis, o que possibilita encontrar condições mais convenientes relacionadas ao solo que se pretende florestar. No entanto para o sucesso de novos empreendimentos florestais faz-se necessário continuas melhorarias via programas de melhoramento genético, sendo uma das ferramentas mais eficientes são o uso de testes de progênies e mensuração da diversidade genética da população base. Este trabalho objetivou identificar a variabilidade genética e ganhos com seleção de progênies de *Eucalyptus camaldulensis* Dhen. Em Três Lagoas-MS. Foram avaliadas 135 famílias de polinização aberta de *E. camaldulensis* instaladas em 2008, em área pertencente a FIBRIA em Três Lagoas-MS. O experimento utilizou o delineamento de blocos casualizados, espaçamento de 3,0 m x 3,0 m, 30 repetições e uma planta por parcela experimental. Aos cinco anos de idade foram mensurados os caracteres de crescimento: diâmetro a altura do peito (DAP, cm) e altura total de árvores (ALT, m), a partir dessas variáveis, obteve-se o volume total com casca das árvores (VOL, m³). Utilizando-se o procedimento REML/BLUP no software SELEGEN. A seleção foi individual com uma intensidade de seleção de 5%. O teste de progenies apresentou variabilidade genética considerável, resultando em herdabilidades individuais médias a alta, sendo que o caractere volume foi o que apresentou maior herdabilidade 48%, pouco superior as demais, no entanto este caractere possibilitou os maiores ganhos genéticos, aferindo ganho de seleção de 63%, mesmo possuindo o maior coeficiente de variação experimental. Possivelmente da mesma forma que os coeficientes de variação de caracteres compostos são maiores o mesmo efeito recai sobre o coeficiente variação genotípico, haja visto que as melhores árvores para ALT também o são, na maioria das vezes, para DAP, gerando dessa forma um maior diferencial e seleção em VOL traduzindo em maiores ganhos. Conclui-se que o teste possui variância genética suficiente que possibilita a seleção, dentre as características o volume foi que proporcionou ganhos genéticos superiores aos demais caracteres sendo este o mais indicado para a seleção.

Palavras Chave: Melhoramento florestal; índice multiefeitos; REML/BULP.

VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE EUCALYPTUS

Liliana Hernández Hernandez¹; Rodrigo de Andrade Furlan²; Fernanda Maria Abílio³;
Carolina Medinilla Pedro⁴; Jessica Bezerra Bandeira⁵; Cristiano Bueno de Moraes⁶

¹Mestranda em Ciências Florestais e Ambientais - Universidade Federal de Tocantins - UFT, Campus de Gurupi. ²Doutorando em Ciência Florestal - Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu - FCA/UNESP. ³Engenheira Florestal da empresa Eucatex, SP, Brasil. ⁴Mestranda em Ciências Florestais e Ambientais - Universidade Federal de Tocantins - UFT. ⁵Estudante de Engenharia Florestal - Universidade Federal de Tocantins - UFT. ⁶Professor Adjunto do curso de Engenharia Florestal. Universidade Federal de Tocantins - UFT, Campus de Gurupi. - 77402970 - Gurupi, TO, Brasil. Email: lilianah111@hotmail.com.

Em melhoramento genético florestal, ensaios de campo baseados em testes de progênies de polinização aberta são muito utilizados. Tais ensaios constituem importante estratégia na seleção de plantas e contribuem para o progresso do melhoramento no Brasil. Dessa forma, o estudo teve como objetivo estimar a variabilidade genética em um teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus* ssp através dos parâmetros genéticos quantitativos na região de Anhembi, São Paulo. O experimento foi instalado no delineamento em blocos ao acaso, 44 progênies, 5 repetições e 6 plantas por parcela no espaçamento 3 m x 2 m com bordadura dupla externa. Aos cinco anos de idade, foram mensurados as seguintes características silviculturais, o diâmetro à altura do peito (DAP), altura das plantas (ALT), volume de madeira (VOL) e o incremento médio anual (IMA). Os dados coletados foram analisados pelo programa estatístico genético SELEGEN pelo modelo matemático 93, e avaliou-se a significância estatística entre os tratamentos pelo teste de razão da verossimilhança (LRT). A análise de LRT revelou diferenças significativas ($p < 0,05$) para as progênies para todas as características silviculturais, indicando a existência de variabilidade genética. Os coeficientes de herdabilidade média de progenies ($h^2_{mp} \% = 0,78$) apresentaram valores de moderado a alto, mostrando bom controle genético para as características avaliadas. O coeficiente de variação genética individual ($CV_{gi} \%$) variou de 11,85% (ALT) à 37,80% (VOL), mostrando potencial para ganhos genéticos futuros. As características diâmetro à altura do peito (DAP), altura das plantas (ALT), volume de madeira (VOL) e o incremento médio anual (IMA) apresentaram valores adequados para o coeficiente de variação experimental ($CV_{exp} \%$) variando de 7,01 à 22,32%. Portanto, conclui-se que a população, por suas características como alta variação genética e controle genético das características permite a obtenção de ganhos com a seleção entre e dentro de progênies.

Palavras-chave: Melhoramento; parâmetros genéticos; teste de progênies

Agradecimentos: À empresa Eucatex.

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES JUVENIS DE IMPORTÂNCIA SILVICULTURAL EM PROCEDÊNCIAS DE *Eucalyptus viminalis* Labill

Renan Marcelo Portela¹; Luiz Carlos Pietrowski Basso¹; Caroline Stein¹; Rafael Henrique Roque¹; Rayssa Chaves Braga¹; Evandro Vagner Tambarussi¹; Paulo Henrique Muller da Silva²

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste. ²Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF) E-mail do autor para correspondência: luiz_cpb@hotmail.com.

O *Eucalyptus viminalis* Labill. possui madeira de boa qualidade aplicável a diversos fins industriais, sendo também uma espécie de boa adaptabilidade às condições climáticas da região sul do Brasil. No entanto, informações sobre melhoramento genético da espécie ainda são escassas. Desta forma, este estudo teve objetivo de gerar informações sobre controle genético para caracteres de importância silvicultural e estudar a distribuição da variabilidade genética de procedências que serão conservadas fornecendo subsídios a um programa de melhoramento da espécie. O ensaio foi instalado na cidade de Irati, Paraná, onde o clima é Cfb, sob delineamento de blocos casualizados com 12 plantas por parcela, cinco repetições e 18 procedências. A altura de plântulas H (cm) foi avaliada, sendo realizadas duas medições (H1 e H2) após a germinação, a cada 30 dias. O modelo estatístico utilizado foi $Y_{ijkl} = m + b_i + p_j + e_{ij} + d_{ijk}$, em que, Y_{ijkl} é o valor fenotípico; m é a média geral; b_j é o efeito do bloco; p_i é o efeito da procedência; e_{ij} é o efeito da interação entre procedência e bloco (erro entre); d_{ijk} é o efeito do erro dentro de procedências. Para a estimativa dos componentes de variância utilizou-se o método REML (*Restricted Maximun Likelihood*) combinado com o procedimento VARCOMP do programa estatístico SAS. A estimativa das distâncias genéticas entre as procedências considerou a distância generalizada de Mahalanobis implementada no ambiente R. A variação genética aditiva individual (CVg_i , %) para altura em H1 e H2 foi de 33,84 e 52,03, respectivamente. As herdabilidades média de progênies (h^2_m), individual (h^2_a) e aditiva dentro da parcela (h^2_d) para a medição H1 foram de 0,0766, 0,0935 e 0,1485, respectivamente. Para a medição H2 foram de 0,141, 0,058 e 0,1067, respectivamente. Pela distância generalizada de Mahalanobis observou-se cinco grupos entre as procedências de *E. viminalis* estudadas, sendo que o primeiro e segundo grupo abrangeram 21,05% das procedências, o terceiro e quarto 31,58%, 15,79%, respectivamente, e no quinto grupo verificou-se 36,84% das procedências, indicando que *E. viminalis* tem alta dissimilaridade genética, mesmo se tratando de duas medições em um intervalo de um mês. Conclui-se que a espécie estudada possui alta variabilidade genética para os caracteres estudados, sendo os materiais potenciais para a formação de uma população base para melhoramento genético.

Palavras-chave: Genética quantitativa; Resistência ao frio; Mahalanobis

Agradecimentos: Ao Instituto de Pesquisas Florestais - IPEF

VARIAÇÃO GENÉTICA PARA O VOLUME DE MADEIRA EM PROGÊNIES DE *Astronium fraxinifolium* Schott CONSORCIADO COM DUAS ESPÉCIES ARBÓREAS NATIVAS

Mario Luiz Teixeira de Moraes^{1*}; Darlin Ulises Gonzalez Zaruma¹; José Cambuim¹; Marcela Aparecida de Moraes¹

¹Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira-FEIS/UNESP. *E-mail do autor para correspondência: teixeira@agr.feis.unesp.br.

A espécie *Astronium fraxinifolium*, família Anacardiaceae, popularmente conhecida como gonçalo-alves, é característica dos Cerrados e apresenta importância econômica pela madeira apresentar alta durabilidade e densidade podendo ser utilizada na construção civil e naval, marcenarias e dormentes. Porém, devido a estas características a espécie foi muito explorada no passado e hoje é proibido o corte em floresta primária e autorizada sob aprovação de plano de manejo florestal em floresta secundária, cerradões e cerrados. Nesse contexto, o objetivo desse estudo foi estimar parâmetros genéticos para o volume de madeira em progênies de *A. fraxinifolium*, visando fornecer subsídios para o melhoramento genético. Para tanto, foi instalado em julho de 1994, um teste de progênies misto envolvendo as espécies *A. fraxinifolium*, *Myracrodruon urundeuva* e *Terminalia argentea* feito a partir da coleta de sementes em 28 árvores matrizes de polinização aberta em fragmentos florestais da região do Bolsão sul-mato-grossense. O delineamento experimental foi de blocos casualizados com 28 tratamentos (progênies), quatro repetições e dez plantas por parcela linear no espaçamento de 3,0 × 1,5 m, localizado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE/FEIS/UNESP), em Selvíria-MS. Aos 22 anos após o plantio foi realizado um desbaste seletivo, com intensidade de 40%, e essas árvores abatidas foram mensuradas as alturas: total (HT) e comercial (HC) e os diâmetros em três posições ao longo da árvore, para estimar o volume real (VR), pela cubagem rigorosa, conforme a expressão de Smalian. A equação obtida para o VR foi: $y = 0,0036 + 0,4748x$ ($R^2 = 0,91$), em que: $x = DAP^2 \cdot HT$ e $y = VR$. As estimativas dos parâmetros genéticos, para o caráter volume, foram obtidas com base no procedimento REML/BLUP. O volume médio foi de $0,0389 \text{ m}^3 \text{ arv}^{-1}$, mas não houve diferenças significativas entre as progênies pelo teste da razão de verossimilhança (LTR). O coeficiente de variação experimental foi alto (35,2%) e a acurácia foi de média magnitude (46%). Entretanto, o coeficiente de correlação entre as parcelas foi de 9%, indicando que existe controle ambiental dentro das parcelas do experimento, dando confiabilidade nas estimativas. As herdabilidades individuais e aditivas foram abaixo de 1% e a herdabilidade média foi de 21%, indicando baixo controle genético para o caráter. No entanto, os valores dos coeficientes de variação genética individual e entre progênies foram de 18,2% e 9,1%, respectivamente, indicando base genética satisfatória. Portanto, a formação do teste de progênies misto proveniente da região do Bolsão sul-mato-grossense, permitiu resgatar o material genético que ainda resta na região, com variabilidade genética suficiente para garantir a formação de um pomar de sementes por mudas com qualidade genética para subsidiar futuros programas de melhoramento genético, visando à recuperação de áreas degradadas.

Palavras-chave: gonçalo-alves; parâmetros genéticos; pomar de sementes por mudas

VARIAÇÃO GENÉTICA PARA O VOLUME DE MADEIRA EM PROGÊNIES DE *Myracrodruon urundeuva* EM CONSÓRCIO NA REGIÃO DO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE

José Cambuim^{1*}; Murilo da Serra¹; Cesar Henrique Alves Seleguin²; Elton Moreira de Souza²; Júlio Cezar Ambrosio de Menezes³; Darlin Gonzalez Zaruma¹; Mario Luiz Teixeira de Moraes¹

¹Universidade Estadual Paulista (UNESP), Ilha Solteira. ²Faculdades Integradas de Três Lagoas (AEMS). ³Fundação Municipal de Educação e Cultura (FUNEC) Santa Fé do Sul. *E-mail do autor para correspondência: josecambuim@yahoo.com.br

Aroeira, é uma espécie arbórea, de sucessão tardia, que se encontra ameaçada de extinção; a madeira é muito procurada, devido à alta durabilidade e resistência mecânica, daí a importância do conhecimento do crescimento *ex-situ* para garantir a conservação dessa espécie, alvo de intensa exploração antrópica. O objetivo desse estudo foi estimar parâmetros genéticos para o volume de madeira em progênies de *M. urundeuva*, visando fornecer subsídios para o melhoramento genético. Para tanto, foi instalado em 12/07/1994, um experimento, oriundo da coleta de sementes em 28 árvores matrizes de polinização aberta em fragmentos florestais da região do Bolsão sul-mato-grossense. As progênies de *M. urundeuva*, foram consorciadas com progênies de *Astronium fraxinifolium* e *Terminalia argentea*, constituindo um teste de progênies misto, localizado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (UNESP), em Selvíria-MS. O delineamento experimental foi de blocos casualizados com 28 tratamentos (progênies), quatro repetições e dez plantas por parcela linear no espaçamento de 3,0 × 1,5 m. Aos 22 anos após o plantio foi realizado um desbaste seletivo, com intensidade de 40%. Nas árvores abatidas foram mensuradas as alturas: total (HT) e comercial (HC) e os diâmetros em três posições ao longo da árvore, para estimar o volume real, pela cubagem rigorosa. O volume real (VR), com casca, foi obtido conforme Smalian, que gerou a equação: $y = -0,0002 + 0,376x$ ($R^2 = 0,91$), em que: $x = DAP^2 \cdot HT$ e $y = VR$. Os parâmetros genéticos foram estimados pelo procedimento REML/BLUP. A média para o volume de árvores foi de 0,0195 m³arv⁻¹. O teste da razão de verossimilhança (LTR) indicou que existem diferenças significativas entre as progênies. A herdabilidade, em nível de média de progênies (0,62), revelando controle genético no caráter volume de madeira, revelada pelo coeficiente de variação experimental foi alta (36,2%). No entanto, a acurácia foi elevada (78,8%), mostrando que o valor genético estimado foi correlato ao valor genético verdadeiro. O coeficiente de variação relativa (0,65), indica que esse caráter pode ser utilizado na seleção. Assim, a presença de variação genética e a acurácia encontradas, para o caráter volume de madeira em progênies de *M. urundeuva*, indicam boas perspectivas de ganho na seleção, para essa espécie arbórea nativa, na região do Bolsão sul-mato-grossense.

Palavras-chave: Aroeira, Manejo florestal; Parâmetros genéticos.

Resumos dos Trabalhos de
Melhoramento Genético de Espécies
Forrageiras

ANÁLISE DE TRILHA DE CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À FORRAGEM DE MILHO

Vitor Seiti Sagae¹; Diego de Paula¹; Itaciano Junior Lepper Regente¹; Gabriela Santos de Oliveira¹; Emanuel Gava²; Marcos Ventura Faria³

¹Graduando em Agronomia, UNICENTRO; ²Mestrando em Produção Vegetal, PPGA/UNICENTRO. ³Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO. *E-mail do autor para correspondência: vsagae@gmail.com.

O objetivo do trabalho foi avaliar o desdobramento das correlações fenotípicas em efeitos diretos e indiretos das variáveis *stay green* (SG), ciclo do florescimento ao corte da forragem no ponto de silagem (CS), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), produtividade de massa seca da forragem (PMS), produtividade de grãos (PG), fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e a digestibilidade da forragem por hectare (DIG ha⁻¹). Os experimentos foram conduzidos na safra 2015/2016 em dois ambientes. O ambiente 1 (AMB 1) em Rio Bonito do Iguaçu-PR, na fazenda Rio Bonito e o ambiente 2 (AMB 2) em Guarapuava-PR, na área experimental do *campus* CEDETEG da UNICENTRO. Nos experimentos foram avaliados 135 *topcrosses* provenientes do cruzamento de 45 linhagens (obtidas a partir do híbrido comercial AS1572) com 3 testadores (AG8025, LEM3 e MLP102). O delineamento utilizado foi blocos ao acaso, com duas repetições. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de 5m de comprimento, com espaçamento de 0,8m entre linhas, totalizando população final de 70,000 plantas ha⁻¹. Realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade entre as características avaliadas, como esta foi considerada fraca, foi efetuada a análise de trilha utilizando o software Genes. As variáveis SG, CS, FDN e FDA obtiveram efeito direto negativo sobre DIG ha⁻¹, enquanto que a AP, AE, PMS e PG apresentaram efeito positivo. Para AP e AE foram estimados os valores 0,49 e 0,43, respectivamente, observando que quanto maior a AP e AE, maior a quantidade de fibras com influência direta sobre a relação com DIG ha⁻¹. Tanto FDN quanto FDA apresentaram efeitos diretos negativos (-0.51 e -0.43), constatando que quanto menor forem os teores de FDN e FDA maior será a DIG ha⁻¹. A PG apresentou efeito total de 0,33 sobre DIG ha⁻¹, no entanto, este efeito se deve ao efeito indireto da PMS via PG sobre a DIG ha⁻¹. A variável que obteve a maior estimativa sobre a DIG ha⁻¹ foi a PMS (0,87), permitindo identificar os genótipos que obtiveram maior potencial forrageiro.

Palavras-chave: milho forrageiro; digestibilidade

Agradecimentos: CNPq e Fundação Araucária.

ANÁLISE DE TRILHA E CORRELAÇÕES ENTRE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE (*Pennisetum purpureum* SCHUM.) EM CÁCERES-MT

João Paulo Egues Lira¹; Henrique Guimarães de Favare²; Joadil Gonçalves de Abreu³; Marco Antonio Aparecido Barelli⁴; Aline Vidor Melão Duarte⁵; Aldair José Pereira do Nascimento⁶; Vanderson José Ribeiro Paixão⁷.

¹Universidade do Estado de Mato Grosso.

²Universidade Federal do Estado de Mato Grosso.

*E-mail do autor para correspondência: jp_egues@hotmail.com

O capim-elefante está entre as gramíneas de maior capacidade de acumulação de matéria seca, possuindo características favoráveis para a produção de energia. Sendo assim, o objetivo do presente trabalho consiste em avaliar através análise trilha a relação direta e indireta existente entre as variáveis do capim-elefante. Os 13 genótipos foram avaliados em um experimento em blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas: comprimento de folha (CF), largura de folha (LF), altura da planta (ALT), diâmetro de colmo (DC), número de perfilho (NP), produção verde (PV), massa fresca da folha (MFF), massa fresca do colmo (MFC), massa fresca folha + colmo (MFFC), massa seca das folhas (MSF), massa seca do colmo (MSC) e massa seca folha + colmo (MSFC). Efeitos diretos e indiretos das variáveis sobre a variável dependente principal MSFC. O coeficiente de determinação (R²) da análise de trilha foi equivalente a 99,18%, indicando que a produção de MSFC pode ser explicada pelos efeitos dos caracteres analisados e o efeito residual de 9,00% reflete a contribuição das variáveis do modelo para a variável básica. Assim, o modelo explicativo adotado expressou a relação causa e efeito entre as variáveis primárias e o peso de MSFC. A MFFC apresentou a mais alta correlação com MSFC (0,8623), com efeito, direto alto (1,1820) e efeitos indiretos baixos sobre esta variável, assim, genótipos com maior peso podem ser obtidos a partir da seleção de plantas com maior MFFC. A variável DC apresentou correlação de (0,4512) demonstrando existência de associação entre os caracteres, assim, em um processo de seleção indireta para MSFC este caráter deve ser considerado. A característica LF demonstrou a terceira maior correlação com MSFC (0,3486), apresentou efeito direto baixo e negativo sobre este caráter (-0,5885), isso indica que tais correlações foram causadas pelos efeitos indiretos, via ALT e MFF. ALT está correlacionado favoravelmente com o MSFC (0,1497) e seu efeito direto é negativo (-0,00003), a MFF apresentou uma correlação positiva (0,1259) com o MSFC. A MFFC foi o que apresentou efeito positivo e relativamente alto, o que indica a presença de causa e efeito, esse caráter está relacionado a ganhos no MSFC. A LF pode ser considerada secundária na influência sobre o MSFC, porém, a presença de efeitos diretos negativos indica a dificuldade que se tem em selecionar apenas com base no comportamento dos efeitos indiretos.

Palavras-chave: Necessidade Energética; Gramíneas.

POTENCIAL PRODUTIVO DE SEMENTES DE HÍBRIDOS DE *Brachiaria* spp. DA EMBRAPA GADO DE CORTE

Arruda, C.O.C.B.de¹; Pereira, P.C.P.¹; Paula, A.A.¹; Barrios, S.C.L.²; Valle, C.B.²; Machado, R.K.W.³; Fernandes, R.C.S.⁴

¹Universidade Católica Dom Bosco; ²Embrapa Gado de Corte; ³Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul; ⁴Universidade Anhanguera – Uniderp. *Autor para correspondência: camargorosage@gmail.com

Cultivares de *Brachiaria* são as forrageiras tropicais mais utilizadas em pastagens no mundo. Entretanto, para o lançamento de uma nova cultivar é fundamental uma produção de sementes de qualidade. O objetivo deste trabalho foi avaliar 95 híbridos interespecíficos (HI) e 34 híbridos de *B. decumbens* (HD), previamente selecionados para caracteres agronômicos e resistência às cigarrinhas-das-pastagens, quanto ao potencial de produção de sementes. Aplicou-se o delineamento experimental de blocos aumentados com as testemunhas *B. brizantha* 'Marandu' e o híbrido 'Mulato II' para os híbridos interespecíficos e 'Marandu' e *B. decumbens* 'Basilisk' para os híbridos de *B. decumbens*. Estas foram replicadas e alocadas em cada repetição com parcelas de duas mudas por tratamento. A colheita das sementes foi feita manualmente no cacho e estas foram pesadas para a determinação do peso total de sementes (PTS). Após o beneficiamento, as sementes puras foram pesadas para se determinar o peso de sementes cheias (PSC) e a porcentagem de sementes cheias (SC%). Foi usado o software Selegen REML/BLUP para as análises estatísticas com abordagem de modelos mistos. Observou-se elevada precisão experimental, com estimativas de acurácia variando de 81% (PTS) a 93% (PSC) e herdabilidade de 0,65 a 0,86 para os HI, sendo significativa para PSC e %SC ($p < 0,01$). Já para o HD foram encontradas diferenças significativas ($p < 0,01$) apenas para a variável PTS com acurácia de 97% e estimativa de herdabilidade de 0,94. Verificou-se variabilidade genética entre os HI para as variáveis PSC e %SC ($p < 0,01$), mas não para PTS. Não foi observada diferença para PSC ou %SC, possivelmente devido ao número de genótipos envolvidos e/ou ao desenho experimental. Considerando-se uma intensidade de seleção de 10%, os ganhos genéticos foram de 199% e 101% para PSC e %SC para os HI. Em relação à cv. Marandu esses ganhos foram respectivamente de 141% e 15% para PSC e %SC. Foram identificados híbridos de HD superiores à cv. Basilisk para PTS e estimativas de ganho com a seleção, em relação à média da população foram obtidos (238%) para essa variável, considerando a intensidade de seleção de 10%. Foi possível identificar 29 híbridos de melhor desempenho em relação à . Basilisk quanto a PTS. Híbridos com potencial de produção de sementes superior prosseguirão para as próximas etapas do programa de melhoramento.

Palavras-chave: forrageiras; seleção; herdabilidade.

Agradecimentos: CNPq e UNIPASTO

CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES DE CAPIM-ELEFANTE PARA PRODUÇÃO DE ETANOL

Raiane Ferreira de Miranda^{1*}; Wilson Mozena Leandro¹; Tamara Rocha dos Santos¹; Maria **Elieñai** Luiz **Correia**²; Cleiton Marques Camara Lima³; Lays Fabiana dos Santos Costa¹

¹Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Goiânia, Goiás, Brasil. ²Empaer-MT, Chapada dos Guimarães, Mato Grosso, Brasil. ³ Universidade Estadual de Goiás, Goiás, Goiás, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: araianemiranda@gmail.com.

Desde a crise do petróleo em 1970, cresce a demanda por estudos buscando a produção de biocombustíveis líquidos a partir da biomassa lignocelulósica. Além de contribuir para redução da dependência de combustíveis fósseis, os biocombustíveis, consistem em uma alternativa de energia mais sustentável com redução de emissão de gases do efeito estufa. A biomassa de capim-elefante tem vantagens sobre outras matérias-primas agrícolas, devido ao seu curto período de produção, menor custo com insumos e manejo, o que se deve a adaptação da gramínea a diferentes solos e clima. O objetivo desse estudo foi caracterizar cultivares de capim-elefante com maior potencial para melhoramento genético para cultivo no Cerrado com a finalidade de produção de biocombustíveis. O estudo foi realizado em área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia. O solo no local de ensaio foi um Latossolo Vermelho Distrófico. O delineamento experimental empregado foi inteiramente casualizado, constituídos de 16 clones de capim elefante: Roxa, Sambambaia, Camará, Cameron, CNPGL 91-25-1, CNPL 93-41-1, Piracicaba 241, Cuba 116, Guaçu, Mercke, Cubana-pinda, Napier, Piracicaba 24-1, Porto Rico, Taiwana 25 e Vruwona, com cinco repetições. Os clones foram obtidos da estação experimental da Empaer-MT, em Cárceres-MT e da Universidade Federal de Goiás e o plantio foi realizado em jun/2016. Aos 11 meses após o plantio foi realizado o corte da gramínea, e caracterização das cultivares quanto diâmetro de colmos, produção de caldo e concentração de °Brix (teor de sólidos solúveis). Os resultados indicam que os maiores diâmetros de colmos ($P < 0,01$) foram obtidos com os clones Vruwona, Porto Rico, Napier, Mercke, Piracicaba 241, Camará e Roxa, com média do diâmetro de colmo de 17,2 mm. Quanto a produção de caldo, os clones Roxa e Piracicaba 24-1, apresentaram melhor desempenho. A maior concentração de °Brix foi observado nos clones Guaçu, Cubana Pinda, Piracicaba 24-1 e Porto Rico, sendo esse valor de 7. Conclui-se que os clones Piracicaba 24-1 e Roxa apresentam melhor desempenho quanto as variáveis avaliadas neste estudo. Recomenda-se estudos continuados com estas cultivares com intuito de melhoramento genético viabilizando o cultivo para produção de etanol.

Palavras-chave: Biocombustíveis; *Pennisetum purpureum* Schum; Cerrado.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, Laboratorio de Biomassa e Biogás/UFG-IFG.

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE VARIEDADES DE CAPIM-ELEFANTE COM POTENCIAL PARA CULTIVO NO CERRADO GOIANO

Tamara Rocha dos Santos¹; Wilson Mozena Leandro¹; Raiane Ferreira de Miranda¹; Maria **Elieni** Luiz **Correia**²; Cleiton Marques Camara Lima³; Lays Fabiana dos Santos Costa^{1*}

¹Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Goiânia, Goiás, Brasil.

²Empaer-MT, Chapada dos Guimarães, Mato Grosso, Brasil

³Universidade Estadual de Goiás, Goiás, Goiás, Brasil

*E-mail do autor para correspondência: tamara.rs@hotmail.com.br

A biomassa apresenta uma alternativa promissora como fonte de energia elétrica, térmica e mecânica, associada a crescente preocupação com o aquecimento global e o efeito estufa. Surge a necessidade de desenvolvimento de fontes de energia limpa e sustentável. Nesse sentido, o capim-elefante (*Pennisetum purpureum Schum*) destaca-se como cultura com potencial energético, devido à possibilidade de produzir entre 30 a 40 t há⁻¹ de massa seca. A gramínea apresenta ainda adaptação que permite desenvolver em solos com baixa fertilidade natural e tolerância ao déficit hídrico, características marcantes no Cerrado goiano. Contudo, o grande desafio ao uso da biomassa consiste na seleção de variedades de plantas com potencial para tal finalidade. O objetivo desse estudo foi caracterizar cultivares de capim elefante com potencial para ser cultivado no Cerrado Goiano. O estudo foi realizado em área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia. O solo utilizado foi um Latossolo Vermelho Distrófico. O plantio foi realizado em julho de 2016. Os clones de capim elefante foram obtidos da estação experimental da Empaer-MT, em Cárceres-MT e da Universidade Federal de Goiás. Os clones foram: Roxa, Sambambaia, Camará, Cameron, CNPGL 91-25-1, CNPL 93-41-1, Piracicaba 241 e Cuba 116, com cinco repetições. Aos 11 meses após o plantio foi realizado o corte da gramínea, e caracterização das cultivares quanto ao número de perfilhamento, altura, massa seca total (folha e colmo), diâmetro de colmos. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com 5 repetições. Os resultados indicam que a cultivar Samambaia foi a que apresentou menor o diâmetro do colmo (9mm) e altura de planta (2m) e as demais não apresentaram diferenças nestas variáveis. Com relação à produção de massa seca a cultivares Roxa e Cameron apresentaram melhor desempenho, com médias de 0,58 e 0,73 gramas por planta, respectivamente. Não houve diferença entre os clones quanto ao número de perfilho. Conclui-se que dentre as variedades de capim-elefante avaliadas as cultivares Roxa e Cameron, apresentam maior potencial para cultivo no Cerrado Goiano.

Palavras-chave: Biomassa '*Pennisetum purpureum Schum* '*'* fenotipagem.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, Laboratorio de Biomassa e Biogás/UFG-IFG.

COMBINING ABILITY FOR TOTAL GREEN-MATTER YIELD UNDER LEVELS OF SOIL FERTILITY IN *Panicum maximum*

Carlos Henrique Pereira¹; Tiago Gauto Medina³; Mateus Figueiredo Santos²; Liana Jank²; Alexandre Romeiro de Araújo²; José Airtton Rodrigues Nunes¹

¹Universidade Federal de Lavras-UFLA.

²Embrapa Gado de Corte-CNPGC.

³Universidade Católica Dom Bosco-UCDB.

*Corresponding author: chpereira88@hotmail.com

Diallel crosses are designs used to estimate the general (GCA) and specific (SCA) combining abilities and their relative magnitudes are useful for designing a more efficient breeding program. The aim of this work was to estimate GCA and SCA for total green matter yield (TGMY) in *P. maximum*, using a 10 x 10 partial diallel between apomictic and sexual plants, under two different levels of soil fertility. The crosses, parents and four commercial checks were tested in two trials, allocated in a 10 x 11 alpha-lattice design with three replicates. The plots were two rows of five plants, spaced 0.5m between plants and 1.5m between plots. Trials were conducted at Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, in soils of low and high fertility. TGMY (kg) was evaluated in each plot under three consecutive cuts in the rainy season of 2017. Genetic-statistical analyses were performed using the mixed model approach. REML/BLUP procedure was used to estimate GCA and SCA for parents and crosses, respectively. The average TGMY(kg) was 4.81 kg.plot⁻¹ in the low-fertility soil and 11.46 kg.plot⁻¹ in the high-fertility soil, showing the presence of a high environmental effect. There were significant differences for GCA among apomictic and sexual parents and there were no significant differences for SCA at both levels of soil fertility. In the high-fertility soil, GCA BLUPs ranged from -3.28 to 1.38 and from -0.37 to 0.24 kg.plot⁻¹ for the apomictic and sexual parents, respectively; in the low-fertility soil, GCA BLUPs ranged from -0.85 to 0.53 and from -0.38 to 0.24 kg.plot⁻¹ for the apomictic and sexual parents, respectively. Spearman's correlation of GCA BLUPs at the two different levels of soil fertility was 0.69 and 0.98 for the apomictic and sexual parents, respectively. PM41, PM271 and BRS Zuri were the best ranked apomictic parents in high-fertility soil, while PM11, Milenio and BRS Zuri were the best ranked in low-fertility soil. Sexual parents T10.3, C16 and C48 were the best ranked in both soils. Differences in GCA of apomictic and sexual parents indicate a predominance of GCA effects in the control of TGMY, while the level of soil fertility affected the GCA only for apomictic parents.

Keywords: diallel; GCA; SCA.

Acknowledgment: CNPq, Fundect, Unipasto and Embrapa Gado de Corte.

COMPORTAMENTO MEIÓTICO ANORMAL EM HÍBRIDOS INTRAESPECÍFICOS SEXUAIS DE *B. humidicola*

Gabriel Luiz de Melo Sales¹; Felipe Cardoso Tarifa Vido¹; Cacilda Borges do Valle²; Andréa Beatriz Mendes-Bonato^{3*}.

¹ Departamento de Agronomia – Universidade Estadual de Maringá – Maringá - PR

² Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS

³ Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá - PR

*E-mail correspondência: abmbonato@uem.br

A *B. humidicola* é uma das espécies do gênero *Brachiaria* utilizada como gramínea forrageira em regiões de solos de baixa fertilidade e sujeitos a alagamento. Esta espécie é originária do leste e sudeste da África e começou a ser utilizada na região amazônica em substituição a *B. decumbens* cv. Basilisk, que se mostrou suscetível à cigarrinha das pastagens. O monocultivo e a apomixia, que restringem a diversidade genética, motivaram a busca por novas cultivares, as quais podem ser obtidas através da seleção direta da variabilidade existente na coleção de germoplasma ou através de hibridizações intra ou interespecíficas, o que requer compatibilidade no nível de ploidia. A identificação de um acesso poliploide sexual de *B. humidicola* possibilitou a realização de cruzamentos intraespecíficos. Considerando que a poliploidia está correlacionada com meiose anormal e com a apomixia em *Brachiaria* e que as plantas apomíticas são pseudogâmicas, a presente pesquisa teve por objetivo avaliar o comportamento meiótico de três híbridos intraespecíficos sexuais de *B. humidicola* pertencentes ao programa de melhoramento de *Brachiaria* da Embrapa Gado de Corte – MS. Para as análises citológicas, foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. As imagens foram capturadas através do microscópio óptico Olympus CX 31, câmera SC 30 pelo programa AnalySIS getIT. Foram observados cromossomos em migração precoce durante as metáfases I e a presença de cromossomos retardatários nas anáfases I com consequente formação de micronúcleos nas telófases I. Os micronúcleos que se formaram em telófase I foram incluídos no núcleo durante a prófase II, uma vez que eles não foram observados nas fases de metáfase II e anáfase II. As irregularidades segregaguentes foram novamente observadas na meiose II o que levou a formação de tétrades de micrósporos com micronúcleos. O comportamento meiótico anormal compromete a viabilidade dos gametas. Entretanto, para os híbridos sexuais, a exigência de regularidade meiótica é menor que para os apomíticos, uma vez que serão utilizados como progenitores femininos em novos cruzamentos para gerar nova variabilidade genética.

Palavras-chave: microsporogênese; poliploidia; irregularidades meióticas

Agradecimentos: Os autores são gratos à Embrapa Gado de Corte e à Associação para fomento à pesquisa de melhoramento de forrageiras – UNIPASTO.

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES EM HÍBRIDOS DE *Brachiaria* spp. SOB CORTE NO PERÍODO DAS ÁGUAS E DE SECA

Beatriz Tomé Gouveia^{1*}; Sanzio Carvalho Lima Barrios²; Cacilda Borges do Valle²; José Airton Rodrigues Nunes¹; Bárbara Brito de Almeida³; José Carlos Ribeiro Freitas⁴; José Marcos Queiroz Júnior⁴.

¹Universidade Federal de Lavras – UFLA. ²Embrapa Gado de Corte. ³Universidade Anhanguera – UNIDERP. ⁴Universidade Católica Dom Bosco – UCDB. *E-mail do autor para correspondência: biatgouveia@hotmail.com

O objetivo deste trabalho foi avaliar a associação entre caracteres agrônômicos utilizados na seleção de híbridos de *Brachiaria* spp., sob cortes no período das águas e de seca. Foram avaliados 96 híbridos e as cultivares Marandu, Mulato II e Paiaguás, em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições e parcelas compostas por cinco plantas. Foram mensurados os seguintes caracteres: peso verde de campo (PVC), matéria seca total (MST), produtividade de matéria seca foliar (MSF), percentagem de folhas (%F), relação folha colmo (RFC) e capacidade de rebrota final (REB). Os dados foram submetidos às análises via abordagem de modelos mistos, sendo posteriormente estimadas as correlações genéticas entre os caracteres em um corte do período das águas, um corte na seca e para os dois cortes. Na análise conjunta houve diferença entre os cortes ($p < 0,05$) para PVC, MST, MSF, RFC e REB. Por meio do teste de razão de verossimilhança ($p < 0,05$) verificou-se variância significativa entre os híbridos para PVC, MSF e REB, e para interação híbridos x cortes significativa para PVC, MST, MST, %F e REB. Correlações genéticas de elevada magnitude e positivas foram estimadas: 0,86 e 0,96 entre PVC x MST; 0,91 e 0,94 entre PVC x MSF; 0,83 e 0,96 entre MST x MSF para os cortes no período de águas e seca, respectivamente. Para os demais caracteres foram encontradas correlações de baixa a moderada magnitude, com oscilação nos diferentes cortes, mas com predominância de correlações de maior magnitude no período da seca. As estimativas de correlações genéticas para o mesmo caráter entre as duas estações foram de 0,34 para PVC; 0,39 para MST; 0,52 para MSF; -0,09 para %F; 0,57 para RFC e 0,72 para REB, o que demonstra a existência da interação híbridos x cortes. Entretanto, as estimativas de correlações entre os caracteres relacionados diretamente à produção de biomassa (PVC, MST e MSF) foram fortes e consistentes nos cortes das águas e de seca, o que sugere a possibilidade de redução dos caracteres a serem mensurados, com predileção, neste caso, para PVC. Ademais, associações significativas se mostraram promissoras, sobretudo, para REB e, com certa cautela, para RFC e MSF, indicando, assim, a possibilidade destes caracteres serem avaliados em apenas um dos cortes.

Palavras-chave: *Urochloa* spp.; Interação genótipos por cortes; seleção indireta.

Agradecimentos: UFLA, CNPq, CAPES, FAPEMIG, Embrapa Gado de Corte, Unipasto.

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE CAPIM ELEFANTE EM CÁCERES-MT.

Jackson Lauro Borges Ribeiro^{1*}; Thallita Santos Guimarães¹; Henrique Guimarães de Favare²; Joadil Gonçalves de Abreu²; Aldair José Pereira do Nascimento¹; Guilherme dos Santos Domingos¹; Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹Departamento de Agronomia - Universidade do Estado de Mato Grosso. ²Programa de Pós-graduação em Agricultura Tropical (PPGAT) - Universidade Federal de Mato Grosso. *E-mail: jeck.borges@hotmail.com¹.

O capim elefante (*Pennisetum purpureum Schum*) é uma gramínea muito utilizada em várias regiões, principalmente na alimentação de animais e mais recentemente, para produção de energia, pelo seu grande potencial energético. A cultura está entre as *poáceas* de maior capacidade de acumulação de matéria seca e elevada produtividade, possuindo também características favoráveis, dentre as forrageiras, como fonte alternativa para a produção de energia. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônomo de 13 genótipos de capim-elefante, com características ideais para produção de energia, a partir de avaliações de características morfoagronômicas. O experimento foi conduzido no Centro de Pesquisa da Empresa Mato-grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural (EMPAER), em Cáceres/MT, com emprego do delineamento em blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas foram: altura da planta, diâmetro de colmo, número de perfilhos, produção verde, massa fresca da folha, massa fresca do colmo, massa fresca folha + colmo, massa seca das folhas, massa seca do colmo e massa seca folha + colmo. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de agrupamentos de média Scott & Knott a 1% de probabilidade, utilizando software Genes. Houve diferenças significativas para quase todas as características avaliadas, exceto para NP, MF.F+C, MS.F e MS.F+C, confirmando a existência de variabilidade entre os genótipos de capim elefante. Em relação ao CF os genótipos CNPGL 91-25-1; Cameroon; Cubano pinda; Piracicaba; Mercker; BRS Canará; CNPGL 93-41-1 e Porto Rico apresentaram melhor desempenho. Para a característica LF foram formados quatro grupos de médias. A altura média das plantas foi de 3,20 m, onde os genótipos formaram dois grupos de médias e os genótipos Cameroon; BRS Canará; Porto Rico; Guaçu; Vruckwona; Cuba 116; CNPGL 91-25-1 apresentaram maiores médias. Para as variáveis PRV, MF.F e MS.C também ocorreu à formação de dois grupos de médias. Em relação DC e MF.C o genótipo Cubano pinda apresentou maior diâmetro do colmo e maior peso de massa fresca do colmo em relação aos genótipos em estudo (2,06 e 877,66 respectivamente). Os resultados possibilitam identificar que existe variabilidade para os genótipos estudados, onde os genótipos Cubano pinda e BRS Canará apresentaram desempenho superior para a maior parte das características avaliadas.

Palavras-chave: *Pennisetum purpureum Schum*; Energia renovável; potencial energético.

DESEMPENHO DE HÍBRIDOS E ECÓTIPOS DO GÊNERO *Paspalum* EM AMBIENTE SUBTROPICAL

Mariângela Gil de Souza¹; Éder Alexandre Minski Motta¹; Cleber Henrique Lopes de Souza¹; Larissa Arnhold Graminho¹; Mariana Martins Valli¹; Maurício Marine Köpp²; Miguel Dall'Agnol¹

¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul/Porto Alegre – RS, Brasil

E-mail: mariangelagil@agronoma.eng.br

² Embrapa Pecuária Sul/Bagé – RS, Brasil

O objetivo foi avaliar a produção de biomassa de híbridos interespecíficos e ecótipos do gênero *Paspalum* em diferentes anos e condições edafoclimáticas. O experimento foi conduzido em Eldorado do Sul, na região da Depressão Central e em Coronel Barros, região do Planalto Médio, ambos no RS. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, em arranjo fatorial 8 x 2 x 3 (genótipo x local x ano), com três repetições. Foram avaliados quatro híbridos apomíticos (H12, H13, H20 e H22) obtidos através do cruzamento *P. plicatulum* (4c-4x) x *P. guenoarum* (cv. Rojas); dois ecótipos nativos, Baio e Azulão (*P. guenoarum*); o ecótipo Bagual (*P. notatum*) e a cv. Pensacola, como testemunha. A avaliação dos genótipos deu-se por meio de cortes. Foi realizado o somatório dos cortes, em cada ano e local, e avaliada a produção de matéria seca total (MST). Os dados foram submetidos à análise de variância para detecção de diferença entre genótipos pelo procedimento *Mixed* do programa estatístico SAS versão 9.2. Houve interação entre genótipo x local x ano ao nível de 5% de probabilidade. Em Eldorado do Sul, para cada ano, nos dois primeiros anos, os híbridos e os ecótipos de *P. guenoarum* não diferiram entre si. No terceiro ano, os híbridos e o ecótipo Azulão foram semelhantes entre si e superiores ao ecótipo Baio. Em todos os anos, os híbridos e os ecótipos Baio e Azulão foram superiores aos ecótipos de *P. notatum*, observando-se que não houve diferença estatística entre o ecótipo Bagual e à cv. Pensacola. No primeiro ano, em Coronel Barros, a maior produção de MST foi do ecótipo Baio, o que demonstra sua melhor adaptação no estabelecimento em locais favoráveis ao seu desenvolvimento. No segundo ano, a produção dos híbridos igualou-se à produção dos ecótipos Baio e Azulão, mantendo a superioridade em relação aos genótipos de *P. notatum*. No terceiro ano, os híbridos obtiveram as maiores produções, com exceção do H22 que não diferiu dos ecótipos da espécie *P. guenoarum*. Na soma dos três anos, os híbridos e os ecótipos Baio e Azulão foram superiores ao ecótipo Bagual e à cv. Pensacola. Além disso, houve superioridade do ecótipo Bagual em relação à cv. Pensacola. Diante dos dados, observa-se que o melhoramento genético, através da hibridação interespecífica, proporcionou a obtenção de progênies com potencial forrageiro em diferentes condições edafoclimáticas. Os híbridos H12, H13, H20 e H22 poderão ser novas alternativas de cultivares após passarem por outras avaliações.

Palavras-chave: interespecífico; apomítico; forragem.

Agradecimentos: Agradecemos à UFRGS e à Sul Pasto.

DESEMPENHO FORRAGEIRO DE LINHAGENS S₃ DE MILHO EM TOPCROSSES COM TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA

Nathany Ribeiro Chiquito (ICV, Bolsista PET-Agronomia)^{1*}, Carlos Augusto da Silva², Hiago Brito Kultz¹, Jocimar Costa Rosa³, Welton Luiz Zaluski⁴ e Marcos Ventura Faria⁵.

¹Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ²GDM/Brasmax, Londrina-PR; ³Mestrando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ⁴Doutorando em Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR. ⁵Professor Associado do Departamento de Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. *nathany_chiquito@hotmail.com.

O milho, dentre as culturas forrageiras, é considerado uma das melhores opções para produção de silagem, por apresentar um elevado valor energético e nutricional, e alta produtividade de matéria seca e grãos. O método *topcross* tem como objetivo a avaliação do mérito relativo de linhagens parcialmente endogâmicas em cruzamentos com testadores de base genética estreita ou ampla. A partir das avaliações são selecionadas as linhagens com melhor desempenho e eliminadas as inferiores, tornando o programa mais racional e eficiente. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi selecionar linhagens parcialmente endogâmicas S₃ em cruzamentos *topcrosses*, com base na qualidade de fibras e produtividade de forragem no ponto de ensilagem. O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, em Guarapuava – PR, nas safras 2015/16 e 2016/17. Foram avaliados 95 tratamentos, sendo 30 linhagens S₃ (provenientes do híbrido comercial AG6015) juntamente com os híbridos experimentais resultantes do cruzamento dessas linhagens com dois testadores de base genética estreita (os híbridos simples comerciais AG8025 e P30B39). O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 3 repetições. Foi avaliada a produtividade de massa seca (PMS) e os teores de fibra em detergente ácido (FDA) e fibra em detergente neutro (FDN) da forragem no ponto de ensilagem. Os valores obtidos foram submetidos à análise de variância individual e conjunta e as médias agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade, por meio do software Genes. Houve efeito significativo para todas as características, exceto para FDA na primeira safra. Com relação à PMS os genótipos que se destacaram em ambos os ambientes foram as linhagens L159.6 e L133.1 com o testador P30B39 e a linhagem L41.3 com o testador AG8025. Quanto ao FDN, houve 31 tratamentos agrupados como superiores aos demais, em ambos os ambientes. Já para FDA houve diferença significativa apenas na segunda safra. Considerando os três caracteres em conjunto houve destaque do *topcross* 41.3 x AG8025 em relação aos demais genótipos, sendo assim, evidencia-se a superioridade da linhagem 41.3 como promissora no programa de melhoramento de milho forrageiro da UNICENTRO. Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária.

Palavras-chaves: *Zea mays*, fibra em detergente ácido, FDA, fibra em detergente neutro, FDN.

DESENVOLVIMENTO DE PLÂNTULAS DE AVEIA PRETA (*Avena strigosa* SCHEREB) EM RESPOSTA A AGENTES MUTAGÊNICOS QUÍMICOS

Douglas Rodrigo Baretta^{1*}; Katiane Fedrigo¹; Franciele Paludo¹; Débora Regiane Gobatto¹; Eduardo Eloi de Cézaro¹; Taciane Finatto¹

¹Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Câmpus Pato Branco. *E-mail do autor para correspondência: douglas.baretta@gmail.com.

Consolidada como a principal fonte de forragem no inverno em regiões temperadas do Brasil, os gêneros *Avena sp.*, em sua maioria *Avena strigosa* Scherb (aveia preta), ocupam áreas do norte do Paraná ao extremo sul do Rio Grande do Sul. Predomina, porém, nas áreas de cultivo, sementes de origem genética incerta e com características agrônômicas desfavoráveis. Os progressos genéticos obtidos pelas instituições de pesquisa, quando comparadas a grandes culturas, tornam-se mínimos devido as dificuldades de promover rearranjos genéticos em virtude da baixa variabilidade da base genética selecionada até o momento. No intuito de promover incremento na variabilidade genética por meio de indução de mutações, dois agentes mutagênicos químicos EMS (etilmetanossulfonato) e MMS (metilmetanossulfonato) em diferentes concentrações foram utilizados em um genótipo fixo de aveia preta, cultivar comercial IAPAR 61 Ibiporã, para identificação da DL50 e mensuração dos efeitos deletérios e benéficos em caracteres agrônômicos. A amostra de trabalho foi composta por 400 sementes para cada tratamento, constituídos de dois agentes mutagênicos químicos, EMS nas doses v/v, 0%, 1%, 2% e 3%, MMS nas doses v/v, 0%, 0,25%, 0,5% e 0,75%. As sementes passaram pelo processo de embebição por 6 h e após foram submersas em soluções contendo os agentes mutagênicos por 2 h, posteriormente executando-se a lavagem em água destilada. Foram mensurados o percentual de germinação, comprimento da parte aérea, comprimento de raiz principal e número de raízes secundárias. Realizou-se análise de variância e regressão polinomial. O percentual de germinação em ambos agentes mutagênicos apresentou ajuste quadrático da curva de regressão, onde as menores concentrações de 1% e 0,25% de EMS e MMS respectivamente, proporcionaram um aumento do percentual de germinação em comparação com o controle, ocorrendo diminuição com o incremento das concentrações descritas. Observou-se uma resposta linear decrescente para os caracteres, comprimento da parte aérea, comprimento de raiz principal e número de raízes secundárias com aumento das concentrações de EMS e MMS em relação ao controle. O caractere comprimento da raiz principal nas concentrações com MMS, resultou em um ajuste de regressão quadrático com ponto de máximo na dose 0,33%. Menores concentrações (1% e 0,25%) de EMS e MMS resultaram em efeito positivo para germinação. Os demais caracteres estudados apresentaram redução com incremento de concentrações de EMS e MMS associando-se um efeito negativo no desenvolvimento inicial das plântulas.

Palavras-chave: Etilmetanossulfonato; variabilidade genética; metilmetanossulfonato.

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS FORRAGEIRAS DE MILHO E RESPECTIVOS CRUZAMENTOS TOPCROSSES

Jocimar Costa Rosa^{1*}; Vitor Seiti Sagae²; Willian dos Santos Junior²; Gabriela de Lima Fedrecheski³; Diego Fernando De Marck⁴; Marcos Ventura Faria⁵

¹Mestrando, Produção Vegetal, UNICENTRO; ²Graduando, Agronomia, UNICENTRO; ³Graduando, Agronomia, Faculdade Campo Real; ⁴Fertizan, Guaraniaçu/PR; ⁵Professor Associado, Departamento de Agronomia, UNICENTRO.

*joce_jcosta@hotmail.com

O estudo da divergência genética por meio de métodos multivariados pode auxiliar os programas de melhoramento no estudo da variabilidade, permitindo a elaboração de estratégias para obtenção de cruzamentos promissores para as características de interesse. O objetivo deste trabalho foi verificar a divergência genética entre linhagens S₃ de milho *per se* e os respectivos cruzamentos *topcrosses*. O experimento foi conduzido na safra 2015/16, no *campus* CEDETEG da Universidade Estadual do Centro-Oeste, em Guarapuava-PR, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 92 genótipos, sendo 30 linhagens parcialmente endogâmicas (obtidas a partir do híbrido comercial SG6015), 2 testadores de base genética estreita (AG8025 e P30B39) e 60 híbridos *topcrosses* oriundos dos cruzamentos das linhagens com os testadores. As características avaliadas foram altura de planta (AP) e espiga (AE), produtividade de grãos (PG), produtividade de massa verde (PMV) e de massa seca (PMS) da forragem e teores de fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) da forragem no ponto de ensilagem. Para cada variável foi realizado o teste de normalidade e análise de variância, comprovando a existência de efeito significativo. Foi determinada a matriz de coeficientes de correlação genotípica e realizado o diagnóstico de multicolinearidade. A partir desta descartou-se a variável altura de espiga, resultando em baixos valores de multicolinearidade (66,08). Foi determinada a matriz de dissimilaridade entre os genótipos por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D²), realizando o agrupamento pelo método UPGMA e validado por meio do coeficiente de correlação cofenética (0,7654). A contribuição relativa dos caracteres para divergência foi estimada segundo modelo proposto por Singh. Há divergência genética entre os genótipos. As variáveis produtividade de grãos, produtividade de massa seca da forragem e altura de planta foram, nessa ordem, as que mais contribuíram para a divergência genética com valores de 39,38%, 31,66% e 17,89% respectivamente. Com base nas características avaliadas pode-se discriminar a existência de 4 grupos. Verificou-se diferentes contribuições por parte das linhagens. Linhagens divergentes entre si geraram, em maioria, híbridos divergentes. A maior divergência entre linhagens foi observada entre os genótipos 26.2 e 230.3. Em relação aos testadores a linhagem 26.2 também apresentou maior divergência.

Palavras-chave: Mahalanobis; Singh.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE

Gustavo Luis Santos de Arruda*¹, Aline Vidor Melão Duarte¹; Henrique Guimarães de Favare²; Joadil Gonçalves de Abreu²; Valvenarg Pereira da Silva¹; Marcelo José Arruda¹; Marco Antonio Aparecido Barelli¹.

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres–MT. *E-mail: gustavoluis.agronomia@gmail.com.

²Departamento de Agronomia, Universidade Federal do Estado de Mato Grosso, Cuiabá – MT.

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.) está entre as gramíneas de maior capacidade de acumulação de matéria seca, possuindo características qualitativas favoráveis para uso na produção de energia como teores altos de fibras, relação C:Nalta, alto poder calorífico e baixos teores de cinzas. Devido ao potencial desta cultura, atualmente várias pesquisas vêm sendo feitas com intuito de ter uma resposta sobre sua capacidade de produção de energia. Este trabalho teve por objetivo avaliar a divergência genética de 13 genótipos de capim-elefante com emprego da distância generalizada de *Mahalanobis* e uso do agrupamento de UPGMA. O experimento foi conduzido no Centro de Pesquisa da Empresa Mato-grossense de Pesquisa Assistência e Extensão Rural (EMPAER), em Cáceres/MT. Os genótipos estudados foram: CNPGL 93-41-1; CNPGL 91-25-1; Taiwan A25; Cuba 116; Mercker; Cameroon; Piracicaba; Vruckwona; Napier; Porto Rico; Guaçu; Cubano pinda e BRS Canará. Empregou-se o delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições e a parcela experimental foi constituída de 4 linhas de 5,0 m, com espaçamento entre linhas de 1,0 m, e a área útil foi constituída por duas linhas centrais, desprezando-se 1,0 m nas margens das linhas e as características avaliadas foram: Comprimento de folha, Largura da folha, Altura de planta, Diâmetro de colmo, Número de perfilho, Produção verde, Massa Fresca da Folha, Massa Fresca do Colmo, Massa Fresca da Folha + Colmo, Massa Seca da Folha, Massa Seca do Colmo e Massa Seca da Folha + Colmo. Considerando os resultados da distância de *Mahalanobis*, a maior distância genética foi entre os genótipos Porto Rico e Cubano Pinda ($D^2_{ij}=162.1708$) e a menor distância genética foi entre os genótipos Vruckwona e Guaçu ($D^2_{ij}=6.0186$). O agrupamento de UPGMA possibilitou visualizar a formação de dois grupos, onde o Grupo I foi subdividido em dois, Subgrupo I-a contendo 10 genótipos e o Subgrupo I-b com dois genótipos, o Grupo II foi composto apenas por um genótipo. O Coeficiente de Correlação Cofenética foi de $r=0,80^{**}$, indicando adequação do uso do dendrograma para estudar a diversidade entre os genótipos. Os genótipos em estudo apresentam-se divergentes para as variáveis em estudo.

Palavras-chave: *Pennisetum purpureum* Schum; produção energia; gramínea.

Agradecimentos: Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Mato Grosso – FAPEMAT.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO PELO MÉTODO DE AGRUPAMENTO UPGMA

Jackson Lauro Borges Ribeiro^{1*}; Thallita Santos Guimarães¹; Carla Lima Corrêa¹; Alex Júnior Sandol Floriano¹; Gustavo Luíz Santos de Arruda; Flávio Dessaune Tardin²; Marco Antonio Aparecido Barelli¹

¹Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres-MT.

²Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG. *E-mail: jeck.borges@hotmail.com¹.

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] está entre os cinco cereais mais produzidos em todo o mundo, principalmente pela sua tolerância a estresses ambientais e seu potencial produtivo. Nos últimos anos a área plantada de sorgo tem aumentado consideravelmente, devido as suas diversas utilidades, principalmente na alimentação animal e no setor industrial por conta da sua composição proteica. Objetivou-se com o presente trabalho caracterizar a divergência genética de 25 genótipos de sorgo forrageiro. O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia (LRG&B) da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Cáceres, MT. Foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro proveniente do banco de germoplasma do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPms) da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições, a parcela foi composta por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas a 0,70 m entre linhas, sendo apenas as duas fileiras centrais consideradas como parcela útil. As características morfoagronômicas avaliadas foram: período de florescimento (FLOR); diâmetro de colmo (DC); número médio de colmos (NC); altura média (AP); número médio de folhas (NF); peso de massa verde (PMV); peso de massa seca (PMS). Os dados foram submetidos à análise de divergência genética baseada na distância de *Mahalanobis* e submetido ao Método de ligação média entre grupos (UPGMA) utilizando software Genes. De acordo com as medidas de dissimilaridade entre os 25 genótipos de sorgo a maior distância está entre os genótipos 13F03033 e 21 14F21022, que apresentaram 160,04 de dissimilaridade e a menor distância, foi observada entre os genótipos 14F21005 e 13F23005, com distancia de 0,78. O coeficiente da correlação cofenética (CCC), aplicado ao método de agrupamento apresentou valor de 0.88, demonstrando confiabilidade na relação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma. Com base na análise de agrupamento, foi possível observar a formação de dois grupos, onde o grupo I foi constituído por 88% dos genótipos, e o grupo II por 12%, formado pelos genótipos 5, 20 e 6, sendo estes os mais divergentes em relação aos demais.

Palavras chaves: *Sorghum bicolor*; diversidade genética; dendrograma.

EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS SOBRE O PODER CALORÍFICO EM SORGO BIOMASSA

Fernanda Maria Rodrigues Castro ⁽¹⁾; Gabrielle Maria Romeiro Lombardi ⁽¹⁾;
Daniela Oliveira Ornelas ⁽¹⁾; Patrícia Cardoso Andrade ⁽¹⁾; José Airton
Rodrigues Nunes ⁽¹⁾; Adriano Teodoro Bruzi ⁽¹⁾; Rafael Augusto da Costa
Parrella ⁽²⁾

¹Universidade Federal de Lavras (UFLA). ²Embrapa Milho e Sorgo.
*fefernandacastro@hotmail.com.

O incentivo crescente pelo uso de matérias-primas renováveis, faz com que a cultura do sorgo biomassa [*Sorghum bicolor* (L) Moench] ganhe destaque, principalmente por suas características agroindustriais que favorecem seu uso para cogeração de energia. A análise de trilha tem sido bastante utilizada no melhoramento de diversas culturas, possibilitando o conhecimento detalhado da influência de múltiplos caracteres sobre um caráter principal, subsidiando o melhorista com informações importantes para o estabelecimento de estratégias de seleção. Objetivou-se com este trabalho, desdobrar as correlações fenotípicas de caracteres agroindustriais sobre o poder calorífico superior de genótipos de sorgo biomassa em efeitos diretos e indiretos, por meio da análise de trilha. Foram avaliados 16 genótipos de sorgo originados do Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, em um látice quadrado triplo, em Lavras/MG na safra 13/14. Foram mensurados os caracteres: produção de massa verde (PMV, t.ha⁻¹), produção de massa seca (PMS, t.ha⁻¹), umidade (UMI, %), fibra em detergente neutro (FDN, %), fibra em detergente ácido (FDA, %), fibra bruta (FB, %) e poder calorífico superior (PCS, kg.t⁻¹). Os dados foram submetidos à análise de variância e a partir das correlações fenotípicas estimadas foi verificada a existência de multicolinearidade pelo método de Montgomery e Peck (1981). Para a análise de trilha assumiu-se um diagrama causal de uma cadeia, sendo PCS a variável básica e as demais explicativas. Os genótipos diferiram para todos os caracteres mensurados, exceto FB. Observou-se multicolinearidade severa (número de condição > 1000) e com isso foi adicionada uma constante k=5,0662 na diagonal principal da matriz de correlações das variáveis explicativas à semelhança do método de regressão em crista. O coeficiente de determinação (R²=0,97) de alta magnitude, gerou um baixo efeito residual (0,16). Portanto, dentre as variáveis explicativas o PMS foi o caráter de maior efeito direto positivo (0,53) sobre a variável básica PCS, seguido pelo caráter PMV (0,42). As demais variáveis (UMI, FDN, FDA e FB) apresentaram somente efeitos indiretos sobre a variável básica. Com isso, foi possível concluir que a seleção de genótipos considerando os caracteres PMS e PMV, pode ser uma boa estratégia para obtenção de ganhos indiretos em relação ao caráter PCS.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*, análise de trilha, bioenergia.

Agradecimentos: Universidade Federal de Lavras, Embrapa Milho e Sorgo, FAPEMIG, CNPq

EMPREGO DE VARIÁVEIS CANÔNICAS NO ESTUDO DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE (*Pennisetum purpureum* SCHUM.).

Marco Antonio Aparecido Barelli¹; Valvenarg Pereira da Silva¹; Henrique Guimarães de Favare²; Joadil Gonçalves de Abreu²; Marcello José Arruda¹; Ronaldo Costa Lacerda¹; Aline Vidor Melão Duarte¹; *

¹ Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres – MT. *E-mail: mbarelli@unemat.br

² Departamento de Agronomia, Universidade Federal do Estado de Mato Grosso, Cuiabá – MT.

A espécie capim-elefante apresenta alta capacidade de acumulação de matéria seca e elevada produtividade, no entanto são insipientes os estudos voltados ao melhoramento genético desta espécie para este fim. Neste contexto, esta pesquisa teve como objetivo avaliar a diversidade genética de genótipos de capim-elefante por meio de análise de variáveis canônicas e determinar a importância das características estudadas para a determinação desta diversidade. O experimento foi conduzido delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, onde foram avaliados 13 genótipos (CNPGL 93-41-1, CNPGL 91-25-1, Taiwan A25, Cuba 116, Mercker, Cameroon, Piracicaba, Vruckwona, Napier, Porto Rico, Guaçu, Cubano pinda e BRS Canará). A parcela experimental foi constituída de 4 fileiras de 5,0 m, com espaçamento entre fileiras de 1,0 m e a área útil constituída pelas duas linhas centrais. As características avaliadas foram: Comprimento de folha (CF), Largura de folha (LF), Altura de planta (ALP), Diâmetro de colmo (DC), Número de perfilho (NP), Produção verde (Kg) (PV), Massa Fresca da Folha (MFF), Massa Fresca do Colmo (MFC), Massa Fresca da Folha + Colmo (MFFC), Massa Seca da Folha (MSF), Massa Seca do Colmo (MSC) e Massa Seca da Folha + Colmo (MSFC). Os dados foram submetidos à análise de variáveis canônicas com base na distância generalizada de *Mahalanobis*. Utilizou-se, também, o critério de Singh para quantificar a contribuição relativa das características para a determinação da divergência genética. As três primeiras variáveis canônicas concentraram 83,13% da variação entre os genótipos, o que possibilitou a representação em um gráfico tridimensional, onde foi possível observar a formação de três grupos distintos, sendo o grupo 1 formado pelas genótipos CNPGL 91-25-1, Taiwan A25, Cuba 116, Cameroon, Piracicaba, Vruckwona, Napier, Porto Rico, e BRS Canará grupo 2 pelas genótipos CNPGL 93-41-1 e Mercker e o grupo 3 pelas genótipos Guaçu e Cubano pinda. As características que mais contribuíram para explicar a diversidade genética entre as genótipos avaliadas foram Largura da folha (28,50%), Matéria fresca do colmo (15,27%), Diâmetro do colmo (14,70%) e Massa seca da folha+colmo (11,48%).

Palavras-chave: biomassa; produção de energia; matéria seca.

Agradecimento: Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Mato Grosso – FAPEMAT.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS E CORRELAÇÕES GENÉTICAS EM HÍBRIDOS DE *Brachiaria* spp. PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E NUTRITIVOS

Wyverson Kim Rocha Machado^{1*}; Sanzio Carvalho Lima Barrios²; Rogério Gonçalves Mateus³; Cacilda Borges do Valle²; Pedro Nelson Cesar do Amaral⁴; Laura Lorena Gomes⁵; Ianca Corrêa dos Santos⁵

¹Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. ²Embrapa Gado de Corte. ³Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. ⁴Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. ⁵Universidade Anhanguera – Uniderp. *E-mail do autor para correspondência: wyverson.krm@gmail.com

Por ser o gênero forrageiro mais utilizado, as cultivares de *Brachiaria* ocupam grande parte das pastagens do Brasil. Entretanto, ainda existem poucas cultivares disponíveis no mercado, o que exige esforços constantes do programa de melhoramento para o lançamento de novas cultivares. Este trabalho teve como objetivo avaliar híbridos interespecíficos de *Brachiaria* spp. (*B. ruziziensis* x *B. brizantha* x *B. decumbens*) previamente selecionados na Embrapa Gado de Corte para características agronômicas e nutritivas visando a seleção de híbridos candidatos a novas cultivares. Para isso, 96 híbridos foram avaliados em campo experimental utilizando o delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições e cinco plantas por parcela, espaçadas de 1,0 x 0,5 m e como testemunhas foram utilizadas as cultivares *B. brizantha* cv. Marandu, *B. brizantha* cv. BRS Paiaguás e *Brachiaria* spp. cv. Mulato II. Para as características agronômicas as variáveis analisadas foram peso verde de campo (PVC), capacidade de rebrota (REB), produtividade de massa seca total (MST), produtividade de massa seca foliar (MSF), porcentagem de folhas (%F) e relação folha:colmo (RFC), e para as características nutritivas as variáveis foram proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN), digestibilidade (DIV) e lignina (LIG). As análises estatísticas foram realizadas no software Selegen REML/BLUP utilizando a abordagem de modelos mistos. Observou-se a presença de variabilidade genética entre os híbridos ($p < 0,05$) para todos os caracteres avaliados, exceto para RFC e DIV. As estimativas de herdabilidade entre médias de genótipos variaram de 0,18 para RFC a 0,81 para REB. Para a interação genótipos x cortes foi observada diferença significativa ($p < 0,05$) para todos os caracteres avaliados ($p < 0,05$), com exceção de LIG. Correlações genéticas significativas foram observadas entre PVC e MST (0,93), PVC e MSF (0,87), MST e MSF (0,90), %F e RFC (0,62) e MSF e REB (0,70), indicando que a seleção indireta ou índices de seleção que consideram essas associações podem ser utilizados no programa de melhoramento. Conclui-se com esses resultados que há variabilidade genética para a maioria dos caracteres, o que permite selecionar híbridos superiores candidatos a novas cultivares.

Palavras-chave: herdabilidade; híbridos apomíticos; novas cultivares

Agradecimentos: CAPES e UNIPASTO.

FORMAÇÃO DE “FUSOS CAÓTICOS” EM UM HÍBRIDO INTERESPECÍFICO DE *Brachiaria*

Celina de Medeiros Ragalzi¹; Cacilda Borges do Valle²; Andréa Beatriz Mendes-Bonato^{3*}

¹ Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - Departamento de Agronomia – Universidade Estadual de Maringá – Maringá - PR

² Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS

³ Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR

*E-mail correspondência: abmbonato@uem.br

As gramíneas do gênero *Brachiaria* alcançaram grande importância econômica no Brasil, a partir de sua introdução até os dias de hoje. Estas gramíneas possibilitaram a atividade pecuária nos cerrados brasileiros e levaram ao desenvolvimento do Brasil Central. Devido a sua importância, o programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte tem investido na obtenção de híbridos persistentes, que reúnam características desejáveis dos genitores agronomicamente promissores. As espécies de *Brachiaria* são caracteristicamente apomíticas e poliploides. O controle genético da apomixia é do tipo monogênico com dominância para a apomixia e segregação fenotípica 1:1 em cruzamentos de planta sexual por apomítica. Os híbridos apomíticos e que apresentam características agrônomicas desejáveis e boa produção de sementes, evoluem para avaliações agrônomicas de campo, podendo tornar-se uma cultivar. Os sexuais farão parte do banco de germoplasma, ampliando a base genética do gênero e poderão ser usados como genitores femininos em novos esquemas de cruzamentos. Levando em consideração a importância dos híbridos sexuais, o objetivo do presente estudo foi analisar o comportamento meiótico de um híbrido interespecífico sexuais de *Brachiaria*. Para as análises citológicas, foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. Em 5,72% das células analisadas, os cromossomos se espalharam por todo o citoplasma, sem a formação da placa metafásica. Esse comportamento é conhecido como “fusos caóticos”. Nestas células, a anáfase I não ocorreu, os cromossomos se arranjaram em pequenos grupos e formaram vários núcleos e/ou micronúcleos de diferentes tamanhos pelo citoplasma da célula. A citocinese iniciou precocemente na metáfase I dividindo o meiócito em mais de duas células, afetando severamente os produtos finais da meiose. Levando-se em consideração o objetivo da obtenção de híbridos sexuais no programa de melhoramento do gênero *Brachiaria* e a baixa porcentagem de células que apresentaram esse comportamento anormal, sugere-se que estes híbridos, sejam mantidos no programa de melhoramento, pois novos ciclos de seleção tendem a melhorar o conjunto de sementes por seleção contra as anormalidades meióticas.

Palavras-chave: *Urochloa*, microsporogênese, poliploidia.

Agradecimentos: Os autores são gratos à Embrapa Gado de Corte, à Associação para fomento à pesquisa de melhoramento de forrageiras – UNIPASTO e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior - Capes.

HOW TO ANALYZE GRADES IN *Urochloa ruzizensis* SELECTION? THE USE OF LINEAR AND GENERALIZED LINEAR MIXED MODELS

Jales Mendes Oliveira Fonseca¹; José Airton Rodrigues Nunes^{1*}; Júlio Silvio de Souza Bueno Filho¹; Fausto Souza Sobrinho²; Flávia Maria Avelar Gonçalves¹; Flávio Rodrigo Gandolfi Benites²

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Gado de Leite. *E-mail do autor para correspondência: jarnunes@dbi.ufla.br.

Urochloa ruzizensis (syn. *Brachiaria ruzizensis*) is an important forage species because it has desirable nutritional characteristics and it is the only species among *Urochloa ssp* to be exclusively sexual and diploid. Studies have shown high positive correlation between biomass production and visual grades associated with productivity (vigor grades) in forage breeding. This indicates that indirect selection could be used as practical approach in evaluative stages of a forage breeding program. However, grade in breeding context refers to the concept of category delimitation and it is classified as ordinal categorical variable. The usage of models that considers the original scale of a variable is expected to be more adequate. This study aimed to assess two models to analyze vigor grade in *Urochloa ruzizensis*. We evaluated 2204 *U. ruzizensis* genotypes derived from the second intraspecific recurrent selection cycle of Embrapa Gado de Leite breeding program in an augmented block design using two controls: Marandu (*U. brizantha*) and Basilisk (*U. decumbens*). Plots were consisted of one plant spacing one meter between them. Three evaluators attributed vigor grades to each genotype according to the following scale: 1 - very bad, 2 - bad, 3 - regular, 4 - good and 5 - very good. The data were analyzed using two models: a linear mixed model supported by central limit theorem; and a multinomial generalized linear mixed model with probit link function. The genetic variance for vigor grade was significant, indicating that it is possible to select productive genotypes indirectly. It was not detected significant differences between grade analyses considering the two models presented, but attention should be paid to the adequacy of generalized linear mixed models in regards of their grade analysis on original scale (e.g. ordinal categorical).

Key words: Visual evaluation; Indirect selection; Forage breeding

Acknowledgment: Capes, CNPq, FAPEMIG, Embrapa gado de Leite.

HOW TO ANALYZE GRADES IN *Urochloa ruziziensis* SELECTION? THE USE OF LINEAR AND GENERALIZED LINEAR MIXED MODELS

Jales Mendes Oliveira Fonseca¹; José Airton Rodrigues Nunes^{1*}; Júlio Silvio de Souza Bueno Filho¹; Fausto Souza Sobrinho²; Flávia Maria Avelar Gonçalves¹

¹Universidade Federal de Lavras. ²Embrapa Gado de Leite. *jarnunes@dbi.ufla.br

Urochloa ruziziensis (syn. *Brachiaria ruziziensis*) is an important forage species because it has desirable nutritional characteristics and it is the only species among *Urochloa ssp* to be exclusively sexual and diploid. Studies have shown high positive correlation between biomass production and visual grades associated with productivity (vigor grades) in forage breeding. This indicates that indirect selection could be used as practical approach in evaluative stages of a forage breeding program. However, grade in breeding context refers to the concept of category delimitation and it is classified as ordinal categorical variable. The usage of models that considers the original scale of a variable is expected to be more adequate. This study aimed to assess two models to analyze vigor grade in *Urochloa ruziziensis*. We evaluated 2204 *U. ruziziensis* genotypes derived from the second intraspecific recurrent selection cycle of Embrapa Gado de Leite breeding program in an augmented block design using two controls: Marandu (*U. brizantha*) and Basilisk (*U. decumbens*). Plots were consisted of one plant spacing one meter between them. Three evaluators attributed vigor grades to each genotype according to the following scale: 1 - very bad, 2 - bad, 3 - regular, 4 - good and 5 - very good. The data were analyzed using two models: a linear mixed model supported by central limit theorem; and a multinomial generalized linear mixed model with probit link function. The genetic variance for vigor grade was significant, indicating that it is possible to select productive genotypes indirectly. It was not detected significant differences between grade analyses considering the two models presented, but attention should be paid to the adequacy of generalized linear mixed models in regards of their grade analysis on original scale (e.g. ordinal categorical).

Key words: Visual evaluation; Indirect selection; Forage breeding.

Acknowledgment: Capes, CNPq, FAPEMIG, Embrapa gado de Leite.

INCOMPATIBILIDADE GENÔMICA EM HÍBRIDO SEXUAL INTERESPECÍFICO DE *Brachiaria*

Andréa Beatriz Mendes-Bonato^{1*}; Celina de Medeiros Ragalzi²; Ana Caroline Casalvara-Santos³, Cacilda Borges do Valle⁴

¹ Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR

² Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - Departamento de Agronomia – Universidade Estadual de Maringá – Maringá - PR

³Colégio Estadual Santo Inácio de Loyola – Fênix - PR

⁴ Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS

*E-mail correspondência: abmbonato@uem.br

A hibridação interespecífica no gênero *Brachiaria* é complexa devido à apomixia e à poliploidia. Tais barreiras são vencidas através do cruzamento de plantas tetraploides apomíticas como doadoras de pólen com plantas sexuais tetraploidizadas artificialmente como genitores femininos. Outra barreira a ser superada é a incompatibilidade entre os genomas das diferentes espécies empregadas na hibridação. Em híbridos recém-formados, as análises citológicas podem ser usadas para avaliar a afinidade entre os genomas através do comportamento meiótico destas plantas. O comportamento normal dos cromossomos durante a meiose sugere alta afinidade entre os genomas possibilitando a introgressão de genes, enquanto o comportamento anormal sugere pouca afinidade entre os genomas formadores do híbrido. No presente estudo foi realizada a análise do comportamento meiótico de um híbrido interespecífico sexual de *Brachiaria*. O híbrido foi obtido em blocos abertos de policruzamentos tendo como planta-mãe um híbrido sexual interespecífico entre *B. brizantha* x *B. ruziziensis* e genitor masculino desconhecido. Os microsporócitos foram preparados por esmagamento e corados com carmim propiônico 0,5%. As imagens contendo os meiócitos com as anormalidades mais representativas foram capturadas através do microscópio óptico Olympus CX 31, câmera SC 30 pelo programa *AnalySIS getIT*. Os estudos citológicos revelaram que após a diacinese, os cromossomos apresentaram um arranjo anormal na placa metafásica. Em 42,15% dos meiócitos, os cromossomos se organizaram em mais de uma placa. As diferentes placas metafásicas progrediram individualmente pela meiose I. Em alguns meiócitos observou-se a ocorrência de citocinese irregular na metáfase I. Não foi observada a fase II da meiose, mas foram observados produtos finais de meiose como tétrades com micronúcleos, tétrades com micrócitos e políades, além de produtos finais completamente anômalos. Apesar do padrão anormal dos cromossomos sugere-se que este híbrido permaneça no programa de melhoramento, pois novos ciclos de seleção tendem a melhorar a produção de gametas viáveis com consequente melhoria da fertilidade.

Palavras-chave: microsporogênese; poliploidia; irregularidades meióticas

Agradecimentos: Os autores são gratos à Embrapa Gado de Corte e à Associação para fomento à pesquisa de melhoramento de forrageiras – UNIPASTO.

MÉRITO DE LINHAGENS DE MILHO EM CRUZAMENTOS TOPCROSSES QUANTO À PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Itaciano Junior Lepper Regente¹; Amanda Paola Costa¹; Pedro Henrique Willermann Andreoli¹; Sidronio Lima da Silva Neto¹; Elida Auxiliadora Peralta Paiva²; Marcos Ventura Faria³;

¹Graduando, Agronomia, UNICENTRO, Guarapuava-PR; ²Doutorado, Produção Vegetal, PPGA/UNICENTRO; ³Professor Associado, UNICENTRO.
*itacianoreg@gmail.com

O método *topcross* permite avaliar o mérito relativo de uma linhagem em gerações iniciais de endogamia em cruzamento com testadores de base genética estreita ou ampla, em programas de melhoramento de milho. Sua eficiência consiste em expressar a capacidade de combinação das linhagens e testadores. O objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho de linhagens e híbridos de milho em cruzamentos *topcrosses* na avaliação da produtividade de grãos (PG). O experimento foi conduzido nas safras 2015/16 e 2016/17 no *campus* CEDETEG da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), em Guarapuava-PR. Foram avaliados 97 genótipos de milho, sendo 30 linhagens S₃ (obtidas da pop 203 proveniente do híbrido comercial AS6015), duas linhagens testadoras (LEM2 e LEM3), e os híbridos dos cruzamentos entre as linhagens e testadores, além de cinco testemunhas comerciais. O delineamento experimental foi em blocos com o tratamento ao acaso, com três repetições. Os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta e as médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott, com auxílio do programa estatístico GENES. Houve diferença significativa ($p < 0,05$) entre os genótipos avaliados. O coeficiente de variância obtido foi de 17,16% expressando boa precisão experimental. Dez híbridos *topcrosses* se destacam, os quais obtiveram médias de PG superiores aos demais genótipos. Entretanto apenas o híbridos 203-96.3/LEM2 manteve performance superior em ambas safras avaliadas, o qual obteve uma média da PG de 14,72 t ha⁻¹. Com estes resultados pode-se concluir que foi possível identificar linhagens promissoras, obtidas da pop 203, bem como híbridos com alto potencial para produtividade de grãos utilizando cruzamento *topcrosses*. Estes prosseguirão no programa de melhoramento genético da UNICENTRO.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; dialelo parcial; híbridos experimentais.

Agradecimentos: CNPq e Fundação Araucária

MICROSPOROGÊNESE EM HÍBRIDOS INTERSPECÍFICOS SEXUAIS DE *Brachiaria*

Neide da Silva¹; Mariane Beatriz de Souza Correia²; Gabriel Luiz de Melo Sales²; Cacilda Borges do Valle³; Andréa Beatriz Mendes-Bonato^{1*}

¹ Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR. ² Departamento de Agronomia – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR. ³ Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS. *E-mail correspondência: abmbonato@uem.br

O Brasil é o segundo maior produtor e o maior exportador de carne bovina do mundo. As pastagens cultivadas no país ocupam uma área de 120 milhões de hectares, das quais 85% são representadas por capins do gênero *Brachiaria*. O gênero *Brachiaria*, nativo das savanas africanas, engloba mais de 100 espécies, das quais poucas são empregadas como pastagens cultivadas atualmente. A necessidade de diversificação de pastagens demanda o desenvolvimento de novas cultivares. O gênero *Brachiaria* é caracteristicamente apomítico e poliploide. A apomixia é pseudogâmica e a poliploidia é altamente correlacionada com anormalidades meióticas. Embora a hibridação intra e interespecífica esteja sendo feita no gênero *Brachiaria*, estas características dificultam a geração de híbridos intra e interespecíficos férteis. O presente estudo teve como objetivo auxiliar o programa de melhoramento genético de *Brachiaria* realizado pela Embrapa Gado de Corte - MS através da análise citogenética de três híbridos sexuais interespecíficos entre *B. ruziziensis* x *B. brizantha* e *B. decumbens*, obtidos em blocos abertos de policruzamento. Para as análises citológicas, os microsporócitos foram preparados pela técnica de esmagamento e corados com carmim propiônico. Os três híbridos mostraram-se tetraploides ($2n=4x=36$), assim como a grande maioria das espécies deste gênero. A porcentagem total de anormalidades meióticas encontradas nos três híbridos variou entre 11,42% e 96,38%. Os híbridos apresentaram as anormalidades referentes à segregação irregular dos cromossomos, como a migração precoce dos cromossomos durante as metáfases e a presença de cromossomos retardatários nas anáfases. Essas irregularidades levaram a formação de micronúcleos nas telófases I e II assim como nas tétrades de micrósporos. Tétrades com micrócitos e pântades também foram observadas. A poliploidia frequentemente afeta o processo meiótico, levando a ocorrência de anormalidades meióticas que comprometem a viabilidade do pólen e a produção de sementes.

Palavras-chave: poliploidia; número de cromossomos; meiose.

Agradecimentos: Os autores são gratos à Embrapa Gado de Corte e à Associação para fomento à pesquisa de melhoramento de forrageiras – UNIPASTO.

OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DE *PASPALUM* SPP. E CERTIFICAÇÃO DA HIBRIDAÇÃO COM MARCADORES SSR e ISSR

Joyce Etsuko Arakaki¹; Frederico de Pina Matta²; Alessandra Pereira Fávero³;
Marcos Rafael Gusmão⁴; Bianca Baccili Zanotto Vigna^{5*}

¹Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP

^{2,3,4,5}Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP

*bianca.vigna@embrapa.br

Extensas áreas de pastagens cultivadas no Brasil são formadas por poucas cultivares de gramíneas forrageiras tropicais. Este fato gera vulnerabilidade nos sistemas de produção animal a pasto. Algumas espécies do gênero *Paspalum* possuem alto potencial forrageiro, são nativas do Brasil e podem servir como alternativa para esses problemas. Neste estudo foram avaliadas 34 famílias do programa de melhoramento de *Paspalum* na Embrapa Pecuária Sudeste, provenientes de cruzamentos realizados em 2014/2015, a fim de confirmar o sucesso das hibridações. Os genitores femininos utilizados foram acessos das espécies *P. virgatum* e *P. regnellii* e os masculinos, doadores de pólen, foram diferentes acessos de *Paspalum* das espécies *P. malacophyllum*, *P. guenoarum*, *P. atratum*, *P. plicatulum*, *P. umbrosum*, *P. virgatum* e *P. regnellii*. Para a extração do DNA genômico total, foram coletadas amostras de folhas jovens dos genitores utilizados nos cruzamentos e de 59 possíveis híbridos F₁. Foram avaliados marcadores microsatélites (SSR) previamente desenvolvidos para *P. regnellii* (PR15, PR25, PR31 e PR44), *P. plicatulum* (PP17, PP22 e PP23), *P. atratum* (PA01B7), além de dez marcadores inter-microsatélites (ISSR). Os SSR's foram avaliados em géis de poliacrilamida 6% corados com AgNO₃ e os ISSR's por meio de géis de agarose 2% corados com brometo de etídeo. Foram considerados híbridos os genótipos que apresentaram alelos do parental masculino que não foram comuns ao parental feminino. As análises moleculares confirmaram 25 híbridos, dos quais 23 foram resultantes de cruzamentos intraespecíficos de *P. regnellii*, e dois do cruzamento interespecífico entre *P. regnellii* e *P. umbrosum*. Para a Família 3 foram identificados nove híbridos utilizando os SSRs PR15 e PR25. A Família 25 teve dois híbridos confirmados pelos ISSR's 7, 8 e 10 e, para a Família 11, quatro híbridos confirmados pelos SSRs PR25 e ISSR's 1, 4, 6, 7 e 11. O ISSR 7 também confirmou um híbrido na Família 28, três na Família 31 e seis na Família 29. A hibridação interespecífica possui baixa porcentagem de sucesso, entretanto, verifica-se a possibilidade de exploração da variabilidade genética contida em materiais apomíticos, utilizados como genitores masculinos nos cruzamentos interespecíficos. Todos os híbridos identificados serão avaliados quanto à viabilidade genética e quanto potencial forrageiro dentro do programa de melhoramento.

Palavras-chave: marcadores moleculares; gramínea nativa; forrageira.

Agradecimentos: À Embrapa e à Unipasto (Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras) pelo apoio financeiro

POTENCIAL DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE FORRAGEIRA

Elida Auxiliadora Peralta Paiva^{1*}; Diego Fernando de Mack²; Alã Vito Moleta³; Gabriela Santos de Oliveira³; Nathany Ribeiro Chiquito³; Marcos Ventura Faria⁴

¹Doutoranda em Agronomia/Produção Vegetal/UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. ²Fertizan, Guaraniaçu-PR; ³Graduando(a) em Agronomia – UNICENTRO; ⁴Professor Associado – Departamento de Agronomia – UNICENTRO.*elida_peralta@hotmail.com.

Em um programa de melhoramento de milho com finalidade forrageira é necessário a avaliação de características qualitativas da forragem, com o objetivo de obter novos híbridos com valores nutricionais superiores, além da produtividade de massa seca da forragem (PMS). Nesse sentido, as características principais a serem avaliadas são teores de fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA) e digestibilidade da matéria seca (DIG). O objetivo do trabalho foi selecionar os melhores híbridos experimentais com base na produtividade e qualidade bromatológica a partir do índice Z. Foram avaliados 30 híbridos, obtidos por cruzamento dialélico parcial 6x5, de linhagens S₅ de milho provenientes de duas populações obtidas a partir de híbridos comerciais, pop. 29 (Penta x P30F53) e pop. 30 (P30P70 x Dow8460). Os experimentos foram desenvolvidos em Rio Bonito do Iguaçu-PR na safra 2014/15 (AMB 1), Guarapuava-PR na safra 2014/15 (AMB 2) e 2015/16 (AMB 3). Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com 3 repetições. As parcelas foram constituídas de 2 linhas de 5m com espaçamento de 0,8m entre linhas. Empregou-se o índice Z para as características avaliadas (FDN, FDA, DIG e PMS), a fim de selecionar os híbridos experimentais com melhor aptidão forrageira. O índice Z foi obtido a partir da soma de valores padronizados da capacidade específica de combinação (CEC) dos caracteres DIG, FDA, FDN e PMS, para os caracteres FDA e FDN (cuja menores valores são desejáveis) os valores padronizados foram multiplicados por -1, com o intuito de inverter a ordem e facilitar a interpretação do índice; na sequência somou-se o valor 3 para cada valor padronizado para evitar valores negativos. Foi determinada a variância dos valores padronizados do índice Z, com a finalidade de avaliar a contribuição uniforme das características avaliadas. Em cada ambiente avaliado se destacaram híbridos distintos, sendo no AMB 1 (29-109x30-08 e 29-14x30-18); no AMB 2 (29-35x30-139 e 29-35x30-160) e no AMB 3 (29-44x30-139 e 29-109x30-08). Esses híbridos apresentaram valores superiores para as características de qualidade e produtividade forrageira e valores baixos de variância, demonstrando bom desempenho e uniformidade na contribuição das características, indicando que podem ser genótipos promissores para a produção forrageira, devendo seguir no programa de melhoramento genético forrageiro da UNICENTRO.

Palavras-chave: Índice Z; FDN; FDA

Agradecimentos: CNPq e Fundação Araucária

POTENCIAL FORRAGEIRO DE ACESSOS DE GERMOPLASMA DO GÊNERO *PASPALUM*. ENSAIO 2013/2014

Frederico de Pina Matta^{1*}; Alessandra Pereira Fávero¹; Marcos Rafael Gusmão¹; Bianca Baccili Zanotto Vigna^{1*}; Marcelo Mattos Cavallari¹

¹ Embrapa Pecuária Sudeste, Rodovia Washington Luiz, km 234, C.P. 339, 13560-970. São Carlos SP, Brasil. *frederico.matta@embrapa.br.

Introdução: O gênero *Paspalum* possui espécies com grande diversidade em adaptação a diferentes condições edafoclimáticas e considerável valor forrageiro. A Embrapa Pecuária Sudeste abriga cerca de 390 acessos de aproximadamente 50 espécies com potencial de uso direto no sistema de produção ou como fonte de variabilidade genética. Objetivos: Avaliar 25 acessos, pertencentes a 11 espécies, em um ensaio de Fase 1. Metodologia. Experimento a campo, delineamento em blocos casualizados, quatro repetições e parcelas de 3x2 m, com cortes realizados a cada 28 dias durante os anos 2013 e 2014. Amostras obtidas no interior destas parcelas, considerando uma área útil de dois m². Desempenho agrônomo e qualidade bromatológica foram mensurados a cada corte. Análises com base em modelo misto no pacote computacional SAS®, sendo as subparcelas analisadas como medidas repetidas no tempo. As escolhas das estruturas de covariância foram com base no Critério de Informação Bayesiano (BIC). Resultados e discussão: Há variabilidade para todas as características avaliadas. Comparativamente à testemunha *Brachiaria brizantha* cv. Marandu, forrageira comercial, alguns acessos se revezavam quanto à superioridade, de acordo com a característica analisada. Muitos acessos foram equivalentes à testemunha para a maioria das características. Contudo, para a digestibilidade *in vitro* de matéria seca, os acessos foram, em média, 22,3% inferiores. A seguir são apresentadas estatísticas na seguinte ordem (média da testemunha; média dos acessos; desvio padrão da média dos acessos): Estacionalidade de produção (águas/seca) (2,3; 2,4; 0,4), altura média das plantas (cm) (26,8; 36,2; 9,7), teor de lignina (%) (6,2; 5,6; 0,5), fibra em detergente neutro (%) (64,5; 68,7; 2,5), fibra em detergente ácido (%) (33,9; 40,1; 3,1), proteína bruta (%) (15,2; 14,0; 1,6), extrato etéreo (%) (3,4; 2,6; 0,4), matéria mineral (%) (11,9; 10,0; 1,4), digestibilidade *in vitro* (%) (60,9; 47,3; 4,3), produtividade de matéria seca total (kg/ha/mês) (1.179,9; 1.119,5; 217,7), produtividade de matéria seca de folhas (kg/ha/mês) (828,9; 726,4; 182,7), produtividade de matéria seca de hastes (kg/ha/mês) (222,9; 247,0; 87,6), e produtividade de matéria seca de material morto (kg/ha/mês) (46,6; 62,6; 18,1). Conclusões. Alguns acessos apresentaram grande potencial forrageiro; Verifica-se a necessidade de melhoramento quanto à qualidade nutricional, principalmente sua digestibilidade.

Palavras-chave: diversificação; pastagem; nativo.

Agradecimentos: EMBRAPA; FAPESP (Processo nº2011/20558-0) e à UNIPASTO (Associação para o Fomento à Pesquisa de Melhoramento de Forrageiras).

POTENCIAL FORRAGEIRO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE MILHO EM CRUZAMENTOS *TOPCROSSES*

Willian dos Santos Junior¹; Alã Vito Moleta¹; Camila Bastos Ribeiro Rezende²;
Pedro Henrique Williemann Andreoli¹; Welton Luiz Zaluski³; Marcos Ventura
Faria⁴

¹Graduando, Agronomia, UNICENTRO; ²Pos-Doutoranda, PPGA, UNICENTRO;
³Doutorando, Produção Vegetal, UNICENTRO; ⁴Professor Associado, Departamento
de Agronomia, UNICENTRO. *juniormocelim@hotmail.com

O milho tem destaque como uma das culturas forrageiras mais utilizadas no Brasil, por apresentar um bom rendimento de matéria verde e matéria seca, excelente qualidade de fermentação e manutenção do valor nutritivo da massa ensilada. O objetivo desse trabalho foi avaliar linhagens de milho com propósito forrageiro em cruzamentos *topcrosses* em relação a produção de massa seca e qualidade de fibras. Os genótipos foram avaliados na safra 2015/2016 e 2016/2017, no *campus* CEDETEG da Universidade Estadual do Centro-Oeste, em Guarapuava-PR, no delineamento blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 97 genótipos, sendo 30 linhagens parcialmente endogâmicas (obtidas a partir do híbrido comercial SG 6015), 2 linhagens testadoras (LEM2 e LEM3), 60 híbridos *topcrosses* obtidos do cruzamento das linhagens com os testadores, juntamente com 5 testemunhas. O corte da forragem foi realizado quando os grãos na planta atingiram o estágio de 2/3 da linha de leite. As características avaliadas foram produtividade de massa seca (PMS), teores de fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) da forragem no ponto de ensilagem. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade, por meio do software GENES. Houve efeito significativo ($p < 0,05$) para todas as características, exceto FDA. Os *topcrosses* 195.2 x LEM2 e 218.3 x LEM2 apresentaram os maiores valores para a característica PMS, resultando em 32,82 e 34,76 t ha⁻¹ respectivamente no primeiro ano, e 38,97 e 42,01 t ha⁻¹ no segundo ano. Houve diferença significativa entre os ambientes. Para os teores de fibras, os melhores valores para FDN variaram de 48,80% a 56,78% destacando 22 tratamentos em relação aos demais, entretanto os testadores (AG8025, P30B39) não diferiram entre si. Para FDA os valores variaram de 23,50% a 35,59%. Considerando o conjunto dos caracteres avaliados destacou-se o *topcross* 218.3 x LEM 2 por apresentar maior potencial para produção forrageira.

Palavras-chave: *Zea mays*; fibra em detergente neutro - FDN; fibra em detergente ácido - FDA.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária

POTENCIAL PRODUTIVO DE LINHAGENS S₃ DE MILHO EM CRUZAMENTOS TOPCROSSES

Sidronio Lima de Silva Neto¹ *; Carlos Augusto da Silva²; Emanuel Gava³;
Jessica de Miri¹; Vitor Seiti Sagae¹; Marcos Ventura Faria⁴

¹Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR; ²GDM/Brasmax, Londrina-PR; ³Mestrando em Produção Vegetal – UNICENTRO; ⁴Professor Associado do Departamento de Agronomia – UNICENTRO. *sidronioneto@gmail.com

Híbridos simples comerciais de milho podem ser utilizados eficientemente para a obtenção de novas linhagens de segundo ciclo, as quais podem ser avaliadas e selecionadas quanto ao mérito relativo em gerações iniciais de endogamia, em esquemas de topcrosses com testadores. O experimento foi realizado nas safras 2015/2016 e 2016/2017 no *campus* CEDETEG da UNICENTRO, em Guarapuava-PR. Trinta linhagens da pop. 203 (proveniente do híbrido comercial SG6015) foram cruzadas em esquema de *topcross* com dois testadores de base genética estreita (os híbridos simples AG8025 e P30B39). Avaliaram-se as progênies resultantes, juntamente com os genitores e testadores, totalizando 92 tratamentos. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com três repetições. Foi avaliada a produtividade de grãos (PG) expressa em t ha⁻¹. Houve diferença significativa ($p < 0,05$) entre os genótipos e entre os ambientes, bem como a interação genótipos x ambientes foi também significativa. As médias da PG variaram de 9,63 t ha⁻¹ a 15,17 t ha⁻¹. Os híbridos *topcrosses* L11.2 x AG8025 (13,98 t ha⁻¹), L16.5 x AG8025 (13,28 t ha⁻¹), L24.4 x AG802 (13,89 t ha⁻¹), L73.1 x AG8025 (13,81 t ha⁻¹), L230.3 x AG8025 (15,17 t ha⁻¹), L11.2 x P30B39 (14,55 t ha⁻¹), L41.3 x P30B39 (14,00 t ha⁻¹), L96.3 x P30B39 (15,00 t ha⁻¹) e L138.5 x P30B39 (13,88 t ha⁻¹) formaram o grupo de maiores médias da PG, diferindo dos demais híbridos, no entanto não diferiram dos testadores AG8025 (15,19 t ha⁻¹) e P30B39 (15,73 t ha⁻¹). As linhagens obtiveram média de produtividade de 4,43 t ha⁻¹, com variação de 2,53 t ha⁻¹ a 7,89 t ha⁻¹. Concluímos que a pop.203 é promissora para a obtenção de linhagens superiores, as quais podem ser avaliadas e selecionadas em *topcrosses* com híbrido simples como testador. As linhagens que se destacaram no seu mérito relativo devem prosseguirem no programa de melhoramento de milho da UNICENTRO.

Palavras-chave: *topcross*; produtividade de grãos; *Zea mays*.

RELAÇÕES DE CAUSA E EFEITO EM RELAÇÃO À CONTRIBUIÇÃO DAS CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À DIGESTIBILIDADE DA FORRAGEM DE MILHO

Gabriela Santos de Oliveira^{1*}; Diego de Paula¹; Carlos Augusto da Silva²; Jocimar Costa Rosa³; Welton Luiz Zaluski⁴; Camila Bastos Ribeiro Rezende⁵; Marcos Ventura Faria⁶

¹Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR. ²Brasmax, Londrina-PR. ³Mestrando em Produção Vegetal - UNICENTRO. ⁴Doutorando em Produção Vegetal – UNICENTRO. ⁵Pós doutoranda PPGA ⁶Professor associado do Departamento de Agronomia - UNICENTRO. * E-mail do autor para correspondência: gabrielasoliveira11@hotmail.com.

O objetivo foi avaliar por meio de análise de trilha, os efeitos diretos e indiretos entre as variáveis explicativas, “*staygreen*”(SG), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), produtividade de massa seca da forragem por hectare (PMS), produtividade de grãos (PG), fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) da forragem e a variável básica, digestibilidade da forragem por hectare (DIG-ha⁻¹). O experimento foi conduzido em três ambientes na região centro sul do Paraná, em Rio Bonito do Iguaçu, na safra 2014/2015, em Guarapuava-PR, na área experimental do *campus* CEDETEG da UNICENTRO nas safras 2014/2015 e 2015/2016. Foram avaliados 38 híbridos, sendo que 30 foram obtidos por cruzamento dialélico parcial 6x5 de linhagens S₅ provenientes de duas populações denominadas pop. 29 e pop. 30 do programa de melhoramento de milho da UNICENTRO e oito híbridos comerciais. A parcela experimental foi constituída por duas linhas de 5m de comprimento, com espaçamento de 0,8m entre linhas, totalizando população final de 70.000 plantas ha⁻¹. O delineamento foi em blocos ao acaso com três repetições. Os efeitos de AP e AE se comportaram de maneira diretamente proporcional à DIG.ha⁻¹ (0,55 e 0,33), influenciando na quantidade de fibras digeríveis. Dentre todos os efeitos analisados, a PMS apresentou maior influência sobre DIG-ha⁻¹(0,87), mostrando-se uma importante característica a ser considerada na seleção de genótipos forrageiros. A PG teve efeito direto positivo sob a DIG-ha⁻¹, no entanto, este efeito se deu via efeito indireto por PMS. Em relação a FDA e FDN, os efeitos foram positivo (0,35 e 0,29, respectivamente). O efeito indireto de FDN sobre a FDA foi negativo (-0,27) mostrando que quanto maior a participação de FDA em FDN menor será a DIG-ha⁻¹. Concluímos que a PMS se destacou com maior efeito direto sobre a variável básica. Com o uso da análise de trilha foi possível entender o relacionamento entre as principais características bromatológicas, mostrando o impacto de cada variável na DIG final.

Palavras-chave: análise de trilha, *Zea mays* L., silagem de milho

SELEÇÃO DE DESCRITORES E ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA NO GERMOPLASMA DE *Setária sphacelata* (Schumacher) Moss

Thiago Angelo da Cruz¹; Antonio Vander Pereira^{2*}

¹Universidade Federal de Juiz de Fora - Campus Juiz de Fora. ²Embrapa Gado de Leite. *vander.pereira@embrapa.br

A *Setária sphacelata* é uma forrageira que apresenta boa adaptação a áreas encharcadas e ao frio, além de elevada produção de forragem com alto valor nutritivo. Considerando este potencial, a Embrapa Gado de Leite introduziu da USDA/ARS uma coleção do germoplasma da espécie visando o melhoramento desta forrageira. A estimativa da diversidade genética é utilizada para orientar a preservação de germoplasma e a seleção de genitores com potencial de geração de progênes melhoradas. O objetivo deste trabalho foi selecionar descritores e estimar a diversidade genética na coleção de *Setária*, com base em métodos de análise multivariada. Os métodos estatísticos utilizados foram à análise por componentes principais, método aglomerativo de Tocher e o método hierárquico do vizinho mais próximo. A distância euclidiana média padronizada foi estimada como medida de dissimilaridade. As análises foram realizadas pelo software Genes. Foram avaliados 75 genótipos de *Setária* em experimento instalado no campo experimental José Henrique Bruschi (CEJHB), Coronel Pacheco – MG. Os caracteres morfo-agronômicos avaliados foram: altura da planta (AP); comprimento da folha (CF); largura da folha (LF); comprimento do internódio (CI); diâmetro do colmo (DC); teor de matéria seca folha (MSF); teor de matéria seca caule (MSC); teor de matéria seca planta (MSP); relação folha/caule (F/C) e produção de matéria verde da planta (MV). Com base na estimativa da distância euclidiana os caracteres com maior contribuição para a divergência foram MV, AP e CF, enquanto a análise de componentes principais indicou que os caracteres MSF, DC e MSC foram os que menos explicaram a variação no germoplasma. Foram obtidos seis grupos de acessos pelo método aglomerativo de Tocher, sendo que o grupo 1 concentrou 64 genótipos. A amplitude das distâncias (0,0583 à 0,2768) e a média das distâncias dos 75 acessos (0,2486) indicam a existência de ampla variabilidade genética entre os genótipos estudados.

Palavras-chave: análise multivariada; diversidade genética; *Setária sphacelata*.

Agradecimentos: Agradecimentos a Embrapa Gado de Leite e FAPEMIG.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE PARA FINS ENERGÉTICOS VIA REML/BLUP

Sabrina Cassaro^{1*}, Rogério Figueiredo Daher¹, Yure Pequeno de Souza¹, Wanessa Franscesconi Stida¹, Ana Kesia Faria Vidal¹, Rafael Souza Freitas¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. *E-mail do autor para correspondência: sassacassaro@gmail.com

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum), pertencente à família Poacea e nativo da África, é uma planta de metabolismo C4, que consegue acumular grande quantidade de matéria seca e fibra para a produção de biomassa vegetal, por isso, vem ganhando destaque como fonte alternativa energética. Objetivou-se com o presente estudo avaliar acessos de capim-elefante para fins energéticos provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG-CE) da UENF, utilizando a metodologia de modelos mistos. O trabalho foi desenvolvido em condições de campo, com 40 acessos e delineamento de blocos ao acaso. Para a avaliação, foram utilizadas as médias das parcelas individuais em cada uma das duas repetições e dos quatro cortes. Foi avaliada a produção total de matéria seca (PMS), Fibra em detergente ácido (FDA); Fibra em Detergente Neutro (FDN); Lignina (Lig); Celulose (Cel) e Cinzas (Cin). As análises foram feitas de acordo com o modelo misto 20, do programa Selegen. Os elevados valores observados nas análises de estimativas dos componentes de variância, sugerem um grande potencial de seleção dentro da espécie. Todas as características apresentaram valores de V_g satisfatórios, destacando a PMS que obteve o maior valor, com 13,09. Contrapondo estes resultados, as características %Cin e %Lig apresentaram os menores valores, 0,17 e 0,83, respectivamente. Para a PMS e %Lig os CV_{gi} % foram superiores a 10%, confirmando haver variabilidade genética. Para porcentagem de Cin e Cel, FDA e FDN, os valores foram inferiores a 10%, indicando que a seleção com base em apenas essas características, pode ser restrita devido à baixa variabilidade. Os altos valores de CV_r encontrados para PMS (0,99), %Cel (1,09), %Lig (1,33), FDA (0,96) e FDN (1,18) levaram a quocientes moderados e altos de h^2_{mc} , possibilitando elevadas acurácias. No BLUP, foram ranqueados, para cada característica, os 8 melhores clones. Para PMS o genótipo MerckerPinda México apresentou melhor ganho (5,66). Já %Cin obteve os menores ganhos, com uma variação de 0,42 a 0,33. Para %Cel e %Lig, o melhor genótipo foi o Elefante de Pinda, com ganhos de 2,04 e 2,15, respectivamente. O genótipo Gigante de Pinda obteve os melhores ganhos para FDA (3,35) e FDN (3,15). Baseado em critérios como bom desempenho produtivo de biomassa para fins energéticos, torna-se mais viável a utilização prioritária do ranking e predição de valores para PMS, FDA e FDN. Através deste trabalho constatou-se que o uso da metodologia de modelos mistos, é uma importante ferramenta para contribuir com maiores avanços na potencialização dos ganhos genéticos através da seleção das melhores plantas.

Palavras-chave: Bioenergia; REML/BLUP

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE *Panicum maximum*: FORRAGEIRA DE ALTA PRODUTIVIDADE

Liana Jank¹; Mateus Figueiredo Santos¹; ²Thauane Barbosa Nonato; ²Thiago Souza Santana; Sanzio Carvalho Barrios¹; Rosangela Simeão¹; Cacilda Borges do Valle¹

¹Embrapa Gado de Corte.

²Universidade Católica Dom Bosco.

*E-mail do autor para correspondência: liana.jank@embrapa.br

Dentre as principais forrageiras cultivadas no Brasil, a espécie *Panicum maximum* destaca-se pelo seu grande potencial de produção de matéria seca, fácil adaptação e boa qualidade da forrageira. Em busca de novas cultivares com diferenciais que atendam melhor as necessidades dos produtores, foram realizados cruzamentos entre cinco plantas sexuais e os acessos apomíticos PM20, PM21 e Myiage na Embrapa Gado de Corte. Os acessos PM20 e PM21 foram utilizados para gerar híbridos de porte mais baixo para uso sob pastejo e na integração lavoura-pecuária enquanto que o Myiage foi utilizado devido a sua capacidade de reter sementes. Após avaliação visual no campo de 1.116 híbridos, foram selecionados 154 que foram clonados e plantados em um experimento de avaliação em fevereiro de 2016 juntamente com os parentais e oito testemunhas em um delineamento em blocos ao acaso com duas repetições. As parcelas consistiram de duas linhas de cinco plantas espaçadas 50 cm entre plantas e linhas, e 1,5 m entre parcelas. Em maio as plantas foram uniformizadas e a partir de setembro avaliou-se a produção e qualidade forrageira por meio de cortes sucessivos a cada 35 dias em um total de um corte da seca em setembro e quatro cortes da época das águas. O valor nutritivo (proteína bruta e digestibilidade da matéria orgânica) foi avaliado pelo NIRS. Os dados foram analisados utilizando o SAS. Houve grande variabilidade entre os genótipos para produção de matéria seca de folhas (MSF) ($p < 0,01$), sendo que esta variou de 5,9 a 30,2 t/ha nos cinco cortes. Os cruzamentos envolvendo as progenitoras A42 (A42 x Miage e A42 x PM20) resultaram em maiores médias de MSF (24,7 e 21,3 t/ha, respectivamente), apesar de que este último não diferiu de outras seis famílias. Os teores de proteína bruta e digestibilidade não variaram entre as famílias ($P > 0,01$). Porém, os genótipos dos cruzamentos entre A42 x PM20 e S12 x PM20 variaram entre si ($P < 0,05$) para proteína bruta, como também dos cruzamentos entre S12 x PM21 e S15 x PM20 ($P < 0,01$). Para digestibilidade, os genótipos dos cruzamentos S12 x PM20 e S12 x PM21 variaram entre si ($P < 0,01$). Os valores de proteína bruta variaram de 9,7% a 14,6% e de digestibilidade de 55,9 a 71,5%. As maiores médias foram obtidas para os cruzamentos envolvendo a progenitora S12. Conclui-se que a possibilidade de seleção para características de produção e qualidade é alta e que o uso das progenitoras A42 e S12 são indicadas nos cruzamentos visando aumento de produtividade e valor nutritivo nas progênies, respectivamente.

Palavras-chave: Colônia; gramínea; melhoramento.

Agradecimentos: CNPq, Unipasto e Embrapa Gado de Corte.

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS SUPERIORES DE *BRACHIARIA DECUMBENS* PARA CARACTERES AGRONÔMICOS

José Marcos Queiroz Júnior^{1*}; Sanzio Carvalho Lima Barrios²; Rogério Gonçalves Mateus³; Ianca Corrêa dos Santos⁴; Thallyson Danchen Gonçalves⁴; Laura Lorena Gomes⁴; Cacilda Borges do Valle²

¹Universidade Católica Dom Bosco. ²Embrapa Gado de Corte. ³Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. ⁴Universidade Anhanguera – Uniderp. *E-mail do autor para correspondência: marcosqzagro@gmail.com

No Brasil, uma das espécies forrageiras mais utilizadas em pastagens é a *Brachiaria decumbens*, entretanto essa espécie conta apenas com uma cultivar disponível no mercado, a cultivar Basilisk. O objetivo deste trabalho foi avaliar agronomicamente 34 híbridos de *B. decumbens* visando à seleção de híbridos apomíticos superiores, candidatos a novas cultivares. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições e cinco plantas por parcela, espaçadas de 1,0 x 0,5 m. As cultivares *B. brizantha* cv. Marandu e *B. decumbens* cv. Basilisk foram utilizadas como testemunhas. Sete cortes foram realizados, sendo um no período da seca e seis nas águas. Os caracteres peso verde de campo (PVC), capacidade de rebrota (Reb) e produtividade de massa seca total (MST) foram avaliados em todos os cortes, sendo que a produtividade de massa seca foliar (MSF), relação folha: colmo (RFC), porcentagem de folhas (%F) foram avaliados em dois cortes (cortes 2 e 5). Todas as análises estatísticas foram realizadas no software Selegen REML/BLUP utilizando a abordagem de modelos mistos. As estimativas de acurácia variaram de 0,41 para MSF a 0,95 para Reb, sendo de baixa e elevada precisão experimental, respectivamente. Foi observada a existência de variabilidade genética entre os híbridos para os caracteres PVC, REB e MST ($p < 0,01$) e RFC ($p < 0,05$), indicando a possibilidade de obter ganhos com a seleção (GS). As estimativas de herdabilidade entre médias de genótipos variaram de 0,17 para MSF a 0,91 para REB. A interação genótipos x cortes foi significativa para os caracteres avaliados em mais de um corte, indicando que o desempenho dos híbridos não foi coincidente nos diferentes cortes. Híbridos com melhor desempenho em relação a cultivar Basilisk foram identificados para cada caráter, sendo que essa cultivar ocupou a 21ª posição para MST, 29ª para PVC, 30ª para Reb, 34ª para MSF, 35ª para RFC e 36ª para %F. Com uma intensidade de seleção de 10 e 20% o GS em relação a cultivar Basilisk foi de 31,26 e 28,49% para PVC, 20,63 e 18,56% para MST; 49,45 e 45,41% para Reb; 76,17 e 61,63% para RFC, respectivamente. Conclui-se que existe variabilidade genética para diversos caracteres agronômicos, o que possibilita a seleção de híbridos apomíticos superiores a cv. Basilisk, candidatos a novas cultivares.

Palavras-chave: Apomixia; Híbridos; *Urochloa decumbens*

Agradecimentos: UNIPASTO

SELECTION OF *Brachiaria* HYBRIDS USING INDICES

Filipe Inácio Matias^{1*}; Sanzio Carvalho Lima Barrios²; Cacilda Borges do Valle²;
Roberto Fritsche-Neto¹; Anderson Ramires Candido³; Brunna Anelliense
Silveira Braga⁴

¹Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brazil. ²EMBRAPA-CNPq, Campo Grande, MS, Brazil. ³Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul – UEMS. ⁴Universidade Católica Dom Bosco – UCDB. *E-mail: filipematias23@usp.br.

Multivariate selection is a useful tool in forage breeding, since it takes into account the correlations among traits and helps to select commercial ideotypes and identify desirable parents. There are, however, few reports in the literature on the use of indices for ranking superior genotypes in tropical forage species. The objective here was to evaluate the use of the Mulamba and Mock index in two different ways in hybrid selection. We studied a population of 1,000 interspecific hybrids generated from a partial diallel using five apomictic and four sexual genotypes. Apomictics included *B. brizantha* 'Marandu', accession B140, 'BRS Paiaguás', *B. decumbens* 'Basilisk' and hybrid 'Mulato II'. Sexual parents included BS9, BS15, 336-T1 and 336-T2. Individuals were evaluated in a randomized complete block design through seven cuts. Evaluated traits were field green weight (FGW, kg.ha⁻¹), regrowth ability (REG, score), crude protein (CP, % on dry matter) and neutral detergent fiber (NDF, % on dry matter). A mixed model approach was used to evaluate the phenotypic data. Random effects were estimated using restricted maximum likelihood method and best linear unbiased predictor (REML/BLUP). The BLUP of the hybrids were used to perform the analysis of principal components and construct the Biplot graph. The Mulamba and Mock index (*MMI*) was used for the multivariate selection of the hybrids based on the rank of the hybrids for the first two main components (*MMI_{CP}*) and also for ranking based on the traits individually (*MMI_{Uni}*). Selection gains were calculated based on selection intensity of 1%. Although there is no multivariate pattern that defined the best cross/progeny for all traits simultaneously on the Biplot graph, there were certainly hybrids with higher potential. Selection gains based on index *MMI_{CP}* were greater for agronomic traits while *MMI_{Uni}* was more effective in improving the overall performance, considering all traits. This is due to the fact that the main component analysis concentrates the greater variability in the first component, which is associated mainly with the agronomic traits, therefore favoring those in the *MMI_{CP}*. The *MMI_{Uni}* provided a greater multivariate gain balance, therefore, the use of the traits directly in the Mulamba and Mock index is indicated to carry out the multivariate selection.

Keywords: Mulamba and Mock, Biplot, Principal Components

Acknowledgements: UNIPASTO; CNPq

VALIDAÇÃO DE UM GENE CANDIDATO LIGADO À APOMIXIA EM UMA POPULAÇÃO SEGREGANTE DE *Brachiaria decumbens*

Thamiris Gatti Déo¹; Lucimara Chiari^{2*}; Mariane de Mendonça Vilela²; Mateus Figueiredo Santos², Sanzio Carvalho de Lima Barrios², Cacilda Borges do Valle², Liana Jank²

¹Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP). ²Embrapa Gado de Corte. *Autor para correspondência: lucimara.chiari@embrapa.br

A apomixia é um modo de reprodução assexuada que consiste na produção de sementes sem a ocorrência de fertilização, resultando em sementes que são geneticamente idênticas à planta mãe. A apomixia é frequentemente encontrada em espécies do gênero *Brachiaria* e, em geral, está associada à poliploidia. *Brachiaria decumbens* é uma espécie amplamente utilizada em pastagens no mundo tropical e destaca-se pela adaptação a solos ácidos e de baixa fertilidade. A Embrapa Gado de Corte possui um banco de germoplasma dessa espécie constituído de acessos apomíticos poliploides e outros sexuais diploides. Recentemente, um acesso sexual diploide desse banco foi duplicado usando colchicina, o que abriu a possibilidade de realização de cruzamentos com a cultivar *B. decumbens* 'Basilisk' apomítica e tetraploide. O objetivo deste estudo foi validar a ligação do gene *PsASGR-BABY BOOM-like* (*psASGR-BBML*) de *Pennisetum squamulatum* (L.) R.Br., descrito como candidato à partenogênese em *Pennisetum* e *Cenchrus*, ao locus da apomixia (APOLOCUS) em uma população F1 do cruzamento intraespecífico de *B. decumbens* segregante para o modo de reprodução (1:1). Até o momento, 159 plantas F1 foram fenotipadas pela análise de sacos embrionários clarificados em microscopia de contraste de interferência. O gene *psASGR-BBML* foi genotipado usando o par de primers específico p779/p780 conforme descrito na literatura. Os dados de presença e ausência da amplificação do gene foram analisados juntamente com os dados de fenotipagem pelo programa OneMap para estimar a distância entre o gene *psASGR-BBML* e o APOLOCUS em *B. decumbens*. Constatou-se que este gene está ligado em fase de acoplamento ao APOLOCUS a uma distância de 31,16 cM em *B. decumbens*. Apesar da alta frequência de recombinação entre o gene *psASGR-BBML* e o APOLOCUS, sua utilização no programa de melhoramento pode ser útil visando a seleção precoce de plantas F1 apomíticas, as quais podem ser diretamente candidatas a cultivares, caso sejam agronomicamente superiores à cultivar paterna.

Palavras-chave: forrageira; ligação gênica; seleção assistida.

VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE CAPIM-ELEFANTE VISANDO A PRODUÇÃO ENERGÉTICA

Marco Antônio Aparecido Barelli¹; Henrique Guimarães de Favare²; Bruno Henrike da Silva Ponce¹; Vanderson José Ribeiro Paixão¹; Bruno Wagner Zago¹; Robson Flores de Oliveira; Joadil Gonçalves de Abreu²

¹Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia – Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres - MT. ²Departamento de Agronomia – Universidade Federal do Mato Grosso, Cuiabá – MT. *E-mail do autor para correspondência: mbarelli@unemat.br

O capim-elefante é uma importante forrageira, devido seu elevado potencial produtivo e versatilidade de uso, tendo sido introduzida no Brasil no início do século XX e se disseminado por todo país devido a boa adaptabilidade ao clima tropical. Na produção de energia, o capim-elefante surge como uma alternativa para a substituição dos combustíveis fósseis, devido sua alta acumulação de massa seca, possuindo também características qualitativas favoráveis para uso na produção de energia, tais como: alto teor de fibra, alta relação C/N, alto poder calorífico, baixos teores de cinzas, garantindo a produção energética de forma mais limpa, renovável e que vão ao encontro das atuais políticas mundiais voltadas a diminuição de impactos ao meio ambiente. Desta forma, esta pesquisa objetivou avaliar 13 genótipos de capim-elefante através de características relacionadas a produção de energia. As características avaliadas foram: comprimento da folha; largura da folha; altura da planta; diâmetro do colmo; número de perfilhos; produção de massa verde; produção de massa fresca de folha; produção de massa fresca de colmo; produção de massa fresca de folha+colmo; produção de massa seca de folha; produção de massa seca de colmo; produção de massa seca de folha+colmo. A distância genética de *Mahalanobis* foi utilizada para avaliar a dissimilaridade entre os genótipos; e o método de agrupamento de Tocher para agrupar os genótipos conforme as suas similaridades diante das características avaliadas. A maior distância foi encontrada entre os genótipos Porto Rico e Cubano Pinda ($D^2_{ii}=162.17$) e a menor distância entre os genótipos Guaçu e Vruckowna ($D^2_{ii}=6.01$). O agrupamento de Tocher permitiu a formação de 3 grupos distintos, sendo estes: Grupo I, que alocou os genótipos Vruckowna; Guaçu; Piracicaba; Cameroon; BRS Canará; Napier; CNPGL 91-25-1; Porto Rico; Taiwan A25; Cuba 116. O Grupo II alocou os genótipos CNPGL 93-41-1 e Mercker e o Grupo III alocou apenas o genótipo Cubano Pinda. Os genótipos Porto Rico e Cubano Pinda se destacam por, além de serem os mais divergentes entre si, apresentaram a maior produção de massa verde (60 kg e 60.2 kg, respectivamente), característica importante para a seleção de genótipos visando a produção energética, podendo estes genótipos serem selecionados para o plantio com esta finalidade, ou a inclusão destes em um programa de melhoramento de plantas.

Palavras-chave: *Pennisetum purpureum* SCHUM; massa verde; forrageira

VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO

Gustavo Luis Santos de Arruda^{*1}, Aline Vidor Melão Duarte¹, Taiana Paula Streck Vendruscolo¹, Raiane Scandian da Silva¹, Marcilene Alves de Souza Castrillo¹, Rafael Augusto da Costa Parrella², Marco Antonio Aparecido Barelli¹.

¹ Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, Departamento de Agronomia, Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres – MT. *E-mail: gustavoluis.agronomia@gmail.com; ² Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas - MG.

A cultura do sorgo apresentou expressiva expansão nos últimos anos. Do ponto de vista agrônomo, este crescimento é explicado, principalmente, pelo alto potencial de produção de matéria seca da cultura, além da sua extraordinária capacidade de suportar estresses ambientais. Atualmente existem cinco tipos de sorgo: sacarino, biomassa, granífero, vassoura e forrageiro, dentre estes, o sorgo forrageiro destina-se à produção de silagem, possui porte alto e produz grande quantidade de massa verde. O presente trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho agrônomo de 25 genótipos de sorgo forrageiro. O experimento foi conduzido na área experimental do Laboratório de Recursos Genéticos & Biotecnologia, na Universidade do Estado de Mato Grosso - UNEMAT, Cáceres - MT. Foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro (13F23013, 13F23006, 14F20005, 14F20006, 13F02006, 13F03033, 13F26005, 13F26006, 14F20019, 14F21005, 14F21006, 13F23005, 13F23020, 14F21019, 14F21020, 13F24006, 13F24019, 14F21021, 14F21028, 13F04006, 14F21022, Ponta Negra, BRS 610, BRS 655, VOLUMAX). Aplicou-se o delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições e a parcela experimental foi constituída de 4 linhas de 5,0 m, com espaçamento entre linhas de 0,70 m e as características avaliadas foram: Dias para florescimento (Flor), Diâmetro de colmo (DC), Número médio de colmos (NC), Altura média de plantas (ALT), Número de folhas (NF), Peso médio verde (PMV), Peso médio seco (PMS). Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de Scott-Knott. Os resultados apresentaram diferença significativa para quase todas as características avaliadas a 1 e a 5 % de probabilidade, exceto para as características NC e NF. As características que mais contribuíram para a produção foram: ALT, PMV, PMS e os genótipos que apresentaram melhor desempenho foram: 13F02006, 13F04006 e VOLUMAX. Pode-se concluir que os genótipos de sorgo forrageiro estudados apresentaram variabilidade considerando as variáveis em estudo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*, desempenho agrônomo, análise de variáveis.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso – FAPEMAT e à EMBRAPA Milho e Sorgo.

Resumos dos Trabalhos de
Melhoramento de Espécies Olerícolas,
Ornamentais e Medicinais

ACIL-AÇÚCARES MEDIADORES DE RESISTÊNCIA A MOSCA-BRANCA EM GENÓTIPOS F₂RC₂ DE TOMATEIRO

Diego Munhoz Dias¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; Israel Felipe Lustosa³; Giovana Carla Spassin⁴; André Gabriel¹; Daniele Aparecida Nascimento⁵; Matheus Hermann dos Santos³

¹Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. E-mail: diegomunhozdias@hotmail.com; ²Professor Associado – Departamento de Agronomia – UNICENTRO; ³Graduando em Agronomia – Universidade Estadual do Centro-Oeste; ⁴Bióloga graduada pela Universidade Estadual do Centro-Oeste; ⁵Graduanda em Agronomia – Faculdade Campo Real.

A presente pesquisa teve como objetivo selecionar genótipos F₂RC₂ de tomateiro com altos teores de acil-açúcares (AA) e com resistência à mosca-branca. Para tanto, foram utilizados genótipos F₂RC₁ de tomateiro com altos teores AA provenientes do cruzamento interespecífico entre a cultivar Redenção e a espécie silvestre *Solanum pennellii*. Estes genótipos foram retrocruzados com a cultivar Redenção e avançados até a geração F₂RC₂ que incluía um total de 500 genótipos com teores contrastantes do aleloquímico. Posteriormente, os genótipos foram submetidos a quantificação dos teores de AA mediante análises de laboratório, sendo selecionados apenas 18 genótipos para o teste de resistência com a praga. No experimento foi utilizado o delineamento experimental em blocos ao acaso com 4 repetições e 20 tratamentos. Dentre os tratamentos foram utilizados 12 genótipos com altos teores de AA, 6 genótipos com baixos teores de AA, e os parentais como padrão de resistência (*Solanum pennellii*) e suscetibilidade (cultivar Redenção), sendo cultivados em casa de vegetação. A infestação com a praga ocorreu 45 dias após o transplante, quando os genótipos estavam em plena floração. Nas avaliações foram contabilizados aos 2, 7, 14 e 21 dias os ovos, ninfas e adultos presentes nos folíolos do terço superior, mediano e inferior. Os adultos foram contabilizados na superfície abaxial dos folíolos e os ovos e ninfas foram contabilizados em uma superfície de 2 cm² do folíolo com auxílio de um microscópio estereoscópico. Os dados foram submetidos à análise de variância e posteriormente as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott. No experimento ficou evidente o importante papel do AA na redução da preferência da mosca-branca por permanecer no folíolo, oviposição e a diminuição do desenvolvimento de ninfas na maioria dos genótipos F₂RC₁ de tomateiro com altos teores de AA em todos os períodos de tempo avaliados e, também, não diferindo significativamente da espécie silvestre *Solanum pennellii*. Dentre os genótipos com maiores níveis de resistência merecem destaque os genótipos 39, 177, 214 e 227 que serão utilizados na continuidade do programa de melhoramento do tomateiro visando resistência a pragas.

Palavras-chave: *Solanum pennellii*, *Solanum lycopersicum*, *Bemisia tabaci*.

Agradecimentos: Fundação Araucária e ao CNPq.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES DE BATATA COM RESISTÊNCIA EXTREMA AO PVY

Claudio Carlos Fernandes Filho¹; Mario Henrique Murad Leite Andrade¹;
Rafaela Carvalho Pereira¹; Maiara Oliveira Fernandes¹; César Augusto Brasil
Pereira Pinto¹

¹Universidade Federal de Lavras – Departamento de Biologia. E-mail do autor para correspondência: claudiocff3@yahoo.com.br

A interação genótipos por ambientes é um dos maiores complicadores em programas de melhoramento, pois mascara o verdadeiro valor genético de um determinado genótipo. Ela é também de grande importância, principalmente quando a cultivar a ser desenvolvida será destinada a condições tropicais, onde os ambientes são mais heterogêneos, o que leva a maiores efeitos da interação. A batata (*Solanum tuberosum* L.) é uma importante cultura no estado de Minas Gerais, que contribui com 30% de toda a batata produzida no Brasil. No entanto, as cultivares mais utilizadas não são resistentes ao PVY e como foram introduzidas de países de clima temperado, não desempenham todo o seu potencial produtivo em condições tropicais. Além disso, um outro fator limitante para o cultivo de batata no Brasil é a maior incidência de pragas e patógenos, os quais acarretam grandes perdas na cultura. Dentre eles, podemos destacar o Potato Virus Y (PVY), que chega a causar até 100% de perda na produção. O objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de clones de batata resistentes ao PVY em várias condições ambientais na região sul de Minas Gerais usando a metodologia GGE biplot. Foram avaliados 18 clones previamente selecionados do programa de melhoramento de batata da UFLA que possuem o alelo de resistência Ry, o qual confere resistência extrema ao PVY, com alta produção de tubérculos e boa aparência, juntamente com quatro testemunhas usualmente utilizadas na região. Foram conduzidos seis experimentos em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. A ANAVA indicou que os efeitos principais de genótipos, ambientes e genótipos por ambientes foram significantes. A interação foi a maior fonte de variação a qual representou 36% do total da variação. Os dois primeiros componentes principais foram usados na construção do biplot e explicaram 44,8% e 25,8% do total da soma de quadrados da interação. O biplot mostrou que os clones são mais adaptados e estáveis comparados com a cultivar, destacando o clone MLG 23-37, pois possuiu bom desempenho médio e alta estabilidade, por este motivo seu cultivo é recomendado no sul de Minas Gerais. **Palavras-chave:** interação genótipos por ambientes; GGE Biplot, PVY.

Agradecimentos: FAPEMIG; Cnpq; CAPES

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE MORANGUEIRO

André Gabriel¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; Marcos Ventura Faria²;
André Ricardo Zeist³; Ricardo Antônio Zeist⁴; Diego Munhoz Dias¹; Matheus
Hermann dos Santos⁵

¹Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. E-mail: andre.gb85@hotmail.com ²Professor Associado – Departamento de Agronomia – UNICENTRO ³ Pós doutorando em Agronomia – UNICENTRO ⁴Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO ⁵Graduando em Agronomia - Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO.

Na cultura do morango (*Fragaria x ananassa* Duch.) há carência de programas de melhoramento no Brasil sendo dependente de cultivares importadas que não foram desenvolvidas para as condições ambientais brasileiras, no entanto, os agricultores utilizam as cultivares com maior estabilidade. Neste sentido, objetivou-se avaliar adaptabilidade e estabilidade pelo método Annicchiarico, de cultivares de morangueiro em três ambientes Lavras-MG, Uberlândia-MG e Guarapuava-PR. Os experimentos foram conduzidos no sistema de túnel baixo com fertirrigação no ano agrícola 2015, foram avaliados massa total de frutos (MTF g planta⁻¹) e massa de frutos comerciais (MFC g planta⁻¹) de 13 cultivares de morangueiro em delineamento blocos ao acaso com quatro repetições. O resumo da análise de variância conjunta revelou efeito significativo para cultivar, ambiente e interação cultivar x ambiente, evidenciando a ocorrência de variabilidade genética entre as cultivares de morangueiro e inconsistência no comportamento dos mesmos frente às oscilações ambientais. Para a MTF a classificação ambiental de Annicchiarico considerou os dois ambientes do estado de Minas Gerais como favorável, quanto a estabilidade fenotípica com índice de confiança de Annicchiarico (ω_i) superior a 100% destacaram as cultivares Dover, Camarosa e Albion para ambiente geral, para ambiente desfavorável Oso grande, Camarosa e Albion. Quanto a MFC, a classificação ambiental de Annicchiarico classificou os ambientes no estado de Minas Gerais em favorável, enquanto Guarapuava desfavorável. Quanto a adaptabilidade e estabilidade fenotípica para ambiente geral as cultivares Camarosa, Camino Real, San Andreas e Albion destacaram com ω_i superior a 100%, para ambiente favorável as cultivares Oso Grande, Dover, Camarosa e Albion. Baseado nos resultados obtidos pela análise de adaptabilidade e estabilidade para ambiente geral, conclui que as cultivares Camarosa, Dover e Albion são as cultivares mais estáveis para a produção de MTF g planta⁻¹ e MFC g planta⁻¹.

Palavras-chave: *Fragaria x ananassa* Duch.; método Annicchiarico; interação genótipos x ambientes

Agradecimentos: Fundação Araucária e CNPq

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE ALFACE EM DIFERENTES AMBIENTES

Nara Oliveira Silva Souza^{1*}; Maryanne da Costa Pereira¹; Fábio Akiyoshi Suinaga²; Warley Marcos Nascimento²

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Hortaliças. *E-mail: narasouza@unb.br.

A alface é uma hortaliça folhosa de ampla importância no Brasil, tanto em volume quanto em valor comercial. Embora apresente sistema produtivo bem consolidado, existe um conjunto de empecilhos ao cultivo de alface nas condições brasileiras, como a baixa tolerância às condições tropicais de plantio, de forma que condições climáticas adversas, principalmente altas temperaturas, favorecem o florescimento precoce e antecipam a colheita. Nesse contexto, nota-se a importância de se avaliar genótipos de alface em diferentes condições de ambiente. O trabalho teve como objetivo estudar diferentes métodos de estimativas de parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de alface, dos grupos crespa e lisa, em três épocas de cultivo e três locais de produção. O experimento foi conduzido na área experimental da Embrapa Hortaliças, em três condições, campo aberto, telado e casa de vidro. Os genótipos Everglades, Simpson, BRS Leila, BRS Mediterrânea, Vanda, do grupo crespa e Elisa, alface lisa, foram avaliados em três épocas, sendo época 1, semeadura em dezembro/2015 (verão); época 2, semeadura em abril/2016 (outono); época 3, semeadura em junho/2016 (inverno). O delineamento foi inteiramente casualizado com dez repetições e a característica avaliada foi a data da antese, que consistiu na contagem do número de dias para antese de cada planta. Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta visando detectar possível interação genótipos x ambientes. As metodologias empregadas para as estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade foram as de Eberhart & Russell (1966), Cruz et al. (1989) e método do trapézio quadrado segundo Carneiro (1998). Pelo método de Eberhart & Russell (1966), os genótipos BRS Mediterrânea e Vanda mostraram adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e não foram encontrados genótipos de ampla adaptabilidade. O método de Cruz et al. (1989), mostrou-se mais refinado na recomendação de genótipos que o método de Eberhart & Russell (1966). O método do Trapézio Quadrático segundo Carneiro (1998) destacou-se entre os métodos estudados, devido à recomendação imediata dos genótipos.

Palavras-chave: *Lactuca sativa* L., interação genótipos x ambientes, antese.

Agradecimentos: Decanato de Pesquisa e Pós-graduação da UnB. Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior (CAPES) e Embrapa Hortaliças.

ANÁLISE DE CRESCIMENTO EM ESPÉCIES E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATEIRO

Renata Favaro^{1*}; Juliano Tadeu Vilela de Resende¹; André Ricardo Zeist¹; André Gabriel^{1*}; Ricardo Antônio Zeist¹; Matheus Hermam dos Santos¹; Giselli Aldaiane Almeida Rocha²

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil; ²Faculdade Campo Real, Guarapuava-PR/Brasil; *Autor para correspondência: renatafavaro@.com.br

São vários os trabalhos presentes em literatura baseados em índices fisiológicos, que relatam o crescimento e produtividade do tomateiro cultivado sob as mais diversas condições de manejo. Ao contrário, pouco se conhece a respeito de índices quantitativos detalhados do crescimento das espécies silvestres e híbridos interespecíficos de tomateiro em comparação ao cultivado. Neste sentido, objetivou-se avaliar o crescimento em espécies silvestres de tomateiro e na cultivar Redenção, bem como dos respectivos híbridos F₁ de cruzamentos interespecíficos cultivados em dois ambientes. Avaliou-se seis acessos silvestres (*Solanum pimpinellifolium* acesso 'AF 26970', *Solanum galapagense* acesso 'LA-1401', *Solanum peruvianum* acesso 'AF 19684', *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* acesso 'PI-127826', *Solanum habrochaites* var. *glabratum* acesso 'PI-134417' e *Solanum pennellii* acesso 'LA-716') e a cultivar comercial Redenção (*Solanum lycopersicum*), juntamente com os respectivos híbridos interespecíficos e em dois ambientes: protegido (casa-de-vegetação) e externo (campo). Na condução do experimento utilizou-se esquema de blocos com as parcelas ao acaso e subdivididas no tempo, avaliando-se aos 14, 28, 42, 56, 70 e 84 dias após o transplântio a área foliar (AF) e a massa seca das raízes, caules, folhas, frutos e total (MST). A distribuição dos assimilados nos diferentes órgãos seguiu padrões distintos para os genótipos. Houve maior acúmulo de AF e MST para os acessos 'PI-127826' e 'PI-134417' e híbridos interespecíficos 'Redenção' x 'PI-127826' e 'Redenção' x 'PI-134417'. Devido ao efeito heterótico proporcionado pelos cruzamentos interespecíficos, houve para os híbridos maior AF e MST do que nos genitores. Com base nas características avaliadas do crescimento quantitativo, é possível afirmar que as espécies de tomateiro e híbridos interespecíficos estudados apresentaram diversidade de comportamentos quanto à síntese e alocação de carboidratos. Os resultados obtidos referentes à análise de crescimento podem colaborar com os programas de melhoramento genético do tomateiro que visarem o desenvolvimento e seleção de genótipos com incremento do acúmulo de biomassa.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, acessos silvestres, acúmulo de biomassa, pré-melhoramento genético.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior.

ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM *CAPSICUM ANNUUM* POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Augusto Soares Lins Pantaleao¹; Maria Eduarda da Silva Guimaraes¹; Ana Carolina Ribeiro de Oliveira¹; Ana Izabella Freire¹; Fernando Luiz Finger¹

¹Universidade Federal de Viçosa; Centro de Ciências Agrárias; Departamento de Fitotecnia; Viçosa; MG; Brasil. *E-mail do autor para correspondência: augustopntl@gmail.com

O cultivo de pimenta tem grande importância socioeconômica mundial. No Brasil, destaca-se pelas características de rentabilidade, geração de empregos e pelo estabelecimento de novas indústrias processadoras. A caracterização e a conservação dos recursos genéticos de pimenta são de grande interesse nos programas de melhoramento. Os bancos de germoplasma constituem fonte de variabilidade genética para obtenção de novas cultivares com características mercadológicas desejáveis. Para a quantificação da divergência genética, vêm sendo utilizadas técnicas de análises multivariadas que permitem conhecer o grau da variabilidade genética das populações; selecionar genitores geneticamente mais divergentes, que poderão ser intercruzados; bem como avaliar as características que mais contribuem para diversidade entre os acessos. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética de 30 acessos que incluem pimentas e pimentões (*Capsicum annuum*) do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV). O experimento foi conduzido no setor de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV) em delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições. Foram analisadas treze características quantitativas, são elas: peso do fruto (PF), comprimento do fruto (COMP), diâmetro do fruto (DF), espessura do pericarpo (ESP), matéria fresca total (MFT), matéria seca total (MST), número de sementes por fruto (NSF), altura da planta (ALT), diâmetro da copa (DC), tamanho da folha (TF), longitude do caule (LF), diâmetro do caule (DCA) e diâmetro da corola (DCO). Na análise dos componentes principais, os três primeiros componentes, explicaram cerca de 83% da variância total. Além disso, dos treze componentes principais, três (23,1%) apresentaram variâncias (autovalores) inferiores a 0,7. Na representação tridimensional, a dispersão dos escores no eixos cartesianos identificou os acessos 3, 8, 21 e 25 como os mais divergentes, em função da maior distância gráfica entre eles. Adotando o critério de descarte direto de variáveis proposto por Jolliffe (1972, 1973), preconiza-se iniciá-lo pelos componentes que apresentam os menores autovalores até o limite de 0,70 associados aos maiores autovetores, nos respectivos componentes, logo, as variáveis MFT, MST e COMP são sugeridas para descarte.

Palavras-chave: Variabilidade genética; Análise multivariada; Caracteres quantitativos

ANÁLISE DE REPETIBILIDADE EM VARIÁVEIS DO FRUTO DE MACAÚBA EM DIFERENTES LOCAIS DE MINAS GERAIS

Carla Aparecida de Oliveira Castro^{1*}; Rafael Tassinari Resende²; Vinícius Carneiro Quintão³; Alexandre Gomes Ferraz⁴; Sérgio Yoshimitsu Motoike⁵; Cosme Damião Cruz⁵

¹Graduanda em Engenharia Florestal, UFV/Viçosa.²Doutorando em Ciências Florestais, UFV/Viçosa.³Doutorando em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa.⁴Mestrando em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa.⁵Professor, UFV/Viçosa.*carla.castro0120@gmail.com

O Brasil possui grande capacidade produtiva de energia renovável a partir da produção de biodiesel. Uma espécie oleaginosa apta a tornar efetivo este tipo de produção é a palmeira macaúba (*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lood. ex. Mart). O presente trabalho objetivou analisar os efeitos gerados pela distribuição desta cultura no estado de Minas Gerais, em 18 municípios. Foram mensuradas 6 características dos frutos em 2 a 4 repetições, obtidas em 172 matrizes. A análise foi feita por meio da aplicação de modelos mistos. Mensurou-se as características peso seco do fruto, diâmetros radial e axial, espessuras em duas diferentes direções do endocarpo e peso seco do mesocarpo. O modelo utilizado foi o $y=Xb+Zg+e$, para todos os genótipos e locais, visando definir a significância dos efeitos fixo e aleatório, para a variação fenotípica nos componentes do fruto. O efeito fixo, referiu aos municípios e não foi significativo ($P>0,95$) para ambas às espessuras do endocarpo, obtendo p-valores=0,1386 e 0,0619. No efeito aleatório, relacionado ao genótipo das matrizes, os componentes apresentaram alta repetibilidade, sendo este um resultado satisfatório para a realização do melhoramento da cultura a partir destas matrizes. A estatística multivariada, com todas as variáveis, exceto a espessura do endocarpo, por não apresentar significância para efeito de município, foi usada para agrupar os locais de acordo com as distâncias euclidianas e o método de agrupamento UPGMA. Os municípios foram classificados e divididos em 2 grupos, sendo o primeiro composto por 5 cidades e o segundo, pelas demais. Foram calculadas as médias das variáveis dos frutos mensurados em cada grupo e assim, constatou-se que o grupo 1 apresentou maior média, mesmo sendo composto por um menor número de cidades. Analisou-se ainda cada um dos grupos utilizando modelos mistos. O grupo 1 apresentou novamente o melhor resultado, com diferença significativa para o mesocarpo, p-valor=0,0405, significativo a 95% de probabilidade. Apresentou também, valores de repetibilidade superiores. No grupo 2, a única variável com diferença significativa foi o diâmetro axial do fruto, com p-valor=0,0159. Constatou-se que, para fins de melhoramento de macaúba, a partir das plantas analisadas, seria preferível a seleção de genótipos presentes no grupo 1, pois o mesmo obteve resultado superior em relação às médias e repetibilidade.

Palavras-chave: Macaúba; Repetibilidade; Modelos Mistos

Agradecimento: Fapemig, CNPq e Capes

ANÁLISE DE RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM *Capsicum frutescens* L.

Michele de Moraes^{1*}; Isabela V. dos Anjos¹; Ana Flávia S. Amorim¹; Suelene S. de Melo²; Renê A. S. Campos³; Kelly L. de Araújo³;

¹Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal; ²Graduação em Agronomia, UNEMAT, Cáceres - MT; ³Departamento de Agronomia – UNEMAT, Cáceres - MT.
*mihdemorais@gmail.com

A antracnose (*Colletotrichum gloesporioides*) é uma das principais doenças que ocorrem no gênero *Capsicum*, podendo reduzir a produção em até 100%. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a expansão da lesão da antracnose em *C. frutescens*, correlacionando a área total dos frutos com a área lesionada. Dois acessos de *C. frutescens* (17 e 44) pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da UNEMAT foram selecionados com base na característica de resistência a antracnose. Os frutos colhidos foram desinfestados com solução de hipoclorito de sódio (0,5%), álcool 70% e lavados em água destilada esterilizada, por um minuto em cada etapa. Posteriormente, foram acondicionados em bandejas de isopor coberta com saco plástico transparente, com folhas de papel filtro umedecida no interior para compor a câmara úmida. A quantidade de esporos foi mensurada em câmara de Neubauer espelhada e a suspensão foi reajustada a 10⁶ conídios/mL. Em cada fruto foi feito um ferimento na região média, com agulha esterilizada, e em seguida, foi feita a inoculação por meio da deposição de uma gota de 20 µL de suspensão. Um fruto maduro e um imaturo de cada parcela foram utilizados como testemunhas, e depositado 20 µL de água destilada esterilizada. As bandejas ficaram em ambiente com temperatura a 24°C ± 2. O diâmetro e comprimento da lesão foram determinados ao 8° e 12° dia após a inoculação (DAI). A área total e a área lesionada foram avaliadas no 12° dia por meio do sistema de análise de imagens WinDias 3. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições, quatro frutos imaturos e quatro maduros por repetição. Os dados foram submetidos a ANOVA com auxílio do programa Genes. Não houve aumento na área lesionada no 8° e 12° DAI. O diâmetro e largura das lesões apresentaram CV de 30,3 e 19,1% respectivamente. A área afetada aumentou independentemente da área total do fruto, apresentando um CV de 46,5 e 59,2% respectivamente. A expansão da lesão entre os acessos foi semelhante. Os CVs indicam a precisão do experimento, levando em consideração que ao trabalhar com a interação entre planta e patógeno, é aceitável um CV elevado. Os resultados do presente estudo indicam que os acessos 17 e 44 apresentam o mesmo grau de resistência à antracnose.

Palavras-chave: *Colletotrichum gloesporioides*; pimenta; área lesionada;

ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM TOMATEIRO

Victória Annicchini^{1*}; Bruna Fernanda Longatti¹; Paulo César Tavares de Melo¹; José Antonio Carnezzini de Paula¹; Fernando Angelo Piotto¹

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Genética, Universidade de São Paulo. *vicannicchini@hotmail.com

O tomateiro é uma cultura hortícola, cuja avaliação dos experimentos é bastante onerosa. Geralmente, são realizadas entre 6 e 10 colheitas ao longo do ciclo, sendo a produção obtido pela soma de todas elas. Assim, para fins de melhoramento visando maior rendimento de frutos, a seleção indireta por meio de caracteres de fácil avaliação pode representar economia de tempo e recursos. Em estudos prévios, alguns caracteres de frutos foram identificados como sendo componentes primários da produção de frutos em tomateiro, os quais teriam algum potencial como auxiliares na seleção de plantas mais produtivas. Com base nisso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a influência dos componentes de frutos na produtividade de tomateiro, por meio da decomposição das correlações em análise de trilha. Para tanto, foram utilizadas 16 linhagens de tomateiro de hábito de crescimento determinado, oriundas de um mesmo cruzamento, conduzidas em sistema de meia-estaca, na safra de 2016 (fevereiro - junho). O espaçamento utilizado foi de 0,40 m entre plantas na linha e de 1,80 m entre linhas, sendo o experimento instalado em blocos casualizados, com 3 repetições e 6 plantas por parcela. Foram avaliados a Produção Total Comercial por Planta (PTP, kg.planta⁻¹), Massa Média dos Frutos (MMF, g.fruto⁻¹), Número de Frutos por Planta (NFP, n°.planta⁻¹), Número de Lóculos por Fruto (NL, n°.fruto⁻¹) e Espessura do Pericarpo (EP, mm.fruto⁻¹). A variável PTP foi tomada como sendo a principal. As análises de trilha e das correlações de Pearson foram realizadas com dados ao nível de média de parcela. Os fatores de inflação das variâncias para as variáveis estudadas indicaram leve efeito de multicolinearidade, o que não deve prejudicar a análise. De forma geral, somente o NFP apresentou correlação positiva e significativa com a PTP ($r = 0,48$, $p < 0,01$), ao passo que as demais mostraram somente associações de baixa magnitude com a variável principal. Contudo, na análise de trilha, foi possível observar efeitos diretos e elevados tanto do NFP quanto da MMF. Embora no NL tenha apresentado efeito direto quase nulo sobre PTP, nota-se que este fato ocorreu por conta do efeito indireto e positivo da MMF e indireto negativo do NFP sobre essa variável. De forma similar, o efeito direto do NL foi reduzido, sendo afetado de forma significativa pelo efeito indireto de NFP. Com base nestas análises, pode-se afirmar que NFP e MMF são os principais componentes relacionados com a PTP. Assim, dentre as variáveis avaliadas, estas seriam as mais importantes para serem levadas em consideração como critérios indiretos de seleção, em programas de melhoramento do tomateiro para maior rendimento na produção de frutos.

Palavras-chave: Associação de caracteres; Rendimento; Seleção indireta.

Agradecimentos: Agradecemos ao CNPq, CAPES e FAPESP pelo apoio nesta pesquisa.

ANALISE DE TRILHA PARA SELEÇÃO INDIRETA EM CRAVINAS ORNAMENTAIS

Naysa Flávia Ferreira do Nascimento^{1*}; José Edson Lourenço dos Santos¹;
Maria das Dores dos Santos Lima Filha¹ Lais Tomaz Ferreira¹

¹Universidade Federal da Paraíba: naysafn@gmail.com

A cravina (*Dianthus chinensis* L.) é uma planta utilizada para a composição em jardins, pois possui florescimento precoce e inflorescência com formatos e cores variadas. Na região do Brejo paraibano a Associação de Flores Vila Real comercializa a espécie em vaso. Apesar da importância econômica do gênero, há carência de pesquisas que visem à geração de tecnologias para aumento de comercialização e produção das mesmas. A inexistência de trabalhos para seleção de matrizes produtivas, de baixo porte e cujas inflorescências possuam características desejáveis para comercialização, confirmam tal carência. Para auxílio na seleção de genótipos com as características desejadas tem sido bastante útil no melhoramento de plantas, interpretação e a quantificação da magnitude de uma correlação podem resultar em equívocos, o que prejudicaria a seleção. Nesse contexto, o desdobramento das correlações genéticas, por meio da análise de trilha, apresenta-se como uma alternativa viável. O objetivo desse trabalho foi estudar a correlação direta e indireta utilizando a análise de trilha para determinar quais características podem ser usadas como critério para seleção em cravinas. Foram avaliadas quinze variedades comercializadas pela Associação de Flores Vila Real. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com quinze tratamentos e três repetições. Sete características morfológicas foram mensuradas: altura da planta, comprimento da corola, número de filetes por corola, números de flores por planta, número de anteras por corola, comprimento e largura da folha. Foi realizada uma análise para avaliar os efeitos das características de flores, sobre a variável básica altura da planta. As correlações foram desdobradas, mediante a análise de trilha em efeitos diretos e indiretos. O comprimento da folha foi a característica que apresentou maior correlação com a variável básica (0,54). O efeito direto desta característica sobre a variável principal (-0.5071) foi também o maior (0,94). Com base na análise de trilha, foi possível identificar caracteres que maximizam a resposta correlacionada, comprimento da corola (0,409), largura da folha (-0,57) e número de filetes/planta efeito direto (0,53) e efeito indireto (0,53) via número de anteras/corola. O uso destas características para a composição de índices de seleção e/ou seleção simultânea de caracteres pode auxiliar na obtenção de plantas com porte baixo.

Palavras-Chave: Correlação; *Dianthus Chinensis*; plantas ornamentais.

AValiação DA Diversidade Genética EM GENÓTIPOS DE *CAPSICUM* spp. COLETADOS NA FRONTEIRA BRASIL/PARAGUAI

João José da Silva Neto¹; Paulo Antonio Martines Prates¹; Marcelo Caetano de Oliveira¹

¹ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul – campus Ponta Porã, MS. *joao.jose@ifms.edu.br

O gênero *Capsicum* é pertencente à família Solanaceae e compreende espécies de pimentas e pimentões que são amplamente comercializadas em todo o mundo. As plantas desse gênero apresentam diversas variedades que diferem quanto ao tipo, cor, tamanho, sabor e pungência, sendo utilizadas não somente para o consumo na alimentação humana, mas também, sendo utilizadas com diversas finalidades como, por exemplo, na composição de medicamentos, cosméticos e ornamentação. A diversidade genética garante uma base para o melhoramento, e o seu conhecimento é imprescindível para que um programa de melhoramento seja conduzido de forma racional e eficaz. Assim o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade existente entre diferentes genótipos coletados na região de fronteira do Brasil com o Paraguai. O estudo foi desenvolvido no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul – campus Ponta Porã, localizada na rodovia BR 463, Km 14 s/n, 22°37'07" latitude sul e 55°36'34" longitude oeste a 755 m de altitude. O material vegetal utilizado foi adquirido em mercados e feiras livres tanto do Brasil quanto do Paraguai, foram utilizadas e também doações de professores e alunos do IFMS, totalizando 17 genótipos. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições, sendo avaliadas seis características morfológicas das plantas. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo critério de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Para análise de divergência genética utilizou-se o método de agrupamento de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis. Observou-se significância ($p = 0,05$) para todas as características analisadas pelo teste F, formando diferentes grupos pelo critério de Scott-Knott. De acordo com o método de Tocher foram formados 5 grupos onde o primeiro agrupou 8 genótipos e os grupos 4 e 5 foram compostos por apenas um genótipo. Tais resultados indicam a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, havendo a possibilidade de seleção e ganhos genéticos em trabalhos futuros de melhoramento.

Palavras-chave: *Capsicum* spp.; diversidade genética; melhoramento.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Instituto Federal de Mato Grosso do Sul

AVALIAÇÃO DE CLONES AVANÇADOS DE BATATA PARA CARACTERES DE RENDIMENTO E QUALIDADE DE FRITURA

Giovani Olegário da Silva^{1*}; Arione da Silva Pereira²; Fernanda Quintanilha Azevedo²; Agnaldo Donizete Ferreira de Carvalho¹

¹Embrapa Hortaliças. ²Embrapa Clima Temperado. *E-mail do autor para correspondência: giovani.olegario@embrapa.br

A maior parte das cultivares de batata (*Solanum tuberosum* L) utilizadas atualmente no Brasil foi desenvolvida na Europa. Entretanto, a produtividade nas condições brasileiras de clima e solo é inferior em comparação com a dos países de origem, devido a estas cultivares terem sido selecionadas sob condições de fotoperíodo longo e baixa pressão de alguns fatores bióticos que afetam a cultura no Brasil. Para conseguir maior rendimento é necessária a utilização de grande quantidade de insumos, o que pode ocasionar menor sustentabilidade da cultura. Desta forma, a obtenção de cultivares nacionais adaptadas às condições de cultivo nas diversas regiões produtoras brasileiras com resistência às principais doenças é a alternativa mais viável para tornar a cultura mais produtiva e rentável ao agricultor. Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi verificar o desempenho de clones de batata em relação a caracteres de rendimento e qualidade de fritura, visando identificar aqueles superiores para se tornarem novas cultivares. Os experimentos foram realizados em Canoinhas-SC e em Pelotas-RS, no outono de 2014. Foram avaliados onze clones avançados pertencentes ao programa de melhoramento genético da Embrapa, em comparação com as cultivares testemunhas Agata e Asterix. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com quatro repetições. As parcelas foram compostas por duas linhas de 3,5 metros com 10 plantas cada. Aproximadamente 110 dias após o plantio foram realizadas as colheitas e avaliação para caracteres componentes de rendimento de tubérculos e da qualidade de fritura. Foram realizadas análises de variância e agrupamento de médias por Skott & Knott. Observou-se na análise de variância conjunta, que a interação genótipo x local foi significativa para a maioria dos caracteres, com exceção para a massa total de tubérculos. Na análise de variância para cada local, verifica-se que todos os caracteres foram significativos em diferenciar os clones e cultivares avaliadas nos dois locais. Verificou-se que o clone F183-08-01 é o mais produtivo para os dois locais testados, além de possuir potencial para a fritura na forma de palitos alongados. O clone F161-07-02 apresenta os melhores atributos para a fritura (elevado teor de matéria seca e coloração clara depois da fritura), porém é menos produtivo e o formato é menos alongado. A superioridade destes clones em relação às testemunhas indica potencial destes para serem promovidos a novas cultivares, porém, novos ensaios de competição de clones serão realizados, inclusive em outras regiões brasileiras, para confirmar a superioridade destes clones.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L.; massa de tubérculos; peso específico.

AValiação de clones de batata para estresse por temperatura supra-ótima em ambiente controlado

Raquel Bartz Kneib^{1,2*}; Tatieli Silveira^{1,2}; Arione Pereira²; Janni André Haerter²;
Giovani Greigh de Brito²; Caroline Marques Castro²

¹UFPEL. ²Embrapa Clima Temperado. *raquelkneib@yahoo.com.br

No Brasil, a batata é a principal cultura olerácea, tanto em área, como em preferência alimentar. Em função da sua origem andina, é uma espécie que apresenta melhor adaptação a climas amenos. No entanto, a maior parte da produção brasileira ocorre em regiões subtropicais e tropicais de altitude, sendo a ocorrência de temperaturas supra-ótimas um dos principais fatores limitantes as épocas de cultivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de 12 clones (C) de batata cultivados em ambiente controlado quando submetidos à temperaturas supra-ótimas. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições (R). A parcela consistiu de quatro plantas, cultivadas em vasos com 1kg de substrato. O experimento foi conduzido em câmaras de crescimento com 12h de luz (350 Micromol.m⁻².s⁻¹), UR 55-85% e temperatura com gradiente variando de 14°C a 30°C (T1) e 23°C a 33°C (T2). Aos 88 dias após o plantio foi realizada a colheita onde foram avaliadas as seguintes variáveis: massa fresca da parte aérea (MFPA), massa seca da parte aérea (MSPA), número de tubérculos (NT), massa fresca de tubérculos (MFT), massa média de tubérculos (MMT) e percentagem de tubérculos com embonecamento (%TE). Os dados foram submetidos à análise de variância em esquema fatorial (2Tx12Cx4R), seguido de teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 5% de probabilidade do erro. Para as variáveis MFPA e MFT, os genótipos não diferiram em resposta aos dois ambientes, enquanto que para a variável MSPA, houve diferença significativa, sendo as médias obtidas no T2 superiores às observadas no T1. Para as variáveis NT, MMT e %TE, a interação genótipo-ambiente foi significativa. Para o NT, a cultivar Agata se destacou, com maior média de NT no T2, sendo também o clone com maior média de NT em T1. Para MMT, os clones C2337-18-02 e Asterix apresentaram maior massa no T2 do que no T1, tendo, respectivamente, as maiores médias no T2. A temperatura superior do T2 reduziu o NT do clone C2337-18-07, e também aumentou a %TE, juntamente com os clones Asterix, Baronesa, BRS Clara e C2406-03. Por este estudo conclui-se que, apesar da temperatura supra-ótima do T2 não causar perdas quantitativas na produção de tubérculos, com excessão do NT para o clone C2337-18-02, reduz o aspecto qualitativo dos tubérculos, o qual tem efeito negativo importante nos tubérculos tanto para venda *in natura* quanto para utilização na indústria; os clones Asterix, Baronesa, BRS Clara, C2337-18-02 e C2406-03 são os mais afetados por temperaturas supra-ótima.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*; melhoramento; tolerância ao calor.

Agradecimentos: Embrapa Clima Temperado, UFPEL, CAPES-Embrapa (Edital Capes/Embrapa n.15/2014), CNPq.

AValiação DE CULTIVARES DE MORANGUEIRO EM TRÊS AMBIENTES

Ely Cristina Negrelli Cordeiro¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; André Gabriel³; André Ricardo Zeist⁴; Ricardo Antônio Zeist¹; Mateus de Lima Martins⁵; Matheus Hermann dos Santos⁶

¹Mestranda em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. ²Professor Associado – Departamento de Agronomia – UNICENTRO ³Doutorando em Produção Vegetal – UNICENTRO. ⁴Pós doutorando em Agronomia – UNICENTRO. ⁵Graduando em Agronomia - Faculdade Campo Real. ⁶Graduando em Agronomia – UNICENTRO. *E-mail do autor para correspondência: elyzinhacordeiro@hotmail.com.

O morango (*Fragaria x ananassa* Duch.) têm um importante papel socioeconômico no setor agrícola do Brasil devido à aumento da renda dos agricultores em pequenas propriedades e fixação dos mesmos na área rural, no entanto no Brasil há carência de programas de melhoramento de morangueiro e o país é dependente de cultivares importadas. Neste sentido, objetivou-se avaliar a produtividade de cultivares de morangueiro em três locais Lavras-MG, Uberlândia-MG e Guarapuava-PR. Os experimentos foram conduzidos no sistema de túnel baixo, com fertirrigação no ano agrícola 2015, sendo avaliadas a massa total de frutos (MTF g planta⁻¹) e massa de frutos comerciais (MFC g planta⁻¹) de 13 cultivares de morangueiro em delineamento blocos ao acaso com quatro repetições. Com auxílio do programa Genes realizou-se a análise de variância conjunta e o agrupamento de médias, pelo teste de Scott-Knott. O resumo da análise de variância conjunta revelou efeito significativo para cultivar, ambiente e interação cultivar x ambiente para MTF e MFC, evidenciando a ocorrência de variabilidade genética entre as cultivares de morangueiro e inconsistência no comportamento dos mesmos frente às oscilações ambientais. Comparando-se a média em cada ambiente, para MTF em Uberlândia (1018,92) e Lavras (956,80) foram superior a Guarapuava (722,88). Enquanto a média de MFC em Uberlândia (846,46), foi superior de Lavras (762,50) e Guarapuava (499,70). Para MTF no teste de agrupamento de médias foram alocados primeiro grupo em Lavras as cultivares Oso Grande, Dover, Camarosa, Camino Real e Albion, em Guarapuava a cultivar Dover, enquanto em Uberlândia as cultivares Oso Grande e Camarosa, nestas cultivares verificou-se produção superior a 1000 g de frutos por planta. Quanto a MFC as cultivares Oso Grande e Camarosa foram agrupadas no primeiro grupo de genótipos para os ambientes de Lavras e Uberlândia, enquanto Camino Real, San Andreas e Albion para os ambientes de Lavras e Guarapuava.

Palavras-chave: *Fragaria x ananassa* Duch.; interação genótipos x ambientes

Agradecimentos: Fundação Araucária e CNPq.

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE ABOBRINHAS SOB CULTIVO ORGÂNICO EM ANÁPOLIS-GO

Aracelle Assunção^{1*}, Valdivina Lúcia Vidal¹; Marcos Coelho¹; Raimunda Nascimento Sales¹

¹Agência Goiana de Assistência Técnica, Extensão Rural e Pesquisa Agropecuária - Emater. *E-mail do autor correspondente: aracelleassuncao@gmail.com

As abóboras para consumo verde (fruto imaturo), também chamadas de abobrinhas (*Cucurbita moschata*), estão entre as principais hortaliças cultivadas em Goiás. É uma cultura de extrema importância por ter grande parte de sua produção concentrada em pequenas e médias propriedades, que utilizam na maioria das vezes o sistema agrofamiliar. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar, em dois anos, a produtividade e o número de frutos de doze linhagens de abobrinhas caipira cultivadas em sistema orgânico. Os experimentos foram instalados na Estação Experimental da EMATER em Anápolis-GO, nos anos de 2015 e 2016, com transplante em 26 de agosto e 15 de setembro, respectivamente, utilizando os tratamentos culturais e fitossanitários permitidos para esse tipo de prática. O delineamento, para ambos os experimentos, foi em blocos casualizados, com três repetições, sendo os tratamentos compostos de doze linhagens de abobrinhas caipiras (EEA 01AV, EEA 02AV, EEA 03AV, EEA 04AV, EEA 06AV, EEA 07AV, EEA 08AV, EEA 09AV, EEA 10AV, EEA 11AV, EEA 12AV e EEA 13AV). As parcelas constaram de duas linhas com cinco covas cada, com espaçamento entre linhas de quatro metros, e entre plantas de um metro. As análises estatísticas dos dados foram realizadas com o auxílio do software SAS (SAS Institute, 2009). No ano de 2015, houve diferença estatística entre as linhagens apenas para produtividade. Já em 2016 diferiu somente para variável número de frutos por planta. Considerando a média dos dois anos, houve diferença significativa entre os tratamentos para produtividade e número de frutos por planta, mas a interação linhagens x anos não foi significativa para nenhuma delas. Houve correlação fenotípica positiva e significativa entre produtividade e número de frutos por planta para os dois anos (2015 (0,96, $p < 0,0001$), 2016 (0,94, $p < 0,0001$)). Conclui-se que as linhagens mais produtivas em 2015 são a EEA 08AV (12,07 t/ha), EEA 07AV (10,63 t/ha), EEA 01AV (10,14 t/ha), EEA 04AV (9,99 t/ha), EEA 12AV (8,58 t/ha), EEA 11AV (8,52 t/ha) e EEA 09AV (8,41 t/ha). As que apresentaram maior número de frutos por planta em 2016 são: EEA 11AV (5,98), EEA 07AV (5,81), EEA 03AV (5,66), EEA 08AV (5,57) e EEA 09AV (5,53). Considerando as médias dos dois anos de avaliação, as linhagens EEA 08AV (10,40 t/ha) e EEA 07AV (10,12 t/ha) foram as mais produtivas, sendo que a linhagem EEA 08AV, apresentou também o maior número de frutos por planta (9,55). Como a interação não foi significativa, isso indica que as linhagens estudadas apresentaram um comportamento semelhante para estas características nos anos de 2015 e 2016, sob cultivo orgânico em Anápolis-GO.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*; agricultura orgânica; rendimento.

AValiação de Resistência em *Capsicum* spp. À *Fusarium solani*.

Isabela Vera dos Anjos^{1*}; Michele de Moraes¹; Suelene Surubi de Melo¹; Lucas Pereira da Silva¹; Daiani da Silva de Oliveira¹; Kelly Lana Araújo²

¹Universidade do Estado de Mato Grosso-Campus Cáceres; ²Professora orientadora UNEMAT-Campus Cáceres. *iveradosanjos@hotmail.com

Em pimentas do gênero *Capsicum* a Podridão do colo, causada por *Fusarium solani* pode apresentar vários sintomas, e ocorrer em qualquer estágio de crescimento da planta; em plântulas os principais os sintomas que se destacam são a murcha em raízes e região do colo necrosadas, podendo até em alguns casos secar ou tombar; já em plantas adultas pode paralisar o crescimento, murchar e secar. Esta doença tem causado perdas significativas na produção de pimentas no estado de Mato Grosso. Este trabalho objetivou avaliar a resistência dos diferentes acessos de *Capsicum* spp. do banco de germoplasma do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UNEMAT – Campus Cáceres à ao fungo *F. solani*. Foram selecionadas e semeadas sementes de 5 genótipos de provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da UNEMAT, para posteriormente avaliar quanto à suscetibilidade e resistência dos acessos aos diferentes isolados de *F. solani*, as plântulas foram transplantadas com 58 dias para copos plásticos transparentes de 500ml contendo solo, areia e substrato (2:1:1). O experimento foi conduzido em DBC (Delineamento em Blocos Casualizados) com 4 blocos, 5 tratamentos, 3 plantas por parcela, em casa de vegetação. A inoculação foi realizada por corte com auxílio de uma lamina na haste das plantas, onde fixou-se com filme plástico um disco de micélio do fungo cultivado em B.D.A por aproximadamente 7 dias. Após cinco dias os plásticos foram retirados e as avaliações se iniciaram ao sexto dia, com dimensionamento a área da lesão com auxílio de um paquímetro digital. A partir dos valores diários das lesões, calculou-se a AACPD (Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença). Em seguida, os resultados foram submetidos a ANOVA (Análise de variância) a 1% de probabilidade pelo teste f, posteriormente, aplicou-se o teste Tukey a 5% de probabilidade para comparação entre as médias. Com base na AACPD os genótipos analisados foram alocados em dois grupos. O primeiro grupo foi formado apenas pelo acesso UNEMAT 39, mostrando maior suscetibilidade ao fungo. Já o segundo grupo foi formado pelos acessos UNEMAT 66, 116, 141 e 140. Estes resultados possibilitam estudos posteriores pois indicam potenciais parentais que poderão ser usados no programa de melhoramento do *Capsicum* spp. da UNEMAT visando obtenção de híbridos superiores resistentes à podridão do colo.

Palavras-chave: Podridão do colo; inoculação; lesão.

CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE HÍBRIDOS DE CEBOLA EM DIFERENTES DENSIDADES DE PLANTAS

Danilo Alves Porto da Silva Lopes^{1*}; Lucas Vinicio Rodrigues Ventura¹; Flavio Coelho Mendes¹; Kellen Kiara Barros Milhomens¹; João Victor Gonçalves Carline¹; Joelson André de Freitas¹; Ildon Rodrigues do Nascimento¹

¹Universidade Federal do Tocantins, Campus Universitário de Gurupi. *E-mail do autor para correspondência: danillo_sanfa@outlook.com

A cebola (*Allium cepa* L.) é uma das olerícolas de maior valor econômico mundial, superada apenas pelo tomate e pela batata. Devido às condições de clima e escassez de cultivares adaptadas, no Norte do Brasil, não há relatos de cultivo comercial de cebola. O desenvolvimento de novos híbridos tropicalizados associado a manejo adequado, permite a expansão da área cultivada com cebola no país. Dentre os fatores de manejo determinantes à produção, destaca-se a interação dos genótipos com as densidades de semeadura. Considerando esta interferência, objetivou-se nesse trabalho avaliar diferentes densidades sobre híbridos de cebola para as características agronômicas. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados em esquema fatorial simples (4x4), o primeiro fator constituiu-se de quatro densidades de plantio: 1.200.000 plantas ha⁻¹; 780.000 plantas ha⁻¹; 600.000 plantas ha⁻¹ e 480.000 plantas ha⁻¹, e o segundo fator constituído por quatro cultivares com quatro repetições. Os genótipos avaliados foram: Cimarron, MataHari, Dulciana e Vulkana. As características avaliadas foram: produtividade, peso médio de bulbo, forma do bulbo e número de folhas. O genótipo Cimarron apresentou diferença para a produtividade, a densidade 780.000 plantas ha⁻¹ resultou em maior produtividade (52,79 ton ha⁻¹). O genótipo Mata Hari, na densidade de 600.000 plantas ha⁻¹ teve produtividade de 64,87 ton ha⁻¹. Os genótipos Dulciana e Vulkana na densidade de 1.200.000 plantas tiveram médias de 57,58 e 70,42 ton ha⁻¹, respectivamente. A densidade de 1.200.000 plantas ha⁻¹ apresentou a maior produtividade. Os genótipos Cimarron, Mata Hari e Vulkana apresentaram diferença para peso médio de bulbo, sendo que a densidade de 600.000 plantas ha⁻¹ obteve maiores resultados de 74,81 g, 108,11 g e 86,76 g, respectivamente. O genótipo Dulciana apresentou média maior para peso médio de bulbo com a densidade de 480.000 plantas ha⁻¹ (149,60 g). O formato do bulbo não foi alterado de forma significativa pelas densidades enquadrando-se no grupo de maior aceitação comercial. Não houve diferença das cultivares em relação as densidades para número de folhas. Os genótipos Cimarron e Dulciana apresentaram maiores médias para número de folhas na densidade de 780.000 plantas, 8,85 e 8,99 respectivamente. O genótipo Vulkana apresentou maior média de número de folhas (8,90) para a densidade de 1.200.000 plantas ha⁻¹.

Palavras-chave: *Allium cepa* L.; Interação híbridos x densidades.

Agradecimentos: A Universidade Federal do Tocantins, a Capes, ao CNPq e a Empresa Bayer Vegetable Seeds.

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE ABÓBORA COMUM PROVENIENTES DA REGIÃO CENTRO SUL DO ESTADO DO TOCANTINS

João Victor Gonçalves Carline^{1*}; Kellen Kiara Barros Milhomens¹; Onésimo de Souza Cruz¹; Danilo Alves Porto da Silva Lopes¹; Jessika Coelho Vaz¹; Tiago Alves Ferreira¹; Ildon Rodrigues do Nascimento¹

¹Universidade Federal do Tocantins, Campus Universitário de Gurupi. *E-mail do autor para correspondência: jvictor92@hotmail.com.

A abóbora é uma planta herbácea, anual, de crescimento rasteiro ou trepador, com habito de crescimento indeterminado, pertencente a família das cucurbitáceas. No Brasil, são cultivados vários genótipos de abóboras, que diferem entre si pelo formato, tamanho, cor da casca, cor da polpa, firmeza, teor de amido, teor de matéria seca, capacidade de armazenamento e sabor. Do ponto de vista sócio econômico, as abóboras são importantes por fazerem parte da alimentação básica das populações de várias regiões, tanto a nível nacional quanto a nível mundial. O Estado do Tocantins é considerado a mais nova fronteira agrícola do país, e o mesmo, apresenta condições favoráveis para o cultivo de abóboras. Objetivou-se com o trabalho realizar a caracterização morfológica de acessos de abóbora provenientes da região centro sul do Estado do Tocantins. Foi utilizado o sistema de semeadura direta em covas, com espaçamento 3m x 3m. Foram utilizados 35 acessos regionais de abóboras obtidas de produtores da região, nas quais foram avaliadas as seguintes características: presença ou ausência de manchas nas folhas; cor da haste; cor da casca; textura da casca; formato de fruto; peso médio de frutos (kg) e espessura da casca (mm). Do total de acessos avaliados, 91,42 %, apresentaram manchas nas folhas e 74,28 %, apresentaram a coloração da haste verde claro. Cerca de 71,42 % dos frutos dos acessos apresentaram cor da casca laranja e 68,57 % dos frutos apresentaram textura lisa. O formato de fruto predominante em 28,57 % do total foi o periforme. Entre os acessos, o peso dos frutos variou de 0,826 kg a 7,258 kg com média igual a 2,05 kg. Para espessura de casca foi observado uma média de 4,08 mm, sendo possível identificar diferentes padrões, pois frutos com epicarpo espesso podem favorecer ao armazenamento por períodos prolongados, além de serem menos susceptíveis a injúrias mecânicas. Frutos com epicarpo delgados são mais susceptíveis a injúrias mecânicas e ao armazenamento. Os acessos estudados possuem aptidão para consumo in natura, industrialização e armazenamento.

Palavras-chave: *Curcubita* spp.; Diversidade; Seleção.

Agradecimentos: A Universidade Federal do Tocantins – UFT, CNPq e Capes.

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE AVE DO PARAÍSO POR MEIO DA ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Alessandro A. B. dos Santos^{1*}; Valdete C. Ambrozio¹; Marco A. A. Barelli²; Thallita S. Guimarães²; Thaysa C. M. Gomes²; Alex J. S. Floriano²; Peterson B. da Luz²

¹Universidade Estadual de Maringá, PR, Brasil, Departamento de Agronomia.

²Universidade do Estado de Mato Grosso, MT, Brasil, Departamento de Agronomia.

*E-mail do autor para correspondência: alessandro.agrocerrado@hotmail.com

Dentro da cadeia de produção de flores têm-se as plantas ornamentais tropicais, as quais são de grande beleza por seu porte, forma exótica e durabilidade. Essas flores possuem uma diversidade de cores e formas que cria uma atmosfera tropical, proporcionando um aumento significativo no consumo dessas espécies no Brasil e no mundo. Dentre as espécies de flores tropicais, a *Strelitzia reginae*, também chamada de Ave do Paraíso, tem sido uma das mais cultivadas para flor de corte, devido as suas diversas características, principalmente beleza, coloração, forma curiosa às quais são atrativas aos consumidores. A caracterização de espécies de *S. reginae* tem sido de extrema importância em programas de melhoramento, pois possibilitam a obtenção de genótipos superiores. Em vista na necessidade de estudos sobre a espécie, este trabalho foi realizado com o objetivo de realizar a caracterização de acessos de ave do paraíso da coleção de mudas da UNEMAT/Cáceres-MT, com base em características agrônomicas utilizando-se a Análise de Componentes Principais. O trabalho foi conduzido no campo experimental da Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT/Cáceres-MT. Os acessos foram avaliados de acordo com suas características agrônomicas, altura da planta, comprimento do pecíolo, comprimento da folha, largura da folha, diâmetro da base do pecíolo, diâmetro do ápice do pecíolo e número de folhas das plantas. Os dados coletados, foram submetidos à análise de componentes principais e os procedimentos estatísticos foram realizados empregando o recurso computacional, GENES. De acordo com os resultados da análise dos componentes principais, pode-se observar que houve divergência genética entre os acessos de ave do paraíso avaliados. Os resultados mostram que as variáveis que contribuíram na discriminação dos dois primeiros componentes foram comprimento das folhas e diâmetro do ápice pecíolo, no qual explicaram cerca de 96,83% da variação total, sendo que o comprimento das folhas foi responsável por 71,60% e o diâmetro do ápice por 25,24%.

Palavras-chave: Flores Tropicais; *Strelitzia reginae*; divergência genética

CARACTERIZAÇÃO DE CLONES DE BATATA-DOCE MANTIDOS EM BANCO DE GERMOPLASMA

Michelle Souza Vilela¹; Rosa Maria de Deus de Sousa²; Geovani Bernardo Amaro³;
José

Ricardo Peixoto ⁴; Paula A.O. Carmona⁵

^{1, 2, 4 e 5}Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília-UnB.

³Embrapa Hortaliças-CNPH. Brasília - DF; rosamdsf@yahoo.com.br

A batata-doce possui uma grande variabilidade fenotípica e genotípica, o que lhe confere adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas. O objetivo deste trabalho foi caracterizar clones de batata-doce mantido no banco de germoplasma da Embrapa Hortaliças, com alta produtividade por meio de descritores morfológicos e agrônômicos. O experimento foi instalado no Centro Nacional de Pesquisas em Hortaliças – CNPH, no período de novembro de 2014 a maio de 2015, utilizando o delineamento em blocos aumentados, com 100 tratamentos regulares e dois tratamentos comuns. As parcelas experimentais foram formadas por 10 plantas no espaçamento: 0,85 x 0,30 m = (1,70 x 0,30 m), 0,80 m entre parcelas. Foram mensuradas 10 características da parte aérea e 9 das raízes. (Diâmetro entre nó, Cor predominante da rama, Formato Lóbulo central, Peso das Ramas, Número de Lóbulo da folha, Tamanho da folha madura, Tipo de Lóbulo da folha, Comprimento da folha imatura, Comprimento da folha madura, Formato geral da folha; comprimento das raízes, formato das raízes, Cor predominante da polpa, Cor predominante da raiz, Diâmetro da Raiz, Número raízes comerciais, Número total de raízes, Peso das raízes comerciais, Peso total t ha⁻¹). As avaliações da parte vegetativa foram feitas três meses após o plantio e das raízes após 6 meses do plantio das estacas. De acordo com os resultados foi constatado que os descritores morfológicos da parte aérea apresentaram maior variabilidade em relação aos descritores das raízes. Foram observados valores médios significativos para as características avaliadas, tais como: comprimento da rama, peso das ramas, vigor, tipo de planta e número de lóbulos da folha. O genótipo com maior produção de raízes foi a Testemunha 2, com 39,81 t.ha⁻¹ e com menor produtividade o genótipo 878 com 6.92 t.ha⁻¹ respectivamente. A seleção e recomendação de genótipos de batata-doce, baseada no conjunto das características estudadas (dependendo do segmento de mercado a ser explorado), possibilitará conhecimento e utilização deste valioso recurso genético vegetal, e a sua adoção mais intensa na agricultura nacional. Conclui-se que a avaliação das características morfoagronômicas possibilitou a identificação de formas genômicas semelhantes e possível estreitamento genético da espécie dentro do banco de germoplasma.

Palavras chave: Folhas e raízes de batata-doce; Produtividade; blocos aumentados.

Agradecimentos: A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS DE QUIABO (*Abelmoschus esculentus* L.) POR MEIO DE MARCADORES AFLP

Luana Rainieri Masucato¹; Bruna Delgado Góes²; Lucas Milanez Benicio³; Daniele Cassiano Feliciano⁴; Leandro S. A. Gonçalves⁵; Paulo Mauricio Ruas⁶

¹Mestranda em Agronomia – Universidade Estadual de Londrina. ²Doutoranda em Agronomia - UEL. ³Colaborador do Departamento de Biologia Geral, UEL. ⁴Mestranda em Genética e Biologia Molecular, UEL. ⁵Prof Departamento de Agronomia – UEL. ⁶Prof Departamento de Biologia Geral – UEL. E-mail do autor para correspondência: lrmassucato@gmail.com

O quiabo (*Abelmoschus esculentus* L.) é uma planta anual, pertencente à família das Malvaceae e possui diversas características cultiváveis desejáveis, como ciclo rápido, resistência à doenças e custo de produção baixo. Esta espécie também apresenta uma grande importância na alimentação humana, fornecendo substâncias que podem reduzir o risco de diversas doenças. Devido a sua boa adaptação ao clima e à sua importância nutricional, a espécie é amplamente cultivada no Brasil. Os estudos sobre variabilidade genética são essenciais para a seleção de acessos com potencial para serem utilizados em programas de melhoramento. Os marcadores moleculares tem contribuído significativamente para o melhoramento vegetal, e entre eles, o *Amplified fragment length polymorphism* (AFLP) tem sido utilizado amplamente em populações de plantas cultiváveis. O objetivo do trabalho foi caracterizar aspectos moleculares de *A. esculentus* a fim de avaliar a diversidade genética entre diferentes acessos por meio de marcadores AFLP. Foram avaliados 26 acessos de quiabo provenientes de diversas regiões do Brasil e 2 acessos provenientes da Turquia. Amostras foliares foram coletadas de cada planta, e submetidas a extração de DNA total em bulk, nas quais foram aplicadas cinco combinações de primers EcoRI/MseI: ACC/CTAG, ACC/CAG, ACC/CAC, ACT/ CAAG e AGC/CTTC. Uma matriz binária foi gerada através do software v.4.1 Gene Mapper, onde foi observado um total de 652 marcadores dos quais 533 (81,74%) foram polimórficos. Dentre os pares de primer aplicados, o que identificou o maior número de polimorfismo foi o EcoRI-ACC/MseI-CAG com 168 locos polimórficos e o que menos identificou foi o EcoRI- ACC/ MseI-CAC com apenas 43 locos polimórficos. A distância genética de Jaccard foi maior entre os acessos 3227 e 643 com 48,37% e a menor distancia foi entre os acessos 1396 e 667 com 18,21%. O dendrograma gerado não apresentou grupos bem definidos, o que já era esperado devido à grande diversidade dos acessos e suas diferentes origens. Os dados apresentados no dendrograma foram também comprovados através da análise da coordenada principal. Com os resultados obtidos foi possível concluir que os acessos apresentam grande polimorfismo, podendo ser utilizados para o desenvolvimento de programa de melhoramento genético de *A. esculentus*.

Palavras-chave: melhoramento, marcadores moleculares, quiabo

Agradecimentos: UEL, CAPES e UFV

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA EM ACESSOS DE *Capsicum* spp

Lucinéia da Rocha Silva^{1*}; Isabela Vera dos Anjos²; Ana Flavia Silva Amorim²; Daiani da Silva de Oliveira¹; Leonarda Grillo Neves³, Guilherme Koch¹

¹Graduanda na Universidade do Estado de Mato Grosso. ²Pós-graduanda em Melhoramento de Plantas Universidade do Estado de Mato Grosso; ³Professora Pós-doutora da Universidade do Estado de Mato Grosso. ^{1*}lucineiarochaa@hotmail.com

O Brasil é um importante centro de diversidade para o gênero *Capsicum*, que pertence à família Solanaceae, sendo muito importantes por fatores econômicos, culturais e biológicos. Estudos de divergências genéticas são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasma, disponíveis para serem utilizados em programas de melhoramento de plantas. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de cinco acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma, sendo eles: *Capsicum chinense* (acesso 39), *Capsicum baccatum* var. *pendulum* (acesso 66), *Capsicum annuum* (acesso 116), *Capsicum frutescens* (acesso 140), *Capsicum baccatum* var. *praetermissum* (acesso 141). O experimento foi instalado em delineamento em blocos ao acaso (DBC) na Universidade do Estado do Mato Grosso, no Campus de Cáceres. A produção de mudas foi realizada em ambiente protegido e a semeadura dos acessos foi realizada em bandejas de poliestileno expandido. A caracterização de pimentas foi feita com auxílio de descritores morfológicos estabelecidos pelo IPGRI (International Plant Genetic Resource Institute), dentre os quais foram utilizados quatro descritores qualitativos sendo eles: cor do hipocótilo; pubescência do hipocótilo; cor da folha cotiledonar e forma da folha cotiledonar. Foram realizados agrupamentos pelo método UPGMA e as análises estatísticas foram realizadas no programa genes. Foram obtidos a formação de 3 grupos distintos. O grupo I foi composto por dois acessos (39 e 66), o grupo II com dois acessos (116 e 140) e o grupo III com apenas um acesso (141). Sendo os acessos mais divergentes *Capsicum chinense* e o *Capsicum baccatum* var. *praetermissum*. A caracterização dos acessos foi satisfatória, sendo o grau de correlação cofenética 0.734 evidenciando a existência de diversidade genética dos acessos estudados.

Palavras-chave: Pimenta; Solanaceae; divergência genética.

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS DE *Capsicum baccatum*

Rafaella Cardoso^{1*}; Claudete F. Ruas²; Rosana Rodrigues³; Rosa L. Barbieri⁴;
Leandro S. A. Gonçalves⁵

¹Mestranda em Genética e Biologia Molecular – UEL/Londrina-PR/Brasil. ²Professora do Departamento de Biologia Geral CCB – UEL. ³Pesquisadora da Universidade Estadual do Norte Fluminense *Darcy Ribeiro* (UENF). ⁴Pesquisadora da Embrapa Clima temperado. ⁵Professor do Departamento de Agronomia CCA – UEL. *E-mail do autor para correspondência: rafaellacardoso_@hotmail.com_

Capsicum baccatum é uma importante espécie domesticada do gênero, destacando-se pela sua ampla variação morfológica, principalmente em relação a cor, tamanho e formato dos frutos. Tem como principais representantes as pimentas “Dedo-de-moça” e “Cambuci” e é amplamente utilizada na culinária brasileira. Conhecer a variabilidade de uma espécie é essencial para manutenção da variabilidade e sua utilização em programas de melhoramento genético. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar 79 acessos de *C. baccatum*, pertencentes ao banco de germoplasma da Universidade Estadual de Londrina (UEL), provenientes de diferentes regiões do Brasil, utilizando descritores morfológicos de frutos. Foram utilizados quinze descritores, estabelecidos pelo *Bioversity International*, sendo 11 qualitativos e quatro quantitativos. Estas variáveis foram analisadas simultaneamente, utilizando o procedimento Ward-MLM. Foi observada uma ampla variabilidade fenotípica entre os acessos, sendo formado dois grupos. As características formato e o comprimento do fruto foram essenciais para separação dos grupos. No grupo I (40 acessos), predominaram acessos com frutos de maior comprimento e de formato alongado, podendo ser aplicados em programas de melhoramento da pimenta dedo-de-moça (UEL102, UEL113, UEL120, UEL122, UEL137, UEL147, UEL156 e UEL163). Já o segundo grupo (39 acessos), predominaram acessos com formato de frutos campanulado, característicos da pimenta Cambuci (UEL116, UEL121, UEL134, UEL149, UEL150, UEL155, UEL159 e UEL161). Ainda, outros acessos (UEL117, UEL119, UEL125, UEL139, UEL157 e UEL153) destacaram-se por serem potenciais para aplicação em programas de melhoramento de pimentas ornamentais. A utilização de descritores morfológicos do fruto foi eficiente em identificar a variabilidade existente entre acessos de *C. baccatum*, demonstrando que o banco de germoplasma analisado possui grande potencial para ser utilizado em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Banco de germoplasma; Melhoramento genético; Pimentas

Agradecimentos: UENF; Embrapa Clima Temperado; CAPES

CARACTERIZAÇÃO PRELIMINAR DE LINHAGENS AVANÇADAS DE PIMENTA HABANERO (*Capsicum chinense*)

Lorena S. Silva¹, Claudia S. C. Ribeiro², Mirtes F. Lima², Luciano L. Nass³ e Francisco J. B. Reifschneider³

¹Graduanda em Agronomia, bolsista PIBIC-CNPq da Embrapa Hortaliças, Faculdades Integradas ICESP Promove, Brasília, DF; ²Pesquisadora, Bolsista do CNPq, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF; ³Pesquisador da Secretaria de Relações Internacionais/Embrapa, Bolsista do CNPq, Brasília, DF. E-mail: lorenassousa2@gmail.com

Pimentas do tipo habanero (*Capsicum chinense*) destacam-se entre os demais tipos de pimenta pela elevada pungência e aroma inconfundível de seus frutos. Originária da Amazônia, a demanda por esse tipo de pimenta, in natura e na forma de pasta ou “mash” pelos mercados nacionais e internacionais, tem aumentado nos últimos anos. Em 2009, teve início a criação de uma população base a partir de cruzamentos entre 31 acessos de habanero oriundos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Hortaliças. Foram obtidos 81 híbridos F₁, que em 2010 foram autofecundados para a obtenção de sementes F₂. A população base de habanero foi formada a partir de uma mistura equitativa de sementes F₂ obtidas, cerca de 150 sementes de cada planta F₁ autofecundada. A população base criada foi registrada como CNPH 15.469. Cerca de mil plantas de CNPH 15.469 foram avaliadas em campo e 17 plantas foram selecionadas com base em características desejáveis de planta e frutos. Sementes das plantas selecionadas deram origem a 17 linhagens que foram novamente avaliadas em condições campo para características de planta (arquitetura e rendimento) e de frutos (formato, tamanho, cor, sabor e teor de capsaicínoides), sendo posteriormente conduzidas em telado para autofecundação das linhagens selecionadas. Entre 2015 e 2016, foram avançados mais dois ciclos de seleção e autofecundação. O principal objetivo desse trabalho foi caracterizar preliminarmente as linhagens avançadas obtidas de pimenta habanero, originárias da população CNPH15.469, com características inovadoras e superiores que atendam às exigências e necessidades da indústria processadora e de produtores rurais. Foram selecionadas seis linhagens F₅: CNPH 15.737, CNPH 15.740, CNPH 15.744, CNPH 15.745, CNPH 15.749 e CNPH 15.750. A seleção baseou-se, principalmente, em características de planta, como arquitetura, rendimento e tolerância a doenças em condição de campo, e de frutos, como tamanho (comprimento e largura do fruto), peso, aroma, sabor e coloração de fruto (amarelo ou vermelho), com destaque ao teor de capsaicínoides, que variou de 2.000 SHU (CNPH 15.744) até 500.000 SHU (CNPH 15.749 e CNPH 15.750), superando o valor médio de 300.000 SHU do grupo habanero. CNPH 15.749 e CNPH 15.750 apresentaram menor incidência da doença vira-cabeça e de *Xanthomonas* sp em condição de campo. Sementes de melhorista de todas as linhagens foram produzidas em 2017.

Palavras-chave: população base; melhoramento

CLONES DE BATATAS TOLERANTES AO CALOR E COM RESISTÊNCIA À PODRIDÃO MOLE

Mario Henrique Murad Leite Andrade¹; Rafael Ravaneli Chagas²; Rafaela Pereira Carvalho¹; Maiara Oliveira Fernandes¹; Claudio Carlos Fernandes Filho¹; Marcio Lisboa Guedes¹; Cesar Augusto Brasil Pereira Pinto¹.

¹Universidade Federal de Lavras/UFLA; ²Universidade Federal de Viçosa/UFV
mariohmlandrade@yahoo.com.br

No Brasil a cultura da batata sofre perdas significativas por conta do estresse ao calor, que diminui sobremaneira sua produtividade limitando o potencial produtivo dos clones utilizados. Outro fator limitante à cultura é a maior pressão de patógenos que ocorre em altas temperaturas. Uma doença que merece destaque é a podridão mole (*Pectobacterium carotovorum*) que causa grandes perdas na pós colheita. O trabalho teve como objetivo avaliar a resistência à podridão mole em clones tolerantes ao calor. Foram avaliados 57 clones do programa de melhoramento de batata da UFLA, que foram previamente selecionados para a tolerância ao calor além das cultivares Ágata, Atlantic, Ana, Camila e Caesar. Como padrão de resistência foi utilizado o clone CBM 09-10 e como padrão de suscetibilidade Ágata. Para a realização do teste de resistência dos tubérculos à podridão mole, foi utilizado o isolado *Pectobacterium carotovorum* IBSB 863 tipo *strayn*. O experimento foi conduzido no Laboratório de Bacteriologia do Departamento de Fitopatologia da UFLA, em DIC com três repetições, cada repetição constituída por um tubérculo. As suspensões utilizadas continham entre 10^8 e 10^{10} unidades formadoras de colônia por mL. Em cada tubérculo foram feitos dois furos em posições opostas e retirado todo o tecido existente. Em cada orifício foram depositados 50 μ L da suspensão e selados. Depois de inoculados foram identificados e dispostos em bandejas plásticas cobertas, que permaneceram em BOD à temperatura de $28 \pm 2^\circ\text{C}$ por 72 horas. Decorridas as 72 horas os orifícios inoculados foram lavados para a retirada do material macerado e aferidos utilizando um paquímetro digital, sendo feitas as medições do diâmetro e da profundidade das lesões. A partir destes dados foi estimada a penetrabilidade para determinar a reação dos genótipos à podridão mole. Resultados da ANAVA mostraram que todas as características avaliadas foram significativas ($p < 0,05$) evidenciando a variabilidade entre os clones quanto à resistência a essa doença. Foram separados sete grupos pelo teste de Scott-Knott, com apenas dois clones apresentando notas similares ou inferiores ao padrão de resistência e 34 clones apresentaram notas similares à Ágata, indicando a suscetibilidade. Merece destaque os clones CTB 32-24 e SR3 17-16 que foram tão resistentes quanto o padrão de resistência, esta resistência é de extrema importância, já que a resistência parcial não apresenta níveis satisfatórios de controle. **Palavras-chave:** *Solanum tuberosum*; melhoramento; resistência.

Agradecimentos: FAPEMIG; CAPES; CNPq.

COMPETIÇÃO DE CULTIVARES DE COENTRO SUBMETIDAS A DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE *Meloidogyne incognita* RAÇA 1

José Luiz Sandes de Carvalho Filho^{1*}; Ana Maria Maciel dos Santos¹; Kleyton Danilo da Silva Costa²; Cristina dos Santos Ribeiro Martins¹; Éliidy Dayane Barbosa Rodrigues¹; Jacqueline Wanessa de Lima Pereira¹.

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. ²Instituto Federal de Alagoas. *E-mail do autor para correspondência: luiz.sandes@ufrpe.br.

Os nematoides das galhas são patógenos que limitam a produção do coentro. O *Meloidogyne incognita* é uma espécie extremamente agressiva, que penetra no sistema radicular das plantas causando a redução da absorção da seiva elaborada e reduzindo o desenvolvimento da cultura. A obtenção de genótipos de coentro resistentes ao *Meloidogyne incognita* raça 1 deve ser foco dos programas de melhoramento genético da cultura no país. Com isso, o presente trabalho avaliou a reação de resistência de cinco cultivares de coentro (Palmeira, Verdão, HTV Dom Luiz, Tabocas e Tapacurá) inoculadas com cinco concentrações de inóculo (1000, 2000, 4000, 8000 e 16000 ovos.planta⁻¹) de *Meloidogyne incognita* raça 1. O experimento foi conduzido em casa de vegetação em delineamento de blocos casualizados com três repetições, em esquema fatorial 5 x 5, sendo a parcela experimental composta por quatro plantas. As sementes de cada cultivar foram semeadas em tubetes, com volume aproximado de 116 mL, contendo substrato comercial para hortaliças. A inoculação do patógeno foi realizada na semeadura e aos 45 dias após a inoculação, avaliaram-se a porcentagem de plantas sobreviventes, incidência de galhas e número de galhas por sistema radicular das plantas de cada parcela. Houve diferença significativa para a interação entre cultivares e concentrações de inóculo a 1% de probabilidade. As cultivares Tabocas, Palmeira e HTV Dom Luiz obtiveram o maior número de plantas sobreviventes em todas as concentrações de inóculo, já a cultivar Verdão obteve a menor incidência de galhas e menor número de galhas por sistema radicular independente da quantidade de inóculo utilizada. Observou-se que todas as cultivares foram suscetíveis ao nematoide das galhas.

Palavras-chave: *Coriandrum sativum* L.; nematoide das galhas; melhoramento vegetal.

Agradecimentos: Capes, CNPq, IPA, PPGAMGP, FACEPE, Hortivale.

COMPETIÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATE TIPO SALADA INDETERMINADO

Rafael de Matos^{1*}; Sebastião Márcio de Azevedo²; Luciano Peixoto de Faria²; Wagner Adão Aparecido Marques².

¹Universidade Estadual do Centro Oeste. ²Sakata Seeds Sudamérica.
*rafamatosagrano@gmail.com.

A produção Brasileira de tomates no ano de 2013 foi estimada em 3.838.092 de toneladas com o Estado de Goiás sendo o maior produtor. O tomateiro é muito sensível ao clima, sendo que sua oferta é ajustada à demanda, já que é um produto basicamente destinado ao consumo interno (IBGE, 2013). A conjuntura da demanda da agricultura e o aumento da contribuição das organizações privadas para o melhoramento genético de plantas tem significativa importância para seu desenvolvimento (BROWN et al., 2014). O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial produtivo de híbridos F1 de tomate do segmento salada indeterminado.

Foi desenvolvido na Estação Experimental da Sakata Seed Sudamérica Ltda localizada em Bragança Paulista, Estado de São Paulo, latitude 23° longitude 47° e altitude de 850 metros do nível do mar entre Setembro de 2015 e Janeiro de 2016. Foram 39 materiais em duas repetições sendo 5 testemunhas (Valerin™; Dominador™, Forty™, Ivety™ e Santy™) e 34 novos híbridos do programa de melhoramento de tomate da Sakata Seed Sudamérica. O delineamento foi em blocos casualizados, com 7 plantas por parcela e duas repetições, totalizando 546 plantas. Sistema de condução por fitilho com duas hastes por planta. Foram 7 colheitas, e os frutos selecionados com auxílio de uma máquina classificadora no tamanho IIIA, IIA, IA e extra.

Os parâmetros de comparação entre os Híbridos foram: Produtividade Total (PT); Produtividade Comercial (PC) soma das categorias da classificação IIIA, IIA, IA e Extra; Produtividade IIIA-IIA-IA (P1); Produtividade IIIA-IIA (P2) e Produtividade IIIA (P3) dadas em Quilogramas por Planta (Kg/pl). Utilizou análise de variância em todas as características avaliadas e aplicou-se o teste de Tukey a 5% de probabilidade. Para as análises genético-estatísticas foi utilizado o programa SISVAR®. Houve diferença estatística entre os materiais e em todos os parâmetros avaliados a testemunha Valerin™ foi a que mais se aproximou dos híbridos com melhor desempenho avaliado. Na PT o destaque foi para o AF 24572 que obteve maior produtividade com 11,101 Kg/pl representando produção de 138,76 t ha⁻¹, apresentando destaque também na PC, P1 e P2 como o material que obteve melhores resultados. Na P3, que está relacionado ao maior valor agregado, o destaque foi o material AF 25309 com 7,46 Kg/pl, juntamente com a testemunha Valerin™. O fator ambiente influenciou na grande variação entre os materiais, devido a maior intensidade pluviométrica registrada para o mês de Novembro na região que foi acima do normal. Para os parâmetros avaliados pelo menos dois materiais tem potencial para um novo híbrido F1 com potencial comercial de produtividade e resistência a doenças.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum* L.; Produtividade; Melhoramento.

Agradecimentos: Agradecer a Sakata Seed Sudamérica LTDA e ao SMH-2 pela oportunidade do estágio e aprendizado.

CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM *Capsicum annum*

Ingrid Gaspar da Costa Geronimo; Lígia Renata Almeida da Silva; Maria do Socorro Bezerra de Araújo, André Antônio da Silva Alencar; Cláudia Pombo Sudré; Claudia Lougon Paiva de Almeida; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: igcgeronimo@gmail.com

A obtenção de cultivares de pimentão e pimentas resistentes à antracnose, causada por um complexo de espécies de *Colletotrichum*, é um dos principais objetivos dos melhoristas de *Capsicum* spp. Este trabalho estimou a magnitude dos efeitos gênicos envolvidos na resistência à antracnose em pimentão. As gerações F₁, F₂, e os retrocruzamentos (RC₁ e RC₂) provenientes do cruzamento entre UENF 2285 (P₁) e a fonte de resistência UENF 1381 (P₂) foram estudadas realizando-se inoculações em três frutos verdes destacados de cada planta, totalizando 840 frutos avaliados. Os frutos foram desinfestados com álcool 70 % (1 min), solução de hipoclorito de sódio 0,2% (5 min) e tríplice lavagem com água estéril. Para a inoculação, o fungo foi crescido em placas de Petri com meio BDA por sete dias e as inoculações foram realizadas com o auxílio de micropipeta, depositando-se 10 µL da suspensão de inóculo, na concentração de 1,0 x 10⁶ conídios/mL, sobre ferimento no fruto feito com agulha entomológica. Os frutos foram mantidos em câmara úmida e a avaliação foi feita diariamente utilizando-se uma escala de notas durante sete dias, obtendo-se a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). As médias para a AACPD observadas nas gerações F₁ e F₂ foram similares e intermediárias em relação às médias dos genitores, indicando que a interação alélica predominante é a aditiva. Pela análise de média de gerações, realizada utilizando-se o Programa Genes, considerando-se o modelo completo, o parâmetro genético referente a média atingiu o maior valor (15,74). A partir da decomposição não-ortogonal da soma de quadrados no modelo completo pode-se observar que o efeito aditivo foi o mais importante no controle do caráter da resistência, com coeficiente de determinação de 55,18%, seguido pela média, com o coeficiente de determinação igual a 26,23%. Os efeitos aditivos significativos indicam a possibilidade de fixar a resistência à antracnose a partir de sucessivas autofecundações e os ganhos preditos com a seleção poderão ser alcançados. A herdabilidade no sentido amplo e restrito foram 54,56% e 48,47%, respectivamente. O grau médio de dominância foi de 0,5, indicando que há dominância parcial e foi estimado que há pelo menos cinco genes responsáveis pelo fenótipo. A partir da correlação entre as médias observadas e estimadas pode-se observar que o modelo completo foi satisfatório para explicar os efeitos envolvidos no controle da resistência e que a resistência é uma característica poligênica e complexa.

Palavras-chave: Parâmetros genéticos; herdabilidade; *Colletotrichum*

CORRELAÇÃO GENÉTICA, FENOTÍPICA E AMBIENTAL ENTRE CARACTERES QUANTITATIVOS DE PIMENTAS

Jardel Oliveira Santos^{1*}, Joanderson Marques Silva²; Allana Tereza Mesquita de Lima Carlos²; Ramile Vieira de Oliveira²; Ivanayra da Silva Mendes², Raquel Sobral da Silva² e Mayara Cardoso Araújo Lima²

¹Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Professor Adjunto, CCAA, UFMA, Maranhão, Brasil- e-mail:jardel.os@ufma.br.²Graduandos em Agronomia, CCAA, UFMA, Maranhão, Brasil

O conhecimento sobre a associação entre caracteres é de grande importância para o melhoramento de plantas. Desta forma, os coeficientes de correlações genéticas têm sido utilizados em estudos de algumas hortaliças, com o intuito de se obter conhecimento sobre a natureza e a magnitude das associações entre os caracteres avaliados almejando contribuições no processo de seleção. Nesse sentido, objetivou-se estimar os coeficientes de correlação genotípica (r_g), fenotípica (r_f) e ambiental (r_a) entre 13 caracteres de pimentas (*Capsicum* spp.), visando utilizar a seleção direta em futuros programas de melhoramento genético com a espécie. Vinte e um acessos de pimentas pertencentes a “Coleção de *Capsicum* spp. do CCAA/UFMA”, foram avaliados na Unidade de Apoio à Pesquisa do CCAA da UFMA no ano agrícola de 2016. Os caracteres avaliados foram: AP - Altura da planta; CCP - Comprimento do caule da planta; DCP - Diâmetro do caule da planta; COMF - Comprimento da folha; LARF - Largura da folha; DPF - Dias para o florescimento; CPCOL - Comprimento da pétala da corola; DFRUT - Dias para frutificação; CFRUT - Comprimento do fruto; LFRUT - Largura do fruto; LP - Largura do pedúnculo; CP - Comprimento do pedúnculo e MF - Massa do fruto. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância sob o delineamento inteiramente ao acaso e posteriormente foram estimadas as correlações genéticas entre os pares de caracteres. Verificou-se que para maioria dos pares de caracteres avaliados, os coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental obtiveram os mesmos sinais e com todas as correlações com elevada magnitude (acima de 0,90), assim, além alta associação entre o fenótipo e o genótipo, garantindo dessa forma o progresso genético de maneira mais concreta, a influência ambiental também foi alta. A maior associação ocorreu entre LP e DCP (0,9952**), todavia, as demais associações tiveram a mesma magnitude e probabilidade. As correlações estimadas propiciaram o conhecimento das associações entre os caracteres de pimentas, fornecendo, desta forma, informações de que os caracteres avaliados possuem associação positiva, ou seja, em um futuro programa de melhoramento da pimenta (*Capsicum* spp.) pode-se realizar a seleção direta dos caracteres avaliados, e de maneira precoce obter genótipos de pimenta (*Capsicum* spp.) superiores.

Palavras-chave: *Capsicum* spp; seleção direta; melhoramento genético.

Agradecimentos: A Universidade Federal do Maranhão – UFMA e a Fundação de Amparo à Pesquisa e ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão – FAPEMA, pela concessão de bolsa de estudo e apoio financeiro para condução dos trabalhos.

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE MANJERICÃO

Michelle Souza Vilela^{1*}; Caroline Maria Barbosa²; José Ricardo Peixoto³; Anne Pinheiro Costa⁴

^{1,2,3,4}Universidade de Brasília (UnB), Campus Darcy Ribeiro, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF. *E-mail: michellevilela@unb.br.

A utilização de plantas aromáticas, condimentares e medicinais vem ganhando importância no mercado mundial. O manjericão (*Ocimum basilicum* L.) necessita de estudos para o aprimoramento de características intrínsecas da espécie, tais como os óleos essenciais, que fazem com que a planta possua tamanha importância. Observando a carência de trabalhos voltados para o melhoramento genético do manjericão, o presente trabalho tem como principal objetivo avaliar o desempenho de três diferentes cultivares de *O. basilicum* L. oriundas de empresas distintas, cultivadas em casa de vegetação, a partir da produção de mudas. Para tanto, foram utilizados as cultivares Alfavaca Basilicão, Alfavaca Genovese e Alfavaca Verde, que receberam substrato de mesma origem, manejo de irrigação semelhante, com bandejas de 72 células, sendo utilizadas duas sementes por célula, num delineamento de blocos casualizados. O experimento foi implantado em casa de vegetação, localizada na Estação Biológica da Universidade de Brasília. Durante o desenvolvimento das mudas, a germinação das sementes foi avaliada e, aos 34 dias após a emergência, foram avaliadas dez plantas de cada repetição, medindo a altura de planta, o comprimento da raiz, a massa fresca total e a massa seca total. Após análises estatísticas, foi possível observar que as cultivares diferiram entre si para as variáveis altura da planta, massa seca total e porcentagem de germinação. Os dados apresentaram boa precisão experimental, com coeficiente de variação abaixo de 30% para todas as variáveis resposta. As cultivares Alfavaca Verde (5,61 cm) e Alfavaca Basilicão (4,50 cm) foram as que apresentaram maior altura de planta, diferindo da cultivar Alfavaca Genovese, com 2,79 cm. Para massa seca total a cultivar Alfavaca Verde também apresentou a maior média (0,36 g) dentre as demais. Além disso, a cultivar Alfavaca Basilicão foi a que apresentou maior porcentagem de germinação (98,61%), maior do que o apresentado pela empresa produtora da semente. Portanto, foi constatado que as cultivares Alfavaca Verde e Alfavaca Basilicão apresentaram melhores características de desenvolvimento de mudas.

Palavras-chave: manjericão; produção de mudas; teste de competitividade.

Agradecimentos: A Fundação Universidade de Brasília e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.

DISSIMILARIIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *Capsicum* DO BANCO DE GERMOPLASMA DE HORTALIÇAS DA UFV

Herika P. Pessoa^{1*}; Mariane G. Ferreira¹; Felipe O. Dias¹; Flávia M. Alves¹;
Façoise D. Dariva¹; Carlos N. Gomes¹

¹ Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia. Av. Ph Rolfs Campus 36570-900 - Viçosa, MG – Brasil. *E-mail do autor para correspondência: herikapaulapessoa@gmail.com.

O conhecimento da dissimilaridade genética entre acessos mantidos em bancos de germoplasma é importante para fins de conservação de recursos genéticos e uso em programas de melhoramento genético. Neste estudo, objetivou-se avaliar a dissimilaridade genética entre acessos de pimentas do gênero *Capsicum*, por meio de descritores quantitativos e qualitativos. Para isso, foram utilizados 41 acessos de *Capsicum* mantidos no Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV, pertencentes às espécies *C. annuum* var. *annuum*, *C. baccatum* var. *pendulum*, *C. baccatum* var. *baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens*. Foram avaliados 17 descritores quantitativos e qualitativos, propostos pelo International Plant Genetic Resources Institute, em um experimento conduzido na unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão “UEPE Horta Velha” da UFV, em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições e cinco plantas por parcela. As variáveis avaliadas foram: cor da haste, formato da folha, dias até a floração, número de flores por axila, posição da flor, cor da corola, cor da mancha da corola, cor da antera, constrição anelar do cálice, cor do fruto imaturo, cor do fruto maduro, formato do fruto, comprimento do fruto, largura do fruto, peso do fruto, formato da junção do fruto com o pedicelo, formato do ápice do fruto. Os dados foram analisados utilizando o software Genes, e a divergência entre os acessos foi estimada pelo método de otimização de Tocher. O genótipos foram agrupados em nove grupos. O grupo I, constituído por 17 acessos, foi o maior grupo formado, com 39% dos acessos estudados. Em seguida, o grupo III, constituído por 9 acessos, o grupo II por 7 acessos, o grupo V por 3 acessos, o grupo IV por 2 acessos e os demais grupos por 1 acesso cada. Os grupos IV e V apresentaram a menor e a maior distância intragrupo respectivamente, o que indica que em relação aos demais grupos eles são os que possuem menor e maior variabilidade. A menor distância intergrupos foi verificada entre os grupos II e VI indicando que os acessos desses dois grupos possuem características convergentes. De forma análoga, os grupos IV e V foram os mais divergentes, pois exibiram a maior distância intergrupo. Foi possível observar a existência de diversidade genética entre os acessos de *Capsicum* spp estudados, com possibilidade de utilização de acessos dos grupos classificados como mais divergentes nesse estudo em futuros cruzamentos.

Palavras-chave: pimenta; pré-melhoramento; recursos genéticos

Agradecimentos: à FAPEMIG pelo apoio financeiro; à UFV, aos funcionários da “Horta velha” pela contribuição nas atividades de campo.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIMENTAS *Capsicum* COM BASE EM CARACTERES DE FRUTO

Rusthon Magno Cortez dos Santos^{1*}; Mayana Ferreira Nascimento; Ana Izabella Freire¹; Maria Eduarda da Silva Guimarães¹, Ana Carolina Ribeiro de Oliveira¹; Fernando Luiz Finger¹; Aluízio Borém¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: rusthoncortez@hotmail.com

O estudo da diversidade genética é uma etapa primordial para a seleção de genitores, com isso é possível selecionar genótipos geneticamente divergentes, e aumentar a possibilidade de aparecimento de um recombinante desejável em gerações segregantes. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e avaliar a diversidade genética entre 32 acessos de *Capsicum*, com base em caracteres de frutos, visando utilizá-los no programa de melhoramento de pimenteiras para fins ornamentais. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições e 32 acessos pertencentes a quatro espécies de pimenta: *Capsicum annuum*, *C. chinense*, *C. baccatum*, *C. frutescens*. A caracterização foi realizada com base em caracteres quantitativos de fruto: Peso do fruto, comprimento do fruto, maior e menor diâmetro do fruto, comprimento do pedúnculo e espessura do pericarpo. Os dados foram submetidos à análise de variância, com posterior agrupamento das medias pelo método de Skott e Knott, foi gerada também a distância generalizada de Mahalanobis com posterior agrupamento pelo método de Tocher. também foi avaliada a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade pelo método de Singh (1981). Todas as características foram significativas exceto menor diâmetro do fruto e espessura do pericarpo, pelo Teste F a 1% de significância. As quatro características significativas foram submetidas ao agrupamento de medias pelo critério de Skott e Knott, para o peso do fruto foi observada a formação de sete grupos, para o comprimento do fruto nove grupos, maior diâmetro do fruto, dez grupos, já o comprimento do pedúnculo teve a formação de sete grupos. Ao se realizar a análise multivariada foi possível a formação de nove grupos, pelo método de Tocher, sendo o grupo um o maior com 16 genótipos, os grupos dois e três com três genótipos cada, os grupos três, quatro, cinco, seis e sete com dois acessos cada, oito e nove ficaram cada um com acesso. A característica que mais contribuiu com a diversidade foi o comprimento do fruto, e a que menos contribuiu foi comprimento do pedúnculo. Foi possível identificar a variabilidade genética entre os 32 acessos de *Capsicum* estudados, para os quatro caracteres de fruto avaliados, sendo possível praticar a seleção dos genitores mais divergentes para dar continuidade ao Programa de Melhoramento de Pimenteiras Ornamentais visando melhorar as características relacionadas ao fruto, e com isso aumentar a probabilidade de aparecimento de fenótipos desejáveis nas gerações segregantes.

Palavras-chave: Melhoramento de Ornamentais, Variabilidade Genética.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE *Capsicum chinense* POR MEIO DE MARCADORES AFLP

Gustavo Henrique M. Guidone¹; Renata M. Giacomini²; Aline Fabiana P. Moreira³; Claudete de Fátima Ruas⁴; Paulo Maurício Ruas⁴; Rosana Rodrigues⁵; Leandro S. A. Gonçalves^{4*}.

¹Faculdade de Apucarana. ²PPG Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Londrina. ³PPG Agronomia, UEL. ⁴Professor (a), UEL. ⁵ Professora CCTA-Campos dos Goytacazes- RJ. *leandrosag@uel.br.

Capsicum chinense Jacq. engloba as pimentas conhecidas como pimenta-de-cheiro, pimenta-de-bode, biquinho e habanero. Estas pimentas podem ser consumidas na forma *in natura*, em conserva, como temperos e condimentos. Portanto, há crescente demanda por cultivares, que associem alta produção e resistência às pragas e doenças. O que define o início e sucesso de um programa de melhoramento é o conhecimento da variabilidade agrônômica e genética, que forneçam informações importantes para apoiar diferentes ações de pesquisa. O objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética de 65 acessos de *C. chinense* por meio do marcador AFLP. O DNA total dos acessos foi restringido pelas enzimas EcoRI e MseI. Os fragmentos gerados foram selecionados utilizando quatro combinações de *primers* marcados com fluorescência (E-ACA/M-CAC, E-ACG/M-CAA, E-ACT/M-CAA, E-ACG/M-GAC) e submetidos a eletroforese capilar em sistema automatizado. A partir desses dados, foi determinado o coeficiente de similaridade de Jaccard, distância genética e o agrupamento gerado pelo método de Ward. Foram identificados 695 fragmentos, dos quais 645 foram polimórficos, o que representa 92% de polimorfismo. A distância genética entre os 65 acessos variou de 0,53 a 0,99, com uma média de 0,7 ($\pm 0,08$). A análise das frequências de distribuição dos pares de genótipos mostrou uma concentração de valores nas classes de 0,6 --| 0,7 e de 0,7 --| 0,8, isso revela a ampla variabilidade genética presente. A maior distância ocorreu entre Gen_34 e Gen_52 (0,99), enquanto que Gen_8 e Gen_48 apresentaram a menor distância (0,53) mesmo sendo provenientes de regiões geográficas diferentes. O agrupamento obtido pelo método de Ward separou os acessos em dois grupos. O grupo I foi formado por 18 acessos e o grupo II por 47. Nota-se que os acessos não foram alocados de acordo com sua região de origem, o que significa que as distâncias geográficas não tiveram correlação com as distâncias genéticas entre os acessos de *C. chinense*. As simulações feitas no software Structure também indicaram a formação de dois grupos ($\Delta k=2$). Esta observação pode ser atribuída à rápida disseminação de sementes pelos pássaros, troca de sementes entre os agricultores e o transporte de frutos livremente entre as diferentes regiões do Brasil. A caracterização molecular foi eficiente em demonstrar a diversidade genética presente em *C. chinense*, fornecendo informações valiosas para programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: marcador molecular; pimenta; variabilidade genética.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM *Capsicum* COM BASE EM DADOS QUANTITATIVOS

Mayana Nascimento^{1*}; Rusthon Santos¹; Fernando Finger¹; Claudio Bruckner¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *E-mail do autor para correspondência: mayana.f.nascimento@gmail.com

Utilizadas na indústria alimentícia, farmacêutica, cosmética e mais recentemente como plantas ornamentais, as pimentas possuem uma grande variabilidade que necessita ser explorada. Estudos de divergência genética subsidia a seleção de genitores geneticamente mais divergentes para à obtenção de híbridos, possibilitando o aparecimento de indivíduos segregantes em gerações avançadas. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e avaliar a diversidade genética de cultivares de pimenta, visando utilizá-las no programa de melhoramento de pimenteiros para fins ornamentais. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, foram utilizados doze cultivares de seis espécies de pimenta: *Capsicum annuum* (Pérola Negra, Jalapeño), *C. baccatum* (Dedo de moça), *C. chinense* (Bode vermelha, Biquinho vermelha), *C. frutescens* (Tabasco, Malagueta, Stromboli Ornamental, Pirâmide ornamental), *C. pubescens* (Rocoto Vermelha, Rocoto amarela) e *solanum pseudocapsicum* (Peloteira). A caracterização foi realizada com base em dezessete caracteres quantitativos: altura da planta, diâmetro da copa, altura da primeira bifurcação, diâmetro do caule, número de folhas, intensidade de coloração das folhas, peso do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, espessura do pericarpo, comprimento da placenta, número de frutos por planta, produção, teor da matéria seca do fruto, matéria seca, dias para floração e dias para frutificação. O experimento foi analisado no delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância. Para análise de divergência genética pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Houve diferenças significativas para todos os caracteres analisados, exceto para diâmetro do caule e espessura do pericarpo analisadas pelo teste-F. O diâmetro do fruto foi a característica com maior herdabilidade (98,43%), seguido de dias para frutificação (98,30%) e dias para floração (98,14%). Quando se utilizaram os descritores quantitativos, foi possível agrupar as doze cultivares em quatro grupos distintos. As características que mais contribuíram para divergência genética foram comprimento do fruto (11,24%), diâmetro do fruto (16,59%), dias para floração (11,26%), dias para frutificação (10,80%) e matéria seca (12,35%). As características diâmetro do caule e espessura do pericarpo foram as características que menor contribuíram para variabilidade, podendo ser descartadas em estudos futuros de diversidade genética, considerando essas cultivares. Houve variabilidade entre as cultivares estudadas, sendo possível praticar seleção das mais divergentes para dar continuidade ao Programa de Melhoramento de Pimenteiros ornamentais.

Palavras-chave: plantas ornamentais; variabilidade; melhoramento de plantas

DIVERSIDADE GENÉTICA EM GERAÇÃO F₂ de PIMENTA ORNAMENTAL.

Rusthon Magno Cortez dos Santos^{1*}; Elizanilda Ramalho do Rêgo²; Mayana Ferreira Nascimento; Naysa Flávia Ferreira do Nascimento²; Mailson Monteiro do Rêgo²; Fernando Luiz Finger¹; Aluizio Borém¹.

¹Universidade Federal de Viçosa: rusthoncortez@hotmail.com

²Universidade Federal da Paraíba

As estimativas de dissimilaridade atendem aos objetivos do melhorista, por quantificarem e informarem o grau de semelhança ou de diferença entre pares de genótipos. A finalidade do programa de melhoramento por hibridação é reunir em uma nova linhagem, alelos favoráveis, provenientes de dois ou mais genótipos. O objetivo desse trabalho foi estudar a diversidade genética em geração F₂ de pimenta ornamental com base em caracteres qualitativos e quantitativos analisados em conjunto. Para tanto foram caracterizadas 36 plantas da geração F₂, resultante do cruzamento entre os acessos 77x01, da espécie *Capsicum annuum*, foram caracterizados com base em 30 descritores de *Capsicum* propostos pelo IPGRI (1995), sendo treze descritores quantitativos e dezessete qualitativos, a caracterização foi realizada no Laboratório de Fisiologia Pós-Colheita e Melhoramento de Hortaliças do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa DFT-UFV, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. Para a análise de diversidade genética foram geradas três matrizes de diversidade genética, a distância Euclideana média para dados quantitativos, o complemento do índice de compatibilidade simples para dados qualitativos, e a terceira foi o produto do somatório das duas últimas esse somatório foi padronizado, sendo esta utilizada para o agrupamento de Tocher. Com base nos descritores qualitativos e quantitativos estudados e analisados de forma conjunta foi possível a formação de 11 grupos, o grupo um foi o maior ficando com 11 plantas, seguido pelo grupo dois com oito plantas, o grupo quatro foi o terceiro maior com seis plantas, os grupos dois, cinco e seis ficaram com duas plantas cada, os demais grupo ficaram com uma planta. Foi possível gerar diversidade genética com o cruzamento entre os genitores 77x01. Sendo possível realizar seleção com ganhos genéticos, a utilização de caracteres multicategóricos é prática econômica e demanda menor tempo, quando comparada a caracteres quantitativos e moleculares. Porém em muitas culturas, apesar dos caracteres quantitativos serem mais trabalhosos, esses têm sido mais utilizados em estudos de diversidade por apresentarem importância comercial. Em pimentas ornamentais a natureza dos caracteres tem a mesma importância uma vez que caracteres qualitativos como a cor da flor e fruto e quantitativos como a altura da planta e tamanho das folhas tem a mesma importância. Com isso é de suma importância fazer uma análise de diversidade que leve em consideração os dados de ambas naturezas.

Palavras-chave: *Capsicum*; Variabilidade Génética; Melhoramento de Planta.

DIVERVÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS SILVESTRES E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATEIRO BASEADA EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS E FISIOLÓGICOS

André Ricardo Zeist^{1*}; Juliano Tadeu Vilela de Resende¹; Marcos Ventura Faria¹; André Gabriel^{1*}; Ricardo Antônio Zeist¹; Matheus de Lima Martins¹; Matheus Hermam dos Santos¹

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste. *Autor para correspondência: andre.zeist@bol.com.br.

As características morfoagronômicas, são a forma mais econômica e simples de investigar a diversidade. A avaliação da divergência genética baseada na variabilidade dos caracteres fisiológicos é também uma interessante alternativa, permitindo a identificação de genótipos que melhor se adaptem em determinadas condições edafoclimáticas. Considerando as informações supracitadas, o objetivo com este trabalho foi analisar a divergência genética entre acessos de espécies silvestres e híbridos interespecíficos F₁ de tomateiro, por meio de caracteres morfoagronômicos e fisiológicos. Foram caracterizados seis acessos silvestres (*Solanum pimpinellifolium* acesso 'AF 26970', *Solanum galapagense* acesso 'LA-1401', *Solanum peruvianum* acesso 'AF 19684', *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* acesso 'PI-127826', *Solanum habrochaites* var. *glabratum* acesso 'PI-134417' e *Solanum pennellii* acesso 'LA-716'), a cultivar comercial Redenção e os respectivos híbridos interespecíficos. Ao total foram avaliados 35 caracteres quantitativos, sendo 29 morfoagronômicos e seis fisiológicos. Foram realizadas duas análises de componentes principais (ACP) para matriz de correlação, uma para as características morfoagronômicas e outra para as fisiológicas. Dos 35 caracteres morfoagronômicos e fisiológicos, 13 características foram selecionadas com base no diagnóstico de multicolinearidade para o estudo da divergência genética. Utilizou-se os métodos de otimização de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis e a dispersão gráfica das variáveis canônicas, que seguiram a mesma tendência de agrupamento dos genótipos, formando três grupos distintos. Na média das distâncias de Mahalanobis de cada genótipo em relação aos demais, houve as maiores médias de dissimilaridade para 'Redenção' (2.036) e acesso 'PI-127826' (1.250), enquanto que para os demais genótipos houve dissimilaridades variando de 461 a 897. As ACP permitiram observar algumas divergências genéticas não observadas pelos demais métodos. Os resultados revelaram a existência de alta divergência entre os acessos das espécies e dos híbridos interespecíficos de tomateiro. A cultivar Redenção referente à *S. lycopersicum* apresentou a maior dissimilaridade genética e os cruzamentos interespecíficos de *S. lycopersicum* com acessos silvestres, geram descendentes com características morfoagronômicas e fisiológicas mais próximas dos genitores silvestres.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, acessos silvestres, análise multivariada, dissimilaridade genética

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior.

EFEITO DE GENÓTIPO E DORMÊNCIA NA GERMINAÇÃO DE AQUÊNIOS DE MORANGUEIRO (*Fragaria x ananassa* Duch.)

Murielli Sabrina Gemeli^{1*}; Sandro Bonow²; Caroline Jácome da Costa²; Luís Paulo Saraiva Velho¹; Jefferson Luís Meirelles Coimbra¹; Altamir Frederico Guidolin¹.

¹ Universidade do Estado de Santa Catarina. ² Embrapa Clima Temperado. *E-mail do autor para correspondência: murigemeli@gmail.com.

Os frutos do morangueiro são mundialmente apreciados, sendo a espécie de maior expressão econômica entre as pequenas frutas. Apesar da propagação do morangueiro ser efetuada vegetativamente para fins comerciais, por meio de estolões, a propagação sexuada é utilizada por programas de melhoramento genético visando explorar a variabilidade genética. A germinação de aquênios de morango é muito baixa, desuniforme e geralmente muito lenta. Este aspecto, em um programa de melhoramento, resulta na perda de genótipos potenciais e avaliação de plantas de diferentes idades. Baixa eficiência da polinização artificial é outro fator importante que implica em menor número de aquênios polinizados por fruto e maior número de hibridações a serem realizadas. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar métodos para superação da dormência de aquênios de morangueiro, a fim de aumentar a germinação e o índice de velocidade de germinação (IVG). O experimento foi conduzido no Laboratório Oficial de Análise de Sementes (LASO) da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3x3x2, com três genótipos (Aromas, Camarosa e Festival), três períodos de estratificação (0, 30 e 60 dias) e escarificação ácida dos aquênios (presença ou ausência), com quatro repetições. Avaliou-se a germinação e o índice de velocidade de germinação. A escarificação ácida empregando H₂SO₄ (98%) por 20 e 40 min. promoveu a degradação parcial do pericarpo, facilitando a absorção de água e entrada de oxigênio para o embrião. A escarificação ácida foi mais eficiente do que a estratificação sobre a porcentagem de germinação e índice de velocidade de germinação dos aquênios. O presente estudo revelou que o desempenho na germinação de aquênios de morangueiro pode ser melhorado significativamente por meio de escarificação com ácido sulfúrico concentrado, sem a necessidade de estratificação das sementes, o que representa ganho de tempo significativo nos programas de melhoramento do morangueiro, antecipando a obtenção de plântulas provenientes dos diferentes cruzamentos.

Palavras-chave: *Fragaria x ananassa* Duch; Melhoramento de morangueiro; superação de dormência.

EFEITO DOS GENES *B*, *og^c*, *hp* E *t* NA QUALIDADE DE FRUTOS DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO

Thiago Matos Andrade¹; Wilson Roberto Maluf²; Celso Mattes de Oliveira²; Daniela Costa Santos²; Alisson Marcel Sousa de Oliveira³; Ranoel José de Sousa Gonçalves⁴

¹Universidade Federal de Sergipe – Campus do Sertão. ²Universidade Federal de Lavras. ³Universidade Federal de Sergipe – Campus São Cristóvão. ⁴Universidade Federal de Campina Grande. *E-mail do autor para correspondência: tmaagro@yahoo.com.br.

Cultivares de tomateiro que possuam maiores teores de betacaroteno, licopeno e vitamina C nos frutos são raras no mercado brasileiro. Todavia, como frutos de tomateiro *high-beta* (*B*) são de coloração alaranjada, estes podem não ter uma boa aceitação pelo consumidor. Na tentativa de melhoria da coloração final em direção do vermelho padrão, combinações de *high-beta* com *og^c* e *hp* poderiam ser uma alternativa na melhoria da coloração, já que estes últimos genes intensificam a coloração vermelha nos frutos. Com isso, objetivou-se com este trabalho verificar o efeito dos genes *B*, *og^c*, *hp* e *t* em combinações híbridas na qualidade de frutos de híbridos de tomateiro. Duas linhagens (TOM-498 e TOM-499) de constituição genotípica *B/B* (homozigóticas *high-beta*) foram utilizadas em combinações híbridas com 7 linhagens de frutos com diferentes constituições genotípicas nos locos *og^c*, *hp* ou *t* – Floradade; TOM-596 (*og^c/og^c*), TOM-544 (*og^c/og^c hp/hp*), NC-8276, NC-2Y (*t/t*), Florida 7775 (*og^c/og^c*), Florida 7781 (*og^c/og^c*). Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com 24 tratamentos (14 híbridos, 9 linhagens parentais e mais o Giselle F1) e quatro repetições. Foram avaliadas as seguintes características: produção total, conservação pós-colheita (dias para firmeza 2×10^4 N/m²) e o teor de vitamina C. Os híbridos com melhor desempenho tanto agrônômico quanto nutracêutico foram F1(FLORIDA-7775 X TOM-499), F1(NC-2Y X TOM-499), F1(TOM-544 X TOM-498) e F1(TOM-596 X TOM-498), sendo tão bons ou superiores agronomicamente aos disponíveis no mercado, com maior conservação pós-colheita e teor de vitamina C além de serem ricos em betacaroteno. O emprego do *og^c* heterozigoto sozinho afetou favoravelmente os híbridos heterozigoto *high-beta* na conservação pós-colheita e no teor de vitamina C. O gene *og^c* heterozigoto sozinho ou em combinação com *hp* heterozigoto afetou negativamente os híbridos heterozigoto *high-beta*. Os alelos *og^c* heterozigoto com *hp* heterozigoto promoveu uma redução no teor de vitamina C nos híbridos. Não foi observado efeito do *og^c* heterozigoto sozinho ou em combinação com *hp* heterozigoto na produção de frutos dos híbridos.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*; Alimento enriquecido; Melhoramento Genético.

ENSAIO DE CULTIVARES DE SALSA (*Petroselinum* spp) EM CANTEIRO SOB AMBIENTE PROTEGIDO

José Ricardo Peixoto^{1*}; Camila Beatriz da Silva Oliveira²; Michelle Souza Vilela³; Daiane da Silva Nóbrega⁴; Anne Pinheiro Costa⁵

^{1,2,3,4,5}Universidade de Brasília (UnB), Campus Darcy Ribeiro, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF. *E-mail: peixoto@unb.br.

Diante do atual cenário, com um consumidor mais exigente e que busca por uma alimentação mais equilibrada e saudável, o setor olerícola vem acompanhando esta evolução para satisfação e suprimento deste mercado em crescente expansão. A salsa tem se destacado como uma importante hortaliça folhosa condimentar, apesar de seu volume de produção ser relativamente baixo se comparado com outras hortaliças. O seu uso é bastante difundido pelo consumidor brasileiro, sendo considerado um ingrediente indispensável na elaboração de pratos presentes em sua mesa. As pesquisas relacionadas buscam encontrar plantas com maior qualidade e vigor, bem como adaptadas às diferentes condições climáticas, proporcionando mais segurança e retorno financeiro ao produtor. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar três cultivares de Salsa (*Petroselinum* spp) cultivadas em canteiro, sob ambiente protegido. O experimento foi conduzido na Estação de Biologia da UnB, no ano de 2016. Foram utilizadas as cultivares Lisa, Crespa e Graúda Portuguesa. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso. As avaliações foram realizadas cinco meses após o plantio, escolhendo-se aleatoriamente cinco plantas por repetição. Os parâmetros estudados foram: comprimentos das partes aérea e radicular, e suas massas fresca e seca. Através das análises estatísticas foi possível verificar que houve diferenças significativas entre as cultivares para as variáveis comprimento de parte aérea e massa fresca da parte aérea. Os dados apresentaram boa precisão experimental, haja vista os baixos valores dos coeficientes de variação encontrados. No teste Tukey a 5% de probabilidade houve a formação de dois grupos, a e b, para a variável comprimento de massa aérea, sendo que a cultivar Graúda Portuguesa apresentou valor de 49,63 cm, diferindo da Salsa Crespa, com valor de comprimento de parte aérea de 36,10 cm. Desta forma, observou-se que a cultivar Graúda Portuguesa apresentou os melhores resultados agronômicos comparando com as cultivares Crespa e Lisa.

Palavras-chave: hortaliça folhosa; salsa; ambiente protegido.

Agradecimentos: A Fundação Universidade de Brasília e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.

ÉPOCAS DE SEMEADURA DE CULTIVARES DE CEBOLA NA REGIÃO CENTRO SUL DO ESTADO DO TOCANTINS

Ildon Rodrigues do Nascimento^{1*}; Aline Torquato Tavares¹; Eduardo Elias Zanatta¹; Flávio Coelho Mendes¹; João Francisco de Matos Neto¹; Joelson André de Freitas²;

¹Universidade Federal do Tocantins. Campus Universitário de Gurupi. *E-mail do autor para correspondência: *ildon@uft.edu.br

A cebola é uma hortaliça bastante consumida mundialmente. No Brasil, a cebola é a terceira hortaliça em importância econômica com produção concentrada na região Centro-Sul do Brasil, porém usando cultivares adequadas, o cultivo da cebola pode ser realizado em outras regiões do país, visto que fotoperíodo e temperatura são fatores limitantes para a cultura. Objetivou-se com o trabalho avaliar as características agrônômicas e de pós-colheita de cultivares de cebola em três épocas de semeadura na região Centro Sul do Estado do Tocantins. Foram instalados três experimentos, com semeadura em 26 de maio, 26 de junho e 26 de julho de 2015. As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido “isopor” de 200 células, em substrato comercial e mantidas em casa de vegetação com irrigação por aspersão para posterior transplante em canteiro com espaçamentos 0,15 m x 0,10 m, entre linhas e entre plantas dentro das linhas, respectivamente. Em cada época, foram transplantadas as cultivares NUN 1205[®], Dulciana[®] e Cimarron[®], todas de ciclo precoce. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições e as características agrônômicas avaliadas foram produtividade comercial de bulbo, altura de planta, massa média dos bulbos comerciais, comprimento do bulbo, diâmetro do bulbo e do pseudocaule, formato do bulbo e número de folhas. As características em pós-colheita analisadas foram pungência, acidez total, pH, formato e classificação dos bulbos. Foi feita análise de variância individual e conjunto seguido de teste de comparação de médias (Tukey $p = 0,05$). A época de semeadura afeta a produtividade, massa média de bulbos, altura de plantas, comprimento e diâmetro dos bulbos. Das três épocas avaliadas, a melhor época de semeadura para as cultivares de cebola na região Centro Sul do Estado do Tocantins é no mês de junho, onde foram observadas as maiores produtividades. O formato e classificação dos bulbos colhidos atendem às exigências do mercado nas três épocas de semeadura para as três cultivares. A pungência das cultivares NUN 1205 e Dulciana foi classificada como média e a Cimarron de pungência alta independente da época de avaliação.

Palavras-chave: *Allium cepa* L; Interação genótipos x ambientes; Produtividade e qualidade dos bulbos.

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES, UFT e Bayer Vegetable Seeds.

ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE LINHAGENS DE MELANCIA EM VÁRZEA TROPICAL

Aline Torquato Tavares^{1*}; Francielly Quitéria Guimarães Alves¹; Simone Pereira Teles¹; Juliana Lopes dos Santos¹; Irais Dolores Pascual Reyes¹; Ildon Rodrigues do Nascimento¹

¹Universidade Federal do Tocantins. Campus Universitário de Gurupi. *E-mail do autor para correspondência: *alinet4t@hotmail.com

O estado do Tocantins se destaca como um dos principais estados produtores de melancia da região norte do país. Uma das formas de recomendar cultivares para o cultivo na região é com estudo da interação genótipos x ambientes. Os métodos do centróide ampliado por Nascimento e Annicchiarico têm sido recomendado pela facilidade na identificação dos genótipos e possibilita explorar melhor a interação genótipos x ambientes. O trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a estabilidade e adaptabilidade da produtividade de frutos de genótipos de melancia em condição de várzea tropical. Foram implantados quatro experimentos nos anos agrícolas de 2009, 2010, 2011 e 2012 no município de Formoso do Araguaia, TO, foram avaliadas 12 linhagens com frutos do tipo Crimson Sweet selecionadas para resistência a PRSV-W e/ou WMV, e um híbrido utilizado como testemunha. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, os frutos de cada planta da parcela experimental foram colhidos na maturidade fisiológica. A produtividade de frutos comercial foi obtida somando-se toda a produção obtida da parcela útil e dividindo-se pelo número de plantas da parcela, o resultado foi convertido em t ha⁻¹. Foi realizada a análise de variância individual e conjunta dos ensaios. Na classificação dos genótipos quanto à produtividade pelo método centróide foi observada a formação de quatro grupos, o primeiro (I), formado pelo híbrido Top Gun, apresentando adaptabilidade geral, o segundo grupo (IV) representado pelas linhagens MCST#05, MCST#06, MCST#07, MCST#08, MCST#10 e MCST#11, indicando baixo desempenho independentemente do ambiente, classificadas como pouco adaptadas, possuindo médias que variaram de 18,39 a 20,11 t ha⁻¹. A maior produtividade foi obtida pela linhagem MCST#02 (43,54 t ha⁻¹) no ano de 2012, sendo superior ao híbrido utilizado como testemunha que teve 39,76 t ha⁻¹. Os genótipos que apresentaram índices de confiança superiores a 100, tanto para ambientes gerais quanto para desfavoráveis, além da Top Gun, foram MCST#01, MCST#02, MCST#03 e MCST#04. Segundo o método de Annicchiarico, os genótipos que apresentaram índices de confiança superiores a 100, tanto para ambientes gerais quanto para desfavoráveis, além da Top Gun, foram MCST#01, MCST#02, MCST#03 e MCST#04. As linhagens de melancia MCST#01, MCST#04, MCST#09 e MCST#12 foram classificadas como de adaptabilidade geral em ambientes de várzea. As linhagens MCST#01, MCST#04, e MCST#12 são promissoras para cultivo comercial ou para o desenvolvimento de híbridos indicados para várzea.

Palavras-chave: *Citrullus lanatus* (Thumb.); Interação genótipos x ambientes; Seleção.

Agradecimentos: Ao CNPq, CAPES e UFT.

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM ACESSOS DE BETERRABA COLETADOS EM PONTA PORÃ MS

Paulo Antonio Martines Prates¹; João José da Silva Neto¹; Sergio André Tapparo¹.

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul – *campus* Ponta Porã, MS. *E-mail do autor para correspondência: antoniomarrinz@gmail.com

O processo de melhoramento genético engloba diversos fatores, dos quais a variabilidade genética é talvez a mais importante, pois se não há variabilidade não há melhoramento. Com isso o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos de genótipos da beterraba. Para esse fim foi utilizado um experimento em delineado inteiramente casualizado com 5 genótipos (early wonder tall top., Maravilha, Merlot, Itapuã 202 e BVC 068) e 6 repetições. Foram analisadas quatro variáveis quantitativas: altura da planta (AP), diâmetro da copa (DC), largura da folha (LF) e comprimento da folhas (CF). As plantas foram semeadas com uma semeadora de hortaliças manual, tendo feito a correção do solo pré-plantio, e a irrigação pós-semeadura com regador manual, as análises foram coletadas 60 dias após o plantio. Os parâmetros estimados foram componente quadrático genotípico, coeficiente de variação genética CVgen (%), e coeficiente de determinação genotípico. A análise dos dados foram feitas com o programa Genes 2013.5.1. Segundo os dados analisados, as variáveis DM e LA não apresentaram variabilidade, ou seja, não foi observada diferenças significativas entre as variedades para esta característica não sendo recomendadas para utilização no melhoramento genético, já as variáveis AL e CF demonstraram variabilidade, ou seja, possuem características genotípicas favoráveis à utilização em programas de melhoramento genético, com componente quadrático genotípico de 1294,49, CVgen de 13,60% e coeficiente de determinação genotípico de 85,79% para AL; e componente quadrático genotípico de 205,44, CVgen de 9,14% e coeficiente de determinação genotípico de 65,13% para CF. Concluindo assim que não há variabilidade entre as variedades de beterraba para as características diâmetro da copa e largura da folha, já para as características altura da planta e comprimento da folha é recomendada a seleção fenotípica para o prosseguimento do programa de melhoramento de beterraba do Instituto Federal de Mato Grosso do Sul.

Palavras chave: *Beta sp.*; parâmetros genéticos; variabilidade genética.

ESTIMAÇÃO DO TAMANHO ÓTIMO DA PARCELA PARA AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE COENTRO QUANTO A REAÇÃO À *Meloidogyne incognita*

Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho¹; Ana Maria Maciel dos Santos¹;
Cristina dos Santos Ribeiro Martins¹; Jordana Antônia dos Santos Silva¹;
Jacqueline Wanessa de Lima Pereira¹; José Luiz Sandes de Carvalho Filho^{1*}.

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. E-mail do autor para correspondência:
*luiz.sandes@ufrpe.br.

O coentro está entre as hortaliças folhosas mais produzidas e consumidas no Brasil, especialmente nas regiões Norte e Nordeste. Contudo a presença de nematoides tem sido fator limitante a sua produção, causando prejuízos aos produtores. Embora haja diversas cultivares de coentro no mercado, nenhuma apresenta resistência aos nematoides do gênero *Meloidogyne*, sendo necessário o desenvolvimento de programas de melhoramento para obtenção de cultivares resistentes ao *Meloidogyne sp.* O tamanho da parcela experimental é um fator importante a ser estabelecido, capaz de representar com confiabilidade os resultados obtidos. Diante disso, o trabalho visou estimar o tamanho ótimo da parcela experimental que pode ser utilizada em trabalhos com coentro visando resistência ao *Meloidogyne incognita* raça 1. O delineamento empregado foi em blocos casualizados em que foram avaliadas cinco cultivares de coentro (Verdão, Tabocas, Tapacurá, Palmeira e HTV Dom Luiz) com quatro repetições. Foram avaliadas as características: incidência de galhas e número de ovos. Visando obter o tamanho ótimo da parcela experimental, foram utilizados os dados das parcelas originalmente instaladas para realizar 2000 amostragens aplicadas em simulações a fim de estimar o CV% e para os tamanhos das parcelas, iniciando com duas plantas e incremento de uma planta, até alcançar 20 plantas por parcela. O tamanho ótimo da parcela experimental foi determinado pelo método da máxima curvatura modificado. Neste, a relação entre o coeficiente de variação e o tamanho da parcela com X unidades básicas é explicado pelo modelo de regressão $CV = aX - b$, em que a e b são os parâmetros a serem estimados. A partir da função de curvatura dada por esse modelo, determinou-se o valor da abscissa onde ocorre o ponto de máxima curvatura, dada por: $X_0 = [a \cdot b(2 \cdot b + 1) / (b + 2)]^{1/2} + 2b$, em que X₀ é o valor da abscissa no ponto de máxima curvatura, o qual corresponde à estimativa do tamanho ótimo da parcela experimental. Para a variável incidência de galhas o menor valor obtido foi para a cultivar Verdão (X₀ = 1,76) e o maior foi observado em Tapacurá (X₀ = 4,58). O número de ovos apresentou maiores valores para X₀, oscilando de 3,09 ('Tapacurá') à 4,74 ('Verdão'). Desta forma, o tamanho ótimo da parcela experimental recomendado são cinco plantas.

Palavras-chave: *Coriandrum sativum* L.; fitonematoide; melhoramento vegetal.

Agradecimentos: UFRPE, CNPq, FACEPE, Hortivale.

ESTIMATIVA DE HERDABILIDADE DE CARACTERES RELACIONADOS AO PORTE, PRODUÇÃO DE SEMENTES E FRUTOS DE ABÓBORA (*Cucurbita moschata* Duchesne)

Cleverson Freitas de Almeida^{1*}; Caíque Espindola¹; Gustavo Henrique Pataro de Oliveira¹; Ronaldo Silva Gomes¹; Ronaldo Machado Júnior¹; Derly José Henriques da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa. E-mail do autor para correspondência: cleverson_freitas02@yahoo.com.br.

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) apresenta grande importância sócio econômica, sendo cultivada em 127.738 estabelecimentos em todo o País. O volume comercializado em todo território em 2013 foi superior a 48 mil toneladas. *C. moschata* apresenta caule herbáceo, rastejante e hábito de crescimento indeterminado, possui entrenós longos e ramos que podem atingir até 15 m, chegando uma planta a ocupar uma área de até 25m², conseqüentemente impossibilita um maior adensamento de plantio e prejudica certas práticas culturais durante seu cultivo. Alguns genótipos possuem entrenós mais curtos, que possibilitaria aumento da densidade, conseqüentemente maior produtividade por área. Além disso, essa cultura apresenta potencial para produção de óleo que está presente em grande quantidade em suas sementes (em torno de 40%) e que apresenta excelente qualidade nutricional. Dessa forma, a introdução do gene que confere o entrenó curto em genótipos com alto teor de óleo possibilitaria uma maior produtividade de semente por área, conseqüentemente de óleo. Diante disso o objetivo desse trabalho foi estimar o valor de herdabilidade de caracteres associados ao porte, sementes e frutos por planta. Foram analisadas simultaneamente 4 gerações (P1, P2, F1 e F2). O genitor P1 é o acesso BGH 7319 pertencente ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), acesso considerado promissor para produção de óleo funcional. O genitor P2 é o cultivar Tronco Verde que possui o gene que confere a redução do entrenó em homozigose. A geração F1 foi obtida a partir do cruzamento destes genitores e a F2 através da autofecundação das plantas F1. O experimento foi conduzido na unidade experimental do departamento de fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. As variáveis mensuradas foram comprimento da rama (CR), número e comprimento médio do entrenó (NE) e (CME) respectivamente; massa de 100 sementes (M100), massa total de sementes por fruto (MSF), número de sementes por fruto (NSF) e número de frutos por planta (NFP). Quanto aos caracteres relacionados ao porte o CR apresentou maior herdabilidade (83,45 %) seguido CME (61,18%) e NE (54,39%) mostrando maior tendência de ganho ao selecionar aquelas de menor comprimento da rama, em relação aos caracteres associados às sementes obteve-se maior valor para M100 (62,67%) seguido de MSF (60,61%); a variável NFP apresentou o maior valor de herdabilidade (88,33%) dentre as variáveis testadas demonstrando menor influência ambiental em sua expressão conseqüentemente espera-se maiores ganhos.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*; Herdabilidade; Abóbora

ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE FENOTÍPICA ENTRE ACESSOS DE *Capsicum*

João Marcos Soares Ferreira¹; Rusthon Magno Cortez Santos¹; Maria Eduarda da Silva Guimarães¹, Ana Izabella Freire¹; Ana Carolina Ribeiro de Oliveira; Fernando Luiz Finger¹ Aluízio Borém¹;

¹Universidade Federal de Viçosa. E-mail do autor para correspondência: jmarcosagro2014@gmail.com

É de grande utilidade para o melhoramento genético de plantas o conhecimento da diversidade entre os indivíduos, uma vez que pode ser feito o gerenciamento da variabilidade genética disponível, por meio da escolha dos genitores a serem utilizados nos cruzamentos, podendo-se assim maximizar a heterose. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e avaliar a diversidade genética entre 35 acessos de *Capsicum*, com base em caracteres de porte da planta, visando utilizá-los no programa de melhoramento de pimenteiras para fins ornamentais. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, foram utilizados 35 acessos pertencentes a quatro espécies de pimenta: *Capsicum annuum*, *C. chinense*, *C. baccatum*, *C. frutescens*. A caracterização foi realizada com base em cinco caracteres de porte da planta: comprimento do limbo foliar, largura da folha, comprimento do pecíolo, altura da planta e largura da copa. O experimento foi conduzido em casa de vegetação em delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância, com posterior agrupamento das medias pelo método de Scott e Knott, foi gerada também a distância generalizada de Mahalanobis com posterior agrupamento pelo método de Tocher, também foi avaliada a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade pelo método de Singh (1981). Todas as características foram significativas, pelo Teste F a 1% de significância. Na análise univariada utilizando o critério de Scott e Knott, para todas as características estudadas, foi possível a formação de quatro grupos, exceto, para a largura da copa que formou três grupos. Ao se realizar a análise multivariada foi possível a formação de onze grupos, pelo método de Tocher, sendo o grupo um o maior com dez acessos, o grupo dois com sete acessos, o grupo três com três, quatro com quatro acessos, os grupos cinco, seis, sete e oito com dois acessos cada, e os grupos nove, dez e onze ficaram com um acesso cada. A característica que mais contribuiu com a diversidade foi o comprimento do limbo, e a que menos contribuiu foi comprimento do pecíolo. Foi possível identificar a variabilidade genética entre os 35 acessos de *Capsicum* estudados, para os caracteres avaliados, com o objetivo de gerar diversidade genética com a hibridação, podem ser selecionados os genótipos de uma mesma espécie e de grupos diferentes aumentando a probabilidade de fenótipos recombinantes desejáveis nas gerações segregantes.

Palavras-chave: Pimenta; Variabilidade Genética; Melhoramento de Plantas

ESTIMATIVA DE REPETIBILIDADE EM CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS NO MORANGUEIRO

Amanda Gonçalves Guimarães^{1*}; Altino Júnior Mendes Oliveira¹; Valter Carvalho de Andrade Júnior¹; Márcia Regina da Costa¹; José Sebastião Cunha Fernandes¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.

*E-mail do autor para correspondência: amandagguimaraes@yahoo.com.br

Uma das características do cultivo do morangueiro são as múltiplas colheitas durante seu ciclo. Portanto, no melhoramento desta cultura torna-se importante a estimação de parâmetros que permitam conhecer o número mínimo de colheitas necessário para a predição do valor real das características relevantes. Dois parâmetros que atendem a esta demanda são os coeficiente de repetibilidade e de determinação. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar o coeficiente de repetibilidade e o número de medições para se atingir uma determinação mínima de 80%, para algumas características agronômicas em frutos de morangueiro. O experimento foi conduzido na fazenda Mape Frutas Ltda, localizada em Datas-MG, onde avaliaram-se oito cultivares de morangueiro, em um delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e dezoito plantas por parcela. A colheita foi feita duas vezes por semana no período de seis meses (maio a outubro de 2012). Os parâmetros repetibilidade, herdabilidade e determinação foram estimados através das esperanças dos quadrados médios baseadas no modelo: $y_{ijk} = m + g_i + m_j + r_k + gm_{ij} + gr_{ik} + mr_{jk} + gmr_{ijk}$, onde y_{ijk} = observação da repetição k da medição j do genótipo i ; m = média geral; g_i = efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, 8$); m_j = efeito da medição j ($j = 1, 2, \dots, 6$); r_k = efeito da repetição k ($k = 1, 2, \dots, 4$); gm_{ij} = interação entre o genótipo i e a medição j ; gr_{ik} = interação entre genótipo i e a repetição k ; mr_{jk} = interação entre a medição j e a repetição k ; gmr_{ijk} : interação entre os três efeitos. As herdabilidades variaram de 3,13% (número de frutos) a 40,20% (peso médio de frutos) ao passo que as repetibilidades variaram entre 9,00% a 42,06%, para as mesmas características. O número mínimo de avaliações para se atingir uma determinação de 80% variou entre o máximo de 40 para o caráter número de frutos e o mínimo de 6 para o caráter peso médio de frutos. Para o caráter considerado mais importante do ponto de vista comercial (peso comercial de frutos) há necessidade de pelo menos 20 meses para se atingir a referida determinação.

Palavras-chave: *Fragaria x ananassa* Duch; coeficiente de repetibilidade; número de medições

Agradecimentos: CAPES; FAPEMIG.

ESTIMATIVA DOS PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARÁCTERES AGRONÔMICOS EM ACESSOS DE *Capsicum chinense*

Renata M. Giacomini¹; Aline Fabiana P. Moreira²; Gustavo Henrique M. Guidone³; Claudete de Fátima Ruas⁴; Paulo Maurício Ruas^{4,5}; Rosana Rodrigues⁶; Leandro S. de A. Gonçalves^{4*}.

¹PPG Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Londrina. ²PPG Agronomia, UEL. ³Faculdade de Apucarana. ⁴Professor (a), UEL. ⁵Professora CCTA-Campos dos Goytacazes- RJ. *leandrosag@uel.br.

Capsicum chinense Jacq. é considerada como a mais brasileira das espécies domesticadas de *Capsicum*. Conhecidas popularmente como pimenta-de-cheiro, pimenta-de-bode, biquinho ou habanero, apresentam variados morfotipos, que destacam-se pela ampla variabilidade de tamanho, cores e formas dos frutos, além de possuírem um alto teor de pungência. Dentro do contexto de mercado brasileiro, é essencial o aprimoramento dos programas de melhoramento, que melhor utilizem os recursos disponíveis no desenvolvimento de cultivares que associem produção, qualidade e resistência a pragas e doenças. O objetivo deste trabalho foi avaliar as características agronômicas e estimar os parâmetros genéticos de 65 acessos de *C. chinense* pertencentes ao Banco de Germoplasma da Universidade Estadual de Londrina. Os acessos foram avaliados sob o delineamento experimental de blocos ao acaso, em duas épocas de plantio. A caracterização agronômica foi realizada em dez frutos de cada acesso, baseada em sete descritores (comprimento do fruto - CF, diâmetro do fruto - DF, espessura do pericarpo - EP, massa média do fruto - MMF, massa seca do fruto - MSF, teor de massa seca - TMS, e teor de sólidos solúveis - TSS). Os dados foram analisados via modelos mistos e, posteriormente, foi realizado análise de agrupamento hierárquico de Ward. Pela análise de deviance foi observado efeito significativo ($P < 0.05$) entre acessos para todos os caracteres. No entanto, para interação genótipo x ambiente (GE) não foi detectada diferenças significativas. A herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) variou de 0.31 (TSS) a 0.90 (DF). Foi observado pequenas magnitudes do coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente o que refletiu em altos valores da correlação genotípica entre os ambientes. Os valores de acurácia de seleção de genótipos (Aclin) foram consideradas alta (≥ 0.70) para maioria dos caracteres, exceto para TSS e TMC que obtiveram valores de 0.43 e 0.62, respectivamente. Pela análise de agrupamento foi definido a formação de três grupos. O grupo I foi composto por 15 acessos, no qual, obtiveram as maiores estimativas do valor genotípico ($\mu + g + gem$) para CF, DF, EP, MMF e MSF. Entretanto, o grupo III que reuniu 38 acessos, obteve os menores valores de $\mu + g + gem$ para os respectivos caracteres e os maiores valores para TMS e TSS. O grupo II, com 13 acessos, obteve valores intermediários de $\mu + g + gem$ para maioria dos caracteres.

Palavras-chave: herdabilidade; pimenta; variância genética.

ESTUDO DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM ACESSOS DE PIMENTA COM BASE EM CARACTERES QUANTITATIVOS

Augusto Soares Lins Pantaleao¹; Maria Eduarda da Silva Guimaraes¹; Ana Carolina Ribeiro de Oliveira¹; Ana Izabella Freire¹; Fernando Luiz Finger¹

¹Universidade Federal de Viçosa; Centro de Ciências Agrárias; Departamento de Fitotecnia; Viçosa; MG; Brasil. *E-mail do autor para correspondência: augustopntl@gmail.com

Estudos de divergência genética são importantes para a identificação de genitores adequados para a formação de populações com variabilidade genética, possibilitando o sucesso dos programas de conservação de recursos e de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética de 30 acessos de pimenta (*Capsicum annuum*) do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV) e comparar quatro métodos de agrupamento. O experimento foi instalado e conduzido durante 2016/2017 no setor de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV) em delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições. Foram analisados os seguintes caracteres: peso do fruto maduro, comprimento do fruto, espessura do pericarpo, sementes por fruto, diâmetro do fruto, matéria seca e matéria fresca. As análises estatísticas adotaram os métodos de otimização (Tocher e Tocher modificado) e os métodos hierárquicos (UPGMA e Ward), baseado na dissimilaridade expressa pela distância euclidiana padronizada. Houve diferença entre os acessos para os descritores avaliados e o agrupamento dos genótipos foi alterado em função dos diferentes métodos usados. Observou-se formação de cinco grupos distintos pelo método de Tocher: o grupo I composto de quinze acessos, o grupo II de dez acessos, o grupo III com três acessos e os grupos IV e V com um acesso, quando usado Tocher modificado quatro grupos foram identificados observando a junção dos grupos IV e V obtidos pelo método anterior. Pelo método UPGMA observou-se formação de três grupos: o grupo I com 16 acessos, o grupo II com 11 acessos e o grupo III com três acessos e quando usado Ward houve a formação de apenas dois grupos compostos por 12 e 18 acessos cada. Os resultados mostraram que o método de Tocher permitiu concluir sobre uma maior existência de grupos, evidenciando um maior poder de discriminação para este método, em relação aos outros. Diante dos resultados, verifica-se a existência de diversidade genética entre os acessos, indicando que os mesmos têm potencial para serem utilizados como genitores em cruzamentos para obtenção de progênies.

Palavras-chave: *Capsicum annuum*; métodos de agrupamento; diversidade genética

HERANÇA DA RESISTÊNCIA À MANCHA BACTERIANA EM POPULAÇÃO F_{2:3} de *Capsicum annuum* L.

Gaspar Afonso da Graça*; Cláudia Pombo Sudré; Cláudia Lougon Paiva; Maria do Socorro de Araújo; Antônio André Alencar; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual Do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: gaspargraca1@hotmail.com.

O pimentão (*Capsicum annuum* L.) é uma hortaliça econômica e nutricionalmente importante no Brasil e no mundo, mas a mancha bacteriana causada por *Xanthomonas euvesicatoria* está entre as doenças mais prejudiciais ao seu cultivo. A obtenção de cultivares de pimentão resistentes tem sido um dos objetivos dos melhoristas. Este trabalho estudou a herança da resistência à mancha bacteriana em folhas de uma população F_{2:3} oriunda do cruzamento entre pimentão UENF 2285 (P₁), suscetível à mancha bacteriana, e pimenta UENF 1381 (P₂), resistente. Foram avaliadas 16 plantas P₁, 17 plantas P₂, 20 plantas F₁, 121 linhas F_{2:3}, 40 plantas RC₁ e 41 plantas RC₂, num total de 1.966 plantas. Para avaliação da reação à mancha bacteriana utilizou-se o isolado ENA 4135 do patógeno *X. euvesicatoria*. A inoculação foi feita em casa de vegetação em mudas com quatro folhas definitivas, por infiltração da suspensão bacteriana (10⁵ ufc/mL) no mesófilo foliar. A avaliação foi feita por meio de escala de notas, com valores de 1 a 5, realizada após cinco dias da inoculação durante oito dias consecutivos. As plantas que obtiveram valores 1 e 2 foram consideradas resistentes e 3 a 5 consideradas suscetíveis. Foi feita análise da média das gerações com os valores da Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Os parâmetros genéticos foram estimados a partir da média das gerações sendo estimado a herdabilidade, o grau médio da dominância, e número mínimo de genes, além de selecionar 25% dos genótipos mais resistentes na geração F_{2:3}, com auxílio do programa Genes. Os efeitos genéticos aditivos foram predominantes. A estimativa da herdabilidade em F_{2:3} foi de 79,17. Com base na estimativa do grau médio de dominância (GMD=0) pode-se inferir que a ação gênica aditiva está envolvida no controle genético para resistência à mancha bacteriana. Desta forma, cada gene responsável pela resistência provoca um pequeno efeito na manifestação do valor fenotípico do indivíduo. Foi estimado número mínimo de quatro genes controlando a resistência à doença. As plantas selecionadas como resistentes estão distribuídas em 41 linhas F_{2:3}, totalizando 458 plantas. Com estes resultados é possível dar continuidade ao programa de melhoramento de pimentão pelo método genealógico, visando desenvolvimento de linhagens resistentes à mancha bacteriana e com características agrônomicas desejáveis.

Palavras-chave: *Xanthomonas euvesicatoria*; herdabilidade; método genealógico

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ e a UENF.

HERDABILIDADE DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E AGRONÔMICOS EM ABÓBORA

Juno Ferreira Silva Diniz^{1*}; Cleverton Freitas de Almeida¹, Caique Espindola¹, Ronaldo Silva Gomes¹, Ronaldo Machado Júnior¹, Leandro Augusto Andrade Fumes¹, Derly José Henriques da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa (UFV). *E-mail do autor para correspondência: juno.diniz@gmail.com

A abóbora é uma hortaliça que apresenta grande importância na agricultura familiar com a geração de empregos diretos e indiretos, pois demanda grande quantidade de mão-de-obra, do cultivo até a comercialização. Uma das dificuldades encontradas está na comercialização de todos os frutos produzidos, em função da grande variabilidade fenotípica, que nem sempre atende às exigências do mercado. O estudo de parâmetros genéticos é importante para fornecer informações na implantação e condução de um programa de melhoramento. O conhecimento destes como herdabilidade (h^2), é de grande importância para o melhorista, uma vez que orienta a escolha do método de melhoramento mais adequado à cultura, maximizando ganhos com seleção. Desta forma, o objetivo do trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para caracteres morfológicos e agronômicos em abóbora. Foi realizada uma análise de geração sendo semeadas simultaneamente seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2). Os genitores utilizados foram o acesso BGH 7319 (P_1) e o cultivar Tronco Verde (P_2). A F_1 foi gerada a partir do cruzamento desses genitores. A F_2 foi oriunda da autofecundação dessa F_1 e o RC_1 e RC_2 foram obtidos a partir do cruzamento do F_1 com o genitor P_1 e P_2 , respectivamente. As variáveis avaliadas foram: espessura média da polpa, diâmetro transversal da cavidade interna, comprimento do fruto e diâmetro maior do fruto. As variáveis que apresentaram as maiores herdabilidades ampla foram: espessura da polpa e o comprimento do fruto sendo 86,95 e 82,56%, respectivamente. O parâmetro do diâmetro maior do fruto apresentou uma herdabilidade ampla de 33,84%, sendo que o diâmetro transversal da cavidade interna foi o parâmetro de menor herdabilidade: 9,13%. Os caracteres que apresentam herdabilidades maiores possuem menor influência do ambiente, possibilitando a seleção de indivíduos superiores precocemente em relação aos caracteres que apresentam menor herdabilidade. Além disso, os parâmetros que apresentaram alta herdabilidade no sentido amplo indica a grande possibilidade de eles serem transmitidos para as gerações futuras, exceto para o caráter diâmetro transversal da cavidade interna que obteve herdabilidade baixa.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*; variabilidade; melhoramento genético

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPEMIG e UFV.

HETEROSE EM GENÓTIPOS DE MAXIXE

Irais Dolores Pascual Reyes^{1*}; Aline Torquato Tavares¹; Steffany de Oliveira Passos¹; Luanna de Andrade Silva¹; Matheus de Melo Amorim¹; Ildon Rodrigues do Nascimento¹

¹Universidade Federal do Tocantins, Campus Gurupi, TO, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: irais121@hotmail.com.

O maxixe (*Cucumis anguria* L.) é uma espécie de origem africana, pertencente à família das cucurbitáceas. É uma planta rasteira ou trepadeira, anual, rústica, cultivada em clima quente. Os frutos apresentam formato cilíndrico ou esférico, sabor amargo, com a presença de espínculos ou não. No Brasil, é uma cultura que ocupa posição de destaque nas regiões Norte e Nordeste do país, porém é carente de informação sobre natureza genética do controle das características. A importância do conhecimento do controle genético para o melhoramento reside no fato de fornecerem parâmetros para a identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitariam maior efeito heterótico e ou maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes. O maxixe é uma espécie cuja multiplicação é feita por sementes verdadeiras, porém são poucos os estudos relativos à seleção e caracterização genética do controle dos caracteres. O presente trabalho teve por objetivo estimar a heterose em genótipos de maxixe. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal do Tocantins – UFT, Campus Universitário de Gurupi, em delineamento blocos casualizados com três repetições e quarenta e cinco tratamentos, sendo nove parentais e 36 combinações híbridas. Os progenitores e suas combinações híbridas foram semeados diretamente nas covas em canteiros. De cada parcela foram colhidos frutos aleatórios para determinação das características: diâmetro e comprimento de frutos; massa média de frutos e produtividade de frutos. Os híbridos foram obtidos conforme metodologia IV proposta por Gardner e Eberhart. A análise dialélica foi feita com software GENES. Para heterose varietal, o genótipo MAXGU#03 teve valores maiores nas características diâmetro de frutos (47,64), comprimento de frutos (80,43) e massa média de frutos (40,18). O genótipo comercial Feltrin® Calcutá liso teve maior valor para a característica produtividade de frutos (5,77). O genótipo comercial Topseed® teve altos valores desfavoráveis para as características diâmetro de frutos (-19,05) e comprimento de frutos (-29,38). Por sua vez o genótipo MAXGU#01 teve valores desfavoráveis para a característica massa média de frutos (-18,47) e produtividade de frutos (-9,28). O genótipo MAXGU#03 sobressaiu em relação aos demais, enquanto que o genótipo MAXGU#01 e o genótipo comercial Topseed® foram os mais desfavoráveis.

Palavras chaves: *Cucumis anguria* L.; heteroses; hibridação

Agradecimentos: CONACyT e UFT pela concessão de bolsas e auxílio financeiro.

IDENTIFICAÇÃO DA DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COM APTIDÃO PARA A PRODUÇÃO DE ETANOL

Ranoel José de Sousa Gonçalves^{1*}, Álvaro Carlos Gonçalves Neto², Wilson Roberto Maluf³, Thiago Matos Andrade⁴, Regis de Castro Carvalho³.

¹Universidade Federal de Campina Grande. ²Universidade Federal da Paraíba. ³Universidade Federal de Lavras. ⁴Universidade Federal de Sergipe. *E-mail: ranoel@ufcg.edu.br

A batata doce (*Ipomoea batatas*) apresenta uma alta variabilidade dentro da espécie, provavelmente devido ao alto nível de ploidia ($2n=6x=90$). Para que esta variabilidade possa ser utilizada em programas de melhoramento de batata-doce para produção de etanol envolvendo genótipos superiores, é necessário dispor de informações a respeito do germoplasma a ser utilizado, de suas potencialidades genéticas e dos parâmetros genéticos intrínsecos às características que serão melhoradas de acordo com a aptidão agronômica. Os objetivos foram: 1) promover o agrupamento de genótipos em função da dissimilaridade genética; 2) indicar a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a dissimilaridade e; 3) apontar as combinações híbridas mais promissoras para reproduzir recombinações superiores de batata doce com aptidão para a produção de etanol. O experimento foi instalado no campo experimental da empresa HortiAgro Sementes S.A., localizada na Fazenda Palmital, no município de Ijaci-MG, no período de março a outubro de 2007. Foram avaliados 33 genótipos pertencentes à coleção de germoplasma de batata doce com aptidão para “produção de etanol” da Universidade Federal de Lavras. O delineamento experimental constou de blocos casualizados com duas repetições. Foram analisadas quatro características. Os dados foram submetidos à análise de variância, sendo comparados pelo teste de Scott-Knott. Foram aplicados o método de agrupamento de Tocher e a técnica da ligação média entre grupos (UPGMA), utilizando a distância generalizada de mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade. A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos foi realizada seguindo a metodologia empregada MORAIS et al. (1998) e por meio da participação dos componentes de D^2 , relativos a cada característica, no total de dissimilaridade observada. O caráter Produção de Raízes frescas (t ha⁻¹) – RTONMF foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética total (58,36%) entre os 33 genótipos testados. A presença de variabilidade possibilitou a identificação de genótipos dissimilares e com média elevada para os caracteres analisados. As combinações – UFLA07-12 x UFLA07-31, UFLA07-43 x UFLA07-31, UFLA07-12 x UFLA07-49, UFLA07-43 x UFLA07-49 e UFLA07-12 x UFLA07-43 – são promissoras para cruzamentos e obtenção de populações segregantes com variabilidade superior no programa de batata doce com aptidão para produção de etanol.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; Métodos de agrupamento; banco de germoplasma.

Agradecimentos: UFCG, UFLA, CAPES, CNPQ e a HORTIAGRO SEMENTES S.A.

IDENTIFICAÇÃO DE PARENTAIS CONTRASTANTES QUANTO A RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE EM *Capsicum frutescens*

Suelene Surubi de Melo^{1*}; Michele de Moraes²; Lucinéia da Rocha Silva¹;
Jeferson Gonçalves de Jesus¹; Lizandra Paesano Nunes¹ Kelly Lana Araújo³

¹Graduação na Universidade do Estado de Mato Grosso. ²Pós-graduação em Melhoramento Genético Vegetal. ³Professora da Universidade do Estado de Mato Grosso. *E-mail do autor para correspondência: suelenesurubi@hotmail.com

As pimenteiras pertencentes ao gênero *Capsicum* spp. são cultivadas e consumidas em várias regiões do mundo. Apesar da vasta tecnologia de produção, doenças têm afetado o desenvolvimento de pimentas, entre elas destaca-se a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum gloeosporioides*. Assim, esse trabalho tem por objetivo identificar no do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT) acessos de *Capsicum frutescens* com resistência à antracnose visando dar início ao programa de melhoramento para obtenção de híbridos F1. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizado, com três repetições e quatro frutos por bloco, utilizando seis acessos UNEMAT 17, 44, 51, 52, 115 e 140. Para a avaliação da resistência à antracnose, os frutos de cada acesso foram colhidos, levados ao laboratório, desinfestados com álcool 70% e hipoclorito de sódio (0,5%) e, em seguida, lavados em água destilada esterilizada. Posteriormente, os frutos foram acondicionados em bandejas de isopor coberto com saco plástico transparente, e no interior de cada bandeja foi colocada folhas de papel filtro umedecida para formar uma câmara úmida. No momento da inoculação foi realizado um ferimento na região média de cada fruto com auxílio de uma agulha esterilizada e, em seguida, depositado uma gota contendo 20 µL da suspensão de concentração de 10⁶ conídios do fungo *C. gloeosporioides* por mL. As avaliações foram realizadas com base na mensuração do diâmetro e do comprimento da lesão em cada fruto ao sétimo e décimo terceiro dia após a inoculação. Entre os acessos avaliados, o genótipo UNEMAT 17 foi significativamente mais suscetível ao fungo, apresentando os maiores valores de área da lesão para os dois dias de avaliação. Os acessos UNEMAT 44, 51, 52 e 115 foram os mais resistentes a antracnose, não havendo diferença significativa entre si. Assim, os híbridos F1 serão obtidos por meio de hibridação artificial em esquema dialelo completo sem recíprocos entres os acessos UNEMAT 44, 51, 52 e 115 com o contrastante UNEMAT 17, sendo este, suscetível a antracnose.

Palavras-chave: pimenta; *Colletotrichum gloeosporioides*, melhoramento genético

IDENTIFICAÇÃO DE VARIEDADES DE MANDIOCA COM O GENE WAXY

Priscila Patrícia dos Santos Silva¹; Cátia Dias do Carmo²; Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira³; Eder Jorge de Oliveira⁴

¹Mestranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

²Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

³Doutoranda em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ⁴

Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura *E-mail dos autores para correspondência: prisilva.bio@gmail.com, catiadiasdocarmo@gmail.com, gfachardo@yahoo.com.br, eder.oliveira@embrapa.br.

Mutações pontuais no gene GBSSI (*Granule-bound starch synthase I*) da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) podem resultar na geração de plantas com amido ceroso (*waxy* - *wx*), caracterizado por apresentar até 5% de amilose. Este tipo de amido possui diversas aplicações na indústria de alimentos e atualmente somente é obtido por meio de modificações químicas e físicas de alto custo. O presente estudo objetivou utilizar a seleção assistida por marcadores SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) para identificação de acessos de mandioca com alelos alternativos associados ao gene *waxy*. Foi utilizado o DNA genômico de 1520 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) da Embrapa para as análises com marcadores SNPs (MEWx-G e MEWx-C), que permitem a identificação dos alelos *wx* (em homozigose recessiva - *wxwx* ou em heterozigose – *Wxwx*). A genotipagem dos acessos foi feita considerando a presença ou ausência da amplificação da banda para cada alelo específico. O genótipo GC caracterizou os indivíduos heterozigóticos (*Wxwx*), enquanto GG e CC caracterizaram os indivíduos homozigóticos tipo *waxy* e não *waxy*, respectivamente. Dos 1520 acessos de mandioca, um total de 1309 foram identificados como homozigóticos dominantes (não *waxy*) e 211 acessos como heterozigóticos para o gene *waxy*. Estes dados trazem um avanço importante no uso de marcadores SNPs associados a características de interesse, como é o caso do amido ceroso. A identificação dos acessos que possuem alelos heterozigotos com uso dos marcadores SNPs permitirá a seleção de genótipos para autofecundação direcionada visando à obtenção de genótipos homozigóticos recessivos na geração S₁. Dessa forma será possível antecipar etapas para seleção de progênes com o fenótipo desejado.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; amido ceroso; SNPs.

Agradecimentos: à FAPESB pela concessão da bolsa de estudo e Embrapa Mandioca e Fruticultura pelo apoio financeiro.

IMPORTÂNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI

Adriano Silveira Barbosa¹; Eduardo Elias Zanatta¹; Daniella Mourão Pires¹; Matheus de Melo Amorim¹; Tiago Alves Ferreira¹; Ildon Rodrigues do Nascimento¹; Maurisrael de Moura Rocha¹.

¹Universidade Federal do Tocantins, Campus de Gurupi; e-mail: adrianobarbosa.27@hotmail.com.

As cultivares de feijão-caupi geradas pela Embrapa Meio-Norte, em parceria com outras instituições do sistema cooperativo de pesquisa, ocupam cerca 30% da área total cultivada com essa leguminosa no país. Estudos sobre as características agronômicas em relação a dissimilaridade genética e a importância de caracteres para seleção se concentram em genótipos de porte prostrado e, em menor escala, em genótipos de porte semiereto/ereto. Visando identificar os genótipos mais produtivos, o objetivo do trabalho foi estimar a dissimilaridade genética e a importância de caracteres em 20 genótipos de feijão-caupi com porte semiereto/ereto pertencente a Embrapa Meio-Norte sobre condições de cerrado no ano agrícola de 2015/2016 na cidade de Gurupi-TO. O experimento foi realizado na área experimental da Universidade Federal do Tocantins, onde foi utilizado delineamento de blocos ao acaso, com 20 tratamentos (Cultivares: BRS Cauam, BRS Guariba, BRS Itaim, BRS Novaera, BRS Tumucumaque; Genótipos experimentais: MNC04-762F-3, MNC04-762F-9, MNC04-769F-30, MNC04-769F-48, MNC04-769F-62, MNC04-782F-104, MNC04-792F-143, MNC04-792F-144, MNC04-792F-146, MNC04-792F-148, MNC04-795F-153, MNC04-795F-154, MNC04-795F-155, MNC04-795F-159, MNC04-795F-168) e quatro repetições. Os tratamentos constituíram-se de 15 linhagens e 5 cultivares provenientes da Embrapa Meio-Norte. Aos 70 dias após a emergência foi realizado a colheita e avaliadas as seguintes características: Comprimento de cinco vagens; Peso de cinco vagens; Peso dos grãos de cinco vagens; Número de grãos de cinco vagens; Peso de 100 grãos; Produtividade; Início do florescimento em dias; Acamamento de plantas e Arquitetura de plantas. As análises estatísticas foram realizadas pelo programa estatístico Software GENES, obtendo-se a dissimilaridade genética e a importância dos caracteres para seleção pelo método de Tocher. Entre os genótipos, houve a formação de 2 grupos o primeiro formado por 19 genótipos e o segundo grupo formado pelo genótipo MNC04-762F-3. A característica que mais contribuiu para diferir um genótipo do outro foi a característica peso de 100 grãos contribuindo com 31,32% da dissimilaridade dos genótipos, seguido por peso de cinco vagens, acamamento, início do florescimento, arquitetura, produtividade, peso de grãos de 5 vagens, comprimento de 5 vagens, número de grãos de 5 vagens.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* L.; Seleção; Divergência.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior e Embrapa Meio-Norte.

LINHAGENS DE PIMENTA JALAPEÑO (*Capsicum annum*) PARA COLHEITA MECANIZADA

Lorena Sousa Silva¹; Lucas Matias Gomes²; Cláudia Silva da Costa Ribeiro³; Carlos Francisco Ragassi³; Francisco José Becker Reifschneider⁴

¹Graduando em Agronomia, bolsista PIBIC-CNPq, Faculdades ICESP, Brasília, DF, Brasil; ²Bolsista PIBIC-CNPq, Universidade Estadual Paulista (FCAV/UNESP), Jaboticabal, SP, Brasil; ³Embrapa Hortaliças, Brasília-DF, Brasil; ⁴Embrapa/Secretaria de Relações Internacionais, Brasília-DF, Brasil; E-mail: lorenassousa2@gmail.com

O cultivo de pimenta Jalapeño no Brasil tem aumentado nos últimos anos, principalmente nas regiões próximas às indústrias processadoras de molhos. No município de Ouvidor, GO, que abriga uma importante fábrica de molhos de pimenta, em 2015 foram cultivados cerca de 50 ha da cultivar BRS Sarakura, pimenta do tipo jalapeño desenvolvida pela Embrapa. Produz-se anualmente nesta região mais de duas mil t de polpa de BRS Sarakura, responsável por mais de 50% do molho de pimenta produzido no Brasil. No entanto, a escassez de mão de obra no campo tem causado perdas significativas de produção e afetado economicamente os produtores de pimenta e as indústrias de processamento. A viabilização do uso de colheitadeira mecânica de frutos de pimenta tem sido uma alternativa mundial para superar a deficiência de mão de obra nas zonas rurais. Objetivou-se com este trabalho a seleção de linhagens de pimenta Jalapeño com características favoráveis à colheita mecanizada oriundas do programa de melhoramento de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças. As linhagens foram avaliadas em dois experimentos de campo, nos anos de 2015 e 2016, conduzidos na área experimental da Embrapa Hortaliças, em Brasília-DF. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com três repetições e oito plantas úteis na parcela no Experimento I, e cinco repetições com dez plantas úteis na parcela no Experimento II. No Experimento I foram avaliadas as linhagens CNPH 30.112, CNPH 30.118, CNPH 30.147, CNPH 30.159, CNPH 30.183 e CNPH 30.245, e duas testemunhas: BRS Sarakura e BRS Ema. Houve diferença significativa para todas as 11 características de planta e de frutos avaliadas ($p < 0,05$). Com base, principalmente, nas características altura de planta e altura da primeira bifurcação, precocidade e rendimento, foram selecionadas as linhagens CNPH 30.118, CNPH 30.147, CNPH 30.159 e CNPH 30.245 para avaliação em 2016, com as testemunhas 'BRS Sarakura' e 'Jalapeño Plus F1'. Dentre as linhagens avaliadas no Experimento II, CNPH 30.159 destacou-se por apresentar altura da primeira bifurcação acima de 18 cm, excelente rendimento por planta (1,2 kg fruto/planta), e frutos com tamanho, firmeza, cor, espessura de parede e teor de capsaicinoides superiores ou muito próximos às testemunhas. Esta linhagem encontra-se em campo para testes adicionais que serão feitos utilizando-se colheitadeira mecânica da marca Etagar (Israel).

Palavras-chave: melhoramento; processamento; pungência

LINHAS F_{2:3} DE *Capsicum annuum* var. *annuum* RESISTENTES À ANTRACNOSE

Maria do Socorro Bezerra de Araújo^{1*}; Jefferson Wesley da Silva Correa¹;
Antonio André da Silva Alencar¹; Gaspar Afonso da Graça¹; Elisângela
Knoblauch Viega de Andrade¹; Ingrid Gaspar da Costa Geronimo¹; Rosana
Rodrigues¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: mariasbserrita@gmail.com.

Um dos principais problemas que afeta a produtividade de *Capsicum* é a suscetibilidade às doenças. Entre as mais importantes para o cultivo de pimentas e pimentões destaca-se a antracnose, causada por fungos do gênero *Colletotrichum* spp., que gera danos consideráveis na cultura desde o plantio até a pós-colheita. Objetivou-se fenotipar progênies F_{2:3} de pimenta e pimentão quanto à resistência à antracnose em frutos imaturos e maduros. A partir de uma população de 200 indivíduos F₂, oriunda dos genitores UENF 2285 (♀ pimentão suscetível) e UENF 1381 (♂ pimenta resistente), foram selecionados 96 indivíduos com base na AACPD (Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença). As progênies F_{2:3}, cada uma composta por 16 plantas, foram conduzidas pelo método genealógico. Foram inoculados 753 frutos (três imaturos e três maduros por planta), com uma suspensão na concentração de 1,0 x 10⁶ conídios/mL do isolado 8.1 de *C. gloeosporioides*, de 14 progênies F_{2:3}, derivadas dos indivíduos mais resistentes em F₂. Realizaram-se observações diárias por sete dias, utilizando-se a escala de notas. Com os dados obtidos efetuou-se o cálculo da AACPD, período de incubação (PI) e período latente (PL). Foram elaborados histogramas de dispersão das plantas nas seis classes de notas com o uso do software R. Observaram-se valores médios de PI de 2 a 8 dias e PL de 3 a 8 dias em ambos os estádios de maturação dos frutos. Os valores médios para AACPD em frutos imaturos e maduros variaram entre 0,00 (UENF 1381) e 27,83 (planta 307.9) e 0,00 (UENF 1381) e 22,50 (UENF 2285), respectivamente. No estágio imaturo verificou-se 27,94 % (38), 36,76 % (50) e 22,79 % (31) de plantas Altamente Resistente (AR), Resistente (R) e Moderadamente Resistente (MR), respectivamente. A reação fenotípica em frutos imaturos das plantas 245.16, 313.1, 313.17 e 317.8 foram idênticas à testemunha UENF 1381, padrão de resistência (AACPD= 0,00, PI= 8 dias e PL= 8 dias). Quanto aos frutos no estágio maduro, 12,61 % (14), 20,72 % (25) e 31,52 % (35) de plantas apresentaram reação AR, R e MR, respectivamente. As plantas 120.11, 245.16 e 307.17 apresentaram reação à antracnose idêntica à testemunha UENF 1381 (AACPD= 0,00, PI= 8 dias e PL= 8 dias). A progênie 317 sobressaiu-se entre as demais por deter 12 plantas AR. As plantas 245.16, 113.6 e 317.4 destacaram-se por terem apresentado reação altamente resistente à antracnose em ambos os estádios de maturação. Os resultados permitiram identificar plantas com respostas fenotípicas de resistência à antracnose.

Palavras-chave: *Colletotrichum*; Pimentão; modelos mistos

Agradecimentos: FAPERJ, CNPq, CAPES.

METODOLOGIA DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO TOLERANTES À SALINIDADE

Jéssica Figueiredo Rezende^{1*}; Luis Felipe Lima e Silva²; Thabata Karoline Lopes³; Pedro Paulo Gaspar Teixeira³, Ricardo Alex Figueiredo Russo de Sá³, Wilson Roberto Maluf⁴

^{1*}Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UFLA. E-mail: jessica.rfigueiredo@gmail.com; ²Pós-doutorando em Fitotecnia- UFLA; ³ Graduando em Agronomia - UFLA; ⁴ Professor Titular do Departamento de Agricultura – UFLA.

A espécie *S. lycopersicum* não possui tolerância à salinidade, no entanto é possível fazer introgressão de genes encontrados em espécies selvagens como *S. galapagense* e *S. pennellii*. Porém, poucos avanços foram obtidos para o aumento da tolerância à salinidade até a presente data, pois as metodologias de seleção de genótipos superiores e de indução de estresse salino ainda são inconsistentes. O objetivo deste trabalho foi desenvolver uma técnica rápida e não destrutiva de seleção de plantas tolerantes ao estresse salino, para obter linhagens tolerantes com características plenamente comerciais. O experimento foi conduzido na Empresa HortiAgro Sementes SA., em Ijaci-MG. Foram utilizados dez tratamentos, sendo quatro deles cultivares comerciais, duas linhagens com o background comum (*S. pennellii*), dois híbridos oriundos destas linhagens com um genótipo comercial e duas testemunhas – *S. galapagense* “LA1401” e *S. pennellii* “LA716”. O ensaio foi conduzido no delineamento de DBC, em sistema hidropônico, reduzindo-se o potencial osmótico da solução nutritiva com NaCl. O estresse salino foi induzido sob uma concentração de 300 mM de NaCl ou 31.3 mS, muito acima do valor de CE tóxico para o tomateiro (3.5 mS). Para avaliar os efeitos da salinidade sobre os genótipos, utilizaram-se sintomas foliares como amarelecimento, encarquilhamento e murcha. As plantas foram avaliadas até 34 dias após a aplicação de NaCl ou 62 dias após a semeadura. Foram calculadas as áreas abaixo da curva de progresso dos sintomas para cada planta, num total de 282 plantas. As análises estatísticas foram feitas pelo programa R. Pelos testes de Tukey e Scott Knott, os acessos LA1401 e LA716 se mostraram superiores aos demais e também diferiram si ($p < 0.05$), sendo o acesso LA1401 mais tolerante à salinidade. Um dos genótipos oriundos da espécie *S. pennellii*, apresentou níveis intermediários de tolerância e diferiu estatisticamente dos demais ($p < 0.05$). Estes resultados indicam que os genótipos LA1401 e LA716 são boas fontes de tolerância e que a metodologia empregada neste trabalho pode ser utilizada para selecionar genótipos tolerantes à salinidade.

Palavras-chave: *S. lycopersicum*; Metodologia de Seleção; Salinidade.

Agradecimentos: Às instituições de fomento CAPES, FAPEMIG e CNPq.

PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA À MANCHA-BACTERIANA EM TOMATEIRO

Leonardo Fioravante Gotardi^{1*}; Mariana Niederheitmann¹; Victoria Annicchini¹;
Daniel P. Longatto¹; Maria C. Q. Verdi¹; Fernando Angelo Piotto¹

¹Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Departamento de Genética, Universidade de São Paulo. *E-mail do autor para correspondência:leonardo.gotardi@usp.br

A ocorrência de pragas e doenças é uma das grandes limitações produtivas no cultivo de tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.). Dentre as doenças, destaca-se a mancha-bacteriana, causada por um complexo de espécies do gênero *Xanthomonas*, sendo *X. perforans* a de maior importância nos polos produtivos do País. O controle desta doença utilizando agroquímicos é tido como ineficiente e, além disso, não existem cultivares resistentes registradas ao uso no Brasil. Neste contexto, o presente trabalho teve por objetivo estimar os parâmetros genéticos da resistência, descrevendo a herança da resistência a mancha-bacteriana a partir de um acesso resistente à *X. perforans*, previamente identificado. Assim, a severidade da doença foi estimada utilizando as gerações Parentais (P1 = USP100-SL, resistente à *X. perforans* e P2 = TPN191, suscetível à *X. perforans*), F1 e F2, pela sintomatologia nas folhas mais velhas foram atribuídas notas segundo escala de Horsfall e Barratt (1945). As plantas das gerações P1, P2, F1 e F2 foram inoculadas com o isolado 9C de *X. perforans*, na concentração de 3×10^8 UFC/mL, sendo realizada a aspersão de 1 ml/plântula de solução bacteriana, após o pré-condicionamento (16h) em câmara úmida. Em seguida, foram estimadas as médias e variâncias utilizando 32 plantas de cada um dos parentais (P1 e P2) e do F1, além de 192 plantas da geração F2. Estimou-se a variância ambiental com base em P1, P2 e F1, sendo possível estimar a variância genética e a herdabilidade para esse caráter a partir desta. Além disso, foram obtidas as médias do parental resistente P1 = 2,25, do suscetível P2 = 3,33, do F1 = 3,22 e do F2 = 2,96. As variâncias (V) foram estimadas em $V_{P1} = 0,19$, $V_{P2} = 1,71$, $V_{F1} = 1,40$ e $V_{F2} = 1,50$, além da variância ambiental $V_e = 1,17$, genética $V_g = 0,40$ e, por fim, a herdabilidade $h^2 = 0,26$. Com base nos dados, foi possível observar que a média das plantas F1 = 3,22 foi maior que a dos parentais $(P1+P2)/2 = 2,79$, indicando algum nível de heterose ($h = 0,43$). Isso leva a crer que parte do componente genético da resistência, oriundo do parental resistente, seja devido a desvios de dominância. A herdabilidade estimada foi relativamente baixa. Entretanto, a magnitude da variação encontrada, mostra que é possível obter ganhos com a seleção para resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. Contudo, o sistema de notas utilizado à avaliação de sintomas é baseado em percentuais de área afetada, o que compromete a precisão do método.

Palavras-chave: *Xanthomonas perforans*; resistência a doenças; herança genética.

Agradecimentos: Agradecemos ao CNPq pelo financiamento desta pesquisa.

AValiação de Resistência em *Capsicum* spp. À *Fusarium solani*.

Isabela Vera dos Anjos^{1*}; Michele de Moraes¹; Suelene Surubi de Melo¹; Lucas Pereira da Silva¹; Daiani da Silva de Oliveira¹; Kelly Lana Araújo²

¹Universidade do Estado de Mato Grosso-Campus Cáceres; ²Professora orientadora UNEMAT-Campus Cáceres. *iveradosanjos@hotmail.com

Em pimentas do gênero *Capsicum* a Podridão do colo, causada por *Fusarium solani* pode apresentar vários sintomas, e ocorrer em qualquer estágio de crescimento da planta; em plântulas os principais os sintomas que se destacam são a murcha em raízes e região do colo necrosadas, podendo até em alguns casos secar ou tombar; já em plantas adultas pode paralisar o crescimento, murchar e secar. Esta doença tem causado perdas significativas na produção de pimentas no estado de Mato Grosso. Este trabalho objetivou avaliar a resistência dos diferentes acessos de *Capsicum* spp. do banco de germoplasma do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UNEMAT – Campus Cáceres à ao fungo *F. solani*. Foram selecionadas e semeadas sementes de 5 genótipos de provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da UNEMAT, para posteriormente avaliar quanto à suscetibilidade e resistência dos acessos aos diferentes isolados de *F. solani*, as plântulas foram transplantadas com 58 dias para copos plásticos transparentes de 500ml contendo solo, areia e substrato (2:1:1). O experimento foi conduzido em DBC (Delineamento em Blocos Casualizados) com 4 blocos, 5 tratamentos, 3 plantas por parcela, em casa de vegetação. A inoculação foi realizada por corte com auxílio de uma lamina na haste das plantas, onde fixou-se com filme plástico um disco de micélio do fungo cultivado em B.D.A por aproximadamente 7 dias. Após cinco dias os plásticos foram retirados e as avaliações se iniciaram ao sexto dia, com dimensionamento a área da lesão com auxílio de um paquímetro digital. A partir dos valores diários das lesões, calculou-se a AACPD (Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença). Em seguida, os resultados foram submetidos a ANOVA (Análise de variância) a 1% de probabilidade pelo teste f, posteriormente, aplicou-se o teste Tukey a 5% de probabilidade para comparação entre as médias. Com base na AACPD os genótipos analisados foram alocados em dois grupos. O primeiro grupo foi formado apenas pelo acesso UNEMAT 39, mostrando maior suscetibilidade ao fungo. Já o segundo grupo foi formado pelos acessos UNEMAT 66, 116, 141 e 140. Estes resultados possibilitam estudos posteriores pois indicam potenciais parentais que poderão ser usados no programa de melhoramento do *Capsicum* spp. da UNEMAT visando obtenção de híbridos superiores resistentes à podridão do colo.

Palavras-chave: Podridão do colo; inoculação; lesão.

PÓS-COLHEITA DE GENÓTIPOS DE CEBOLA EM DIFERENTES DENSIDADES DE CULTIVO

Tiago Alves Ferreira^{1*}; Kassio Abel Silva e Sousa¹; Renato Sales Coelho¹; Joelson André de Freitas¹; Adriano Silveira Barbosa¹; Ildon Rodrigues do Nascimento¹.

¹Universidade Federal do Tocantins, Campus Universitário de Gurupi. *E-mail do autor para correspondência: tiagoferreira.agro@gmail.com.

No Brasil a cebola é considerada a terceira hortaliça em importância econômica, sendo cultivada principalmente nas regiões Sul, Sudeste, Centro-Oeste e em algumas regiões do Nordeste. Devido às condições de clima e escassez de cultivares adaptadas, no Norte do Brasil, não existe relatos de cultivo comercial de cebola. O desenvolvimento de novos híbridos tropicalizados associado a manejo adequado, pode permitir a expansão da área cultivada com cebola no país. Dentre os fatores de manejo determinantes à produção comercial de bulbos, destaca-se a interação dos genótipos com as densidades de semeadura. Com este trabalho objetivou-se avaliar a pós-colheita de genótipos comerciais de cebola, em diferentes densidades de plantio. O experimento foi conduzido na estação experimental do Campus Universitário de Gurupi, da Universidade Federal do Tocantins. Foram avaliados 4 genótipos (Vulkana, Cimarron, Dulciana e Mata Hari) em 4 densidades de plantio: 480.000, 600.000, 780.000 e 1.200.000 mil plantas por ha⁻¹. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com quatro repetições, os dados obtidos foram submetidos às análises de variância pelo teste Tukey, utilizando-se o software computacional SISVAR versão 5.0. Após a colheita procedeu-se às avaliações de pungência; acidez titulável total; sólidos solúveis totais (°Brix); pH e perda de peso dos bulbos durante o processo da cura. Houve interação entre as densidades e os genótipos para parte dos caracteres avaliados, onde foi observado que o aumento da densidade de plantio promoveu maior perda de peso dos bulbos durante o processo de cura, sendo o cultivo em alta densidade um fator que estimulou uma maior competição entre os híbridos, acelerando o processo de bulbificação podendo ter grande influência na produtividade e qualidade da cultura. Os genótipos que apresentaram bulbos com maiores teores de pungência são considerados de melhor qualidade para a desidratação, sendo que parte dos compostos aromatizantes são perdidos durante o processo de cura e armazenamento. A densidade de cultivo dos híbridos em 480.000 plantas ha⁻¹ obteve o maior teor de pungência. Não houve interação entre as densidades de cultivo e a acidez titulável e o pH nas quatro cultivares. A densidade de cultivo de 780.000 plantas⁻¹ teve maior teor de °Brix. A perda de peso é maior em densidades maiores onde se tem maior peso médio dos bulbos.

Palavras-chave: *Allium cepa*; genótipos; Cerrado.

Agradecimento: À Universidade Federal do Tocantins, Capes, CNPq e a Empresa Bayer Vegetable Seeds.

POTENCIAL ANTIOXIDANTE EM *CAPSICUM FRUTESCENS*

Ana Flávia Amorim^{1*}; Michele de Moraes¹; Lucas P. Silva²; Suelene Surubi de Melo²; Renê A. S. Campos³, Kelli L. de Araújo³

¹ Mestrado em Melhoramento Genético Vegetal, UNEMAT; ² Graduação em Agronomia, UNEMAT, Cáceres, MT; ³ Departamento de Agronomia, UNEMAT, Cáceres, MT

*anaflaviamorim@gmail.com

A pimenta está entre as olerícolas mais importantes no mundo, devido ao seu grande potencial de mercado. São boas fontes de compostos antioxidantes, responsáveis pelo sequestro de radicais livres. Pouco se sabe sobre o potencial antioxidante em genótipos de pimenta do BAG da UNEMAT/Cáceres, MT. O objetivo do trabalho foi determinar compostos bioativos e atividade antioxidante de cinco acessos de *Capsicum frutescens*, visando o desenvolvimento de híbridos com alto teor de antioxidantes. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação. Amostras de frutos foram congeladas em N líquido e armazenadas a -80°C até o momento das análises. Os compostos antioxidantes foram avaliados por meio de técnicas espectrofotométricas. Para polifenóis, um extrato metanólico (50 mg/mL) foi combinado com Folin Ciocalteu e Na₂CO₃. Após 1 hora, a absorvância foi medida a 750 nm. Para flavonoides e antocianinas, frutos foram homogeneizados em etanol acidificado e a mistura permaneceu por 12 horas sob refrigeração. Após filtragem, a absorvância do extrato (5-8 mg/mL) foi medida a 374 e 535 nm. Para β-caroteno e licopeno, um extrato (20 mg/mL) foi preparado com acetona e hexano e as absorvâncias foram medidas a 663, 645, 505 e 453 nm. Para a atividade antioxidante frente ao radical DPPH, extratos metanólicos (60-90 mg/mL) foram combinados com uma solução de DPPH (60 μM) e após 1 h, a absorvância foi medida a 515 nm. Os resultados foram submetidos à ANOVA e teste de Skott-Knott. O acesso 17 apresentou maior atividade antioxidante no ensaio DPPH (107,7 mM/100g). Este acesso possuía concentrações superiores de β-caroteno e licopeno (548 e 99,7 μg/100g). Os acessos 52 e 140, por outro lado, apresentaram resultados inferiores de atividade antioxidante. Curiosamente, o acesso 52 exibiu altos teores de flavonoides, antocianinas, β-caroteno e licopeno em relação aos outros acessos avaliados. Os acessos 51 e 115 apresentaram resultados intermediários de atividade antioxidante. Os teores superiores de β-caroteno e licopeno devem estar envolvidos no maior sequestro do radical DPPH. Entretanto, outros compostos, não avaliados no presente estudo, também podem estar contribuindo para uma maior atividade antioxidante nos acessos de pimenta avaliados. Assim, outros métodos de avaliação da atividade antioxidante são recomendados, a fim de melhor caracterizar estes genótipos de pimenta do BAG da UNEMAT, visando a obtenção de híbridos superiores.

Palavras-chave: pimenta, carotenoides, DPPH

PRODUTIVIDADE DE CLONES DE BATATA-DOCE EM CURITIBANOS - SC

Sindi Elen Senff^{1*}; Viviane de Fátima Milcheski²; Ana Carolina da Costa Lara Fioreze³

¹Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: sindielen@gmail.com.

²Universidade Federal de Santa Catarina. ³Universidade Federal de Santa Catarina.

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.), originária da América Central e do Sul, é uma espécie rústica que se adapta facilmente em diversos tipos de solo e de clima, sendo assim cultivada de norte a sul do Brasil. Apesar de sua ampla adaptação, a produção nacional se encontra abaixo do potencial genético e o consumo vem crescendo cada vez mais devido seus benéficos nutricionais e energéticos. Com isso, o objetivo do trabalho foi avaliar clones de batata-doce, com base na produtividade e qualidade dos tubérculos no município de Curitiba-SC. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Agropecuária, da Universidade Federal de Santa Catarina (994m de altitude), em solo do tipo Cambissolo Háplico de textura argilosa. Foram avaliados cinco clones de batata-doce, sendo eles: Brazlândia Rosada, BRS Amélia, Beauregard, Brazlândia Roxa e BRS Rubissol. O delineamento utilizado foi blocos casualizados com quatro repetições, sendo a unidade experimental composta por quatro linhas espaçadas com 0,75m entre linhas e 0,30m entre plantas. Foi realizada a adubação de base com 500 kg/ha do adubo 09-33-01 e o plantio das ramas ocorreu no mês de novembro/2016. Foi realizada a irrigação até o surgimento das primeiras raízes e o controle das plantas daninhas através de capina manual. A colheita ocorreu aos 159 dias de ciclo, avaliando-se as características: comprimento das raízes (cm), produção total de raízes e produção de raízes com padrão comercial (com peso entre 100g e 800g, ausência de danos e aspecto comercial) (t/ha). Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($p < 0,05$) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). O clone BRS Rubissol obteve o maior comprimento de raiz (20,0 cm) diferindo da Brazlândia Rosada (16,1 cm). O clone Beauregard apresentou a maior produtividade total (64,1 t/ha) sendo que os demais apresentaram produção de 19,9 a 36,9 t/ha, não diferindo entre si, muito embora, todos os clones produziram acima da média nacional de 13,5 t/ha. Para a produção comercial, os clones Beauregard, BRS Rubissol e BRS Amélia foram os mais produtivos, com valores de 34,9 t/ha, 27,5 t/ha e 25,6 t/ha, respectivamente. Já o clone Brazlândia Rosada apresentou a menor produção comercial (11,1 t/ha), diferindo dos clones citados. Pode-se concluir que os clones Beauregard e BRS Rubissol são os mais recomendados para a produção de batata-doce em Curitiba-SC, pois se destacaram em produtividade e qualidade de raízes. Embora o clone Beauregard apresente dez vezes mais carotenoides do que outros, o consumidor brasileiro prefere a batata-doce de polpa branca, como é o caso da BRS Rubissol.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas* L.; produtividade; raiz.

PRODUTIVIDADE DE DIFERENTES CULTIVARES DE TOMATEIRO EM SISTEMA DE CULTIVO ORGÂNICO.

Alex José Santa Rosa¹; Fernando Cesar Sala²; Jean Carlos Cardoso³

¹Aluno de graduação em Engenharia Agrônoma, Centro de Ciências Agrárias (CCA/UFSCar), Araras, SP. ²Professor do Departamento de Biotecnologia e Produção Vegetal e Animal, CCA/UFSCar, Araras, SP (co-orientador). ³Professor do Departamento de Desenvolvimento Rural, CCA/UFSCar, Araras, SP (orientador). E-mail: alexjsr2009@hotmail.com

Uma das atuais dificuldades na agricultura orgânica é a produção de tomate com produtividade razoável para geração de renda, causada em grande parte pela escolha de cultivares inadequadas. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar as características e a produtividade de diferentes cultivares de tomateiro de porte determinado e indeterminado em sistema de cultivo orgânico sob cultivo protegido. O experimento foi realizado em casa de vegetação, iniciado em outubro de 2015 e finalizado em março de 2016 com sete cultivares de tomateiro (tratamentos), sendo estas: Serato, Santa Cruz, Santa Clara, Tyson, Predador (indeterminados), Apolo e Candieiro (determinados). O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 5 repetições, constituída de 5 plantas espaçadas de 0,6 m entre plantas e 0,7 m entre linhas. Todas as parcelas receberam o mesmo tratamento, exceto as cultivares determinadas, onde não foi realizado a desbrota e a capação. Foram utilizados 36 g de esterco de gado por planta, aplicado no solo a cada 15 dias. Durante o experimento foram realizadas mensurações de altura (cultivares indeterminadas foram conduzidos até 220 centímetros), número, comprimento e diâmetro de folhas a cada 15 dias até o final do experimento, que ocorreu aos 138 dias após o plantio. Foram avaliados 20 frutos por parcela, das quais se mensurou a massa individual e total, o diâmetro horizontal e vertical dos frutos. As cultivares Predador, Serato e Tyson aos 80 dias após o transplântio atingiram os 220 centímetros. Nas cultivares determinadas, algumas plantas da cultivar Candieiro e Apolo chegaram a 290 centímetros e 240 centímetros, respectivamente. Em relação à produtividade das cultivares, da maior para a menor produtividade, foram observadas em Serato > Predador > Tyson > Apolo > Santa clara > Candieiro > Santa cruz. A cv. Serato sendo a mais produtiva obteve 1,85 kg/planta e a cv. Santa Cruz sendo a menos produtiva obteve 0,38 kg/planta. Foram observadas correlações entre a massa individual de frutos e numero de frutos/planta com a produtividade de cultivares de tomateiros. A exceção da cv. 'Candieiro', única com frutos tipo italiano, a resistência as viroses TYLCV e TSWV foram benéficas a obtenção de maiores produtividades na cultura do tomate de mesa sob cultivo orgânico.

Palavras-chave: Orgânico; Cultivares; Produtividade.

Agradecimentos: Agristar do Brasil pelo fornecimento das sementes e apoio ao projeto Proex nº 23112.003078/2016-90 e ao CNPQ Processo 304174/2015-7.

PRODUTIVIDADE DE MINIESTACAS DE SEIS CLONES DE BATATA EM DUAS DENSIDADES

Sorhaila Camila Batistel¹; Dilson A. Bisognin^{2*}; Franciele Fucilini³; Carolina Parcianello⁴; Gabriel Lopes³; Gabriele Lohmann⁴

¹Programa de Pós-graduação em Agronomia, UFSM - Santa Maria, RS. ²Universidade Federal de Santa Maria, Campus Universitário, Departamento de Fitotecnia. CEP 97105-900, Camobi, Santa Maria, RS. ³Graduação em Agronomia, UFSM - Santa Maria, RS ⁴Graduação em Engenharia Florestal, UFSM - Santa Maria, RS* E-mail do autor para correspondência: dilson.bisognin@ufsm.br

A batata (*S. tuberosum*) é propagada vegetativamente via tubérculos, sendo esse material altamente suscetível a infecção por patógenos. Para uma boa produtividade, o material propagativo deve apresentar qualidade fitossanitária. As técnicas convencionais de multiplicação de batata-semente apresentam baixa taxa de multiplicação, além de propiciarem contaminação dos tubérculos por patógenos, principalmente por vírus. No entanto, as técnicas de multiplicação rápida, além de uma taxa de multiplicação superior, apresentam menores chances à contaminação por patógenos. Uma dessas técnicas é a miniestaquia, que consiste na retirada de segmentos apicais e nodais de uma planta matriz, para se gerar uma nova planta. O objetivo deste trabalho foi comparar a produtividade de miniestacas de seis clones de batata, estabelecidos em minijardim clonal em duas densidades de plantio. O experimento foi um fatorial 6x2 (clonesxdensidades) no delineamento de blocos ao acaso com 3 repetições. Os clones Macaca, SMINIA05011-3, SMINIA06066-10, SMINIA793101-3, SMINIA93057-2 e 10715-3 foram estabelecidos em minijardim clonal. Cada tratamento foi disposto em uma bandeja de polietileno (55x34x15cm), contendo uma camada de 7 cm de brita média, coberta com uma tela e sobre esta uma camada de 5 cm de areia grossa. As plantas matrizes foram micropropagadas e aclimatizadas antes do plantio nas bandejas. Foram avaliadas as densidades de 178 covas m⁻² e 400 covas m⁻², no sistema fechado de cultivo sem solo desenvolvido no Programa de Melhoramento. A irrigação foi realizada por inundação, com a solução nutritiva completa fornecida três vezes ao dia durante 15 minutos. Foi avaliada a produtividade de miniestacas, coletadas a partir de 21 dias da instalação do experimento. Os dados foram submetidos à análise de variância. As médias de clones foram comparadas pelo teste Scott-Knott à 5% de probabilidade de erro. Não houve interação significativa entre clones e densidades de plantio das plantas matrizes, bem como entre as densidades estudadas. Com base nos resultados obtidos, concluiu-se que miniestacas de batata devem ser produzidas na densidade 178 plantas matrizes por m⁻² e que a produtividade de miniestacas depende do clone de batata que está sendo propagado.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum* L.; miniestaquia; batata-semente.

Agradecimentos: A CAPES pela concessão de bolsa e ao CNPq pelo auxílio financeiro e concessão de bolsas.

REAÇÃO DE CLONES DE BATATA TOLERANTES AO CALOR À PINTA PRETA (*Alternaria grandis*)

Maiara Oliveira Fernandes¹, Rafael Ravaneli Chagas^{2*}, Silvia Regina Rodrigues de Paula Ribeiro¹; Mario Henrique Murad Leite Andrade¹; Claudio Carlos Fernandes Filho¹; Marcio Lisboa Guedes¹; Cesar Augusto Brasil Pereira Pinto¹.

¹Universidade Federal de Lavras. ²Universidade Federal de Viçosa.
*rravanelichagas@gmail.com

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é uma das principais fontes de alimento do mundo, sendo uma cultura que possibilita alta produção de alimento por área de cultivo. No Brasil é a hortaliça mais plantada, porém sua produtividade não é tão alta devido a fatores limitantes como as elevadas temperaturas e alta incidência de patógenos que acometem a cultura. Dentre os patógenos destaca-se o fungo *Alternaria grandis*, causador da pinta preta na cultura da batata. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a resistência de clones de batata à pinta preta, previamente selecionados para tolerância ao calor. Foram utilizados 57 clones do programa de melhoramento de batata da Universidade Federal de Lavras (UFLA) e duas testemunhas: as cultivares Aracy (resistente) e Achat (suscetível). O experimento foi realizado no Laboratório de Cultura de tecidos da UFLA. Para a avaliação de resistência à pinta preta foi utilizado o isolado AG 169 de *A. grandis*. O teste foi realizado *in vitro*, em plântulas de batata obtidas através de brotações de tubérculos. Inicialmente os brotos de 1,5 a 2,0mm foram retirados manualmente e esterilizados em solução 1:1 de água destilada e hipoclorito de sódio. Depois, foram enxaguados três vezes com água destilada e esterilizada. Foram feitos cortes nos brotos com auxílio de um bisturi deixando uma gema vegetativa. O material foi inserido em tubos de ensaio contendo 10mL de meio de cultura MS e alocados em sala de crescimento em condições controladas. Para inoculação do fungo utilizou-se um disco de micélio de 5mm de diâmetro sobre o lado adaxial de uma folha da plântula e os tubos foram colocados no escuro sob temperatura de 25°C ± 2°C. Após cinco dias a resposta das plântulas à doença foi avaliada, por meio de escala de notas modificada de Van der Waals, de acordo com a intensidade do tecido necrosado. A ANAVA foi significativa (p<0,05) para as notas, indicando que é possível identificar clones com diferentes níveis de resistência à pinta preta. O teste de Scott-Knott agrupou os clones em quatro grupos, sendo possível identificar clones considerados resistentes à pinta preta, com destaque para os clones CTB 16-27, GMR 03-54, GRO 19-30 e SR3 12-16, que apresentaram notas iguais ou inferiores ao padrão de resistência (cultivar Aracy).

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*; resistência; melhoramento.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

RENDIMENTO FOTOSSINTÉTICO E EFICIÊNCIA DO USO DA ÁGUA EM ACESSOS SILVESTRES E HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATEIRO

Lais Cristina Bonato Malmann Nedilha^{1*}, André Ricardo Zeist¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende¹; Marcos Ventura Faria¹; André Gabriel¹; Ricardo Antônio Zeist¹; Matheus de Lima Martins¹; Matheus Hermam dos Santos¹

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste. *lais.cristina19@live.com

As taxas de trocas gasosas em espécies de tomateiro e híbridos interespecíficos podem contribuir para o desenvolvimento e seleção de genótipos com maior tolerância às condições adversas de cultivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar o rendimento fotossintético e a eficiência do uso da água em espécies silvestres de tomateiro e na cultivar Redenção, bem como dos respectivos híbridos F₁ de cruzamentos interespecíficos. Na condução do experimento utilizou-se delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, avaliando-se seis acessos silvestres (*Solanum pimpinellifolium* acesso 'AF 26970', *Solanum galapagense* acesso 'LA-1401', *Solanum peruvianum* acesso 'AF 19684', *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* acesso 'PI-127826', *Solanum habrochaites* var. *glabratum* acesso 'PI-134417' e *Solanum pennellii* acesso 'LA-716') e a cultivar comercial Redenção (*Solanum lycopersicum*), juntamente com os respectivos híbridos interespecíficos ('Redenção' x 'AF 26970'), ('Redenção' x 'LA-1401'), ('Redenção' x 'AF 19684'), ('Redenção' x 'PI-127826'), ('Redenção' x 'PI-134417') e ('Redenção' x 'LA-716'), em casa-de-vegetação. Aos 14, 28, 42, 56 e 70 dias após o transplante, por meio do sistema portátil de medidas de fotossíntese (IRGA, Infrared Gas Analyzer, Li-cor, LI6400XT), determinou-se rendimento fotossintético e taxa de transpiração. A partir destes dados, foi quantificada a eficiência do uso da água por meio da relação entre rendimento fotossintético e taxa de transpiração. O acesso 'LA-716' e o híbrido 'Redenção' x 'LA-716', proporcionaram a maior eficiência do uso da água ($3,5 - 19,7 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) e os acessos 'PI-127826' e 'PI-134417' e os híbridos interespecíficos 'Redenção' x 'PI-127826' e 'Redenção' x 'PI-134417', proporcionaram os maiores rendimentos fotossintéticos ($18,7 - 23,6 \text{ } \mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$) e transpiração ($2,2 - 5,6 \text{ mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$). Demonstrou-se assim, que os descendentes da espécie *S. habrochaites* são uma interessante alternativa para os programas de melhoramento genético, que desejarem realizar avanços na obtenção de linhagens e que apresentem aumento do rendimento fotossintético. Enquanto que o acesso 'LA-716', por ter proporcionado juntamente com o híbrido 'LA-716' x 'Redenção' maior eficiência do uso da água, demonstra ser um interessante recurso genético para o melhoramento do tomateiro, visando tolerância ao déficit hídrico.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, acessos silvestres, fotossíntese, pré-melhoramento genético, trocas gasosas.

RESISTANCE STABILITY OF TOMATO GENOTYPES TO *Xanthomonas perforans* ISOLATES

Mariana Niederheitmann^{1*}; Leonardo F. Gotardi¹; Daniel P. Longatto¹; Gabriel L. Lopes¹; Maria C. Q. Verdi¹; Antonio A. F. Garcia¹; Fernando A. Piotto¹

¹'Luiz de Queiroz' College of Agriculture, Genetics Department, University of São Paulo. *Corresponding author: mariana_nieder@usp.br.

Tomato bacterial spot, caused by a complex of four species of *Xanthomonas* spp., is one of the major diseases of tomato crops and genetic resistance is the only way for its control. The generalized occurrence of the disease in several environments probably favored the emergence of isolates with different levels of aggressiveness. Thus, this study evaluated the resistance stability of tomato genotypes to bacterial spot in relation to different isolates of *Xanthomonas perforans*, which was previously detected as the most relevant species in the main tomato producing regions in São Paulo State. Therefore, eight tomato genotypes were used: four were previously characterized as resistant (USP100-SL, USP101-SL, Ohio8245 and LA0716), two intermediate (Rotam-4 and Yoshimatsu) and two susceptible (Olirose de Saint-Domingue and IPA-6). Thirty day-old tomato seedlings were inoculated with five isolates of *X. perforans*. (13A, 18A, 16B, 9C and Xp15) by spraying a bacterial suspension at concentration 3×10^8 CFU.mL⁻¹. The experiment was conducted in a randomized block design with four replications consisting of four plants per replicate. Severity of bacterial spot symptoms was evaluated on the 15th day after inoculation through the Horsfall and Barrat (1945) rating system. The stability analysis of the genotypes in relation to the isolates was verified by the GGE Biplot method. The analysis showed that, regardless of the isolates tested, genotypes USP101, USP 100 and Yoshimatsu were the ones that presented the most stable resistance levels, suggesting horizontal resistance, whereas IPA-6 was the most affected by the disease. Genotypes LA0716, Olirose de Saint-Domingue, Rotam-4 and Ohio8245 were classified as intermediate resistant with specific interactions in the reaction to different isolates. The isolates showed differences in symptoms to bacterial spot, forming three groups that induced similar reactions in the studied genotypes. Thus, isolates Xp15 and 18A induced symptoms similarly in the genotypes. This was also observed for groups 16A and 9C, which were different from isolate 13A. Finally, this work showed evidence that some genotypes have more stable resistance levels to *X. perforans*., with different levels of aggressiveness, while others indicated a more specific resistance to certain isolates. These findings are very relevant for tomato breeding programs aiming to develop resistance to bacterial spot.

Keywords: bacterial spot; breeding; *Solanum lycopersicum*

Acknowledgements: CAPES, CNPq, FAPESP.

RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE CAUSADA POR *Colletotrichum gloeosporioides* EM ACESSOS DE *Capsicum chinense*

Antonio André da Silva Alencar*; Paola Alvares Bianchi; Maria do Socorro Bezerra de Araújo; Ingrid Gaspar da Costa Geronimo; Jefferson Wesley da Silva Correia; Gaspar Afonso da Graça; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
*antonioandre14@hotmail.com

A antracnose é causada por fungos do gênero *Colletotrichum* spp. e as perdas causadas pela doença causam prejuízos à produção comercial de pimentão e pimentas (*Capsicum* spp.). Para programas de melhoramento com a finalidade de desenvolver cultivares resistentes, torna-se necessário a identificação de fontes de resistência a esta doença. Este trabalho descreve a avaliação de 42 acessos de *C. chinense* do banco de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), quanto à reação ao *C. gloeosporioides*. Foi utilizado o delineamento experimental inteiramente ao acaso com 42 tratamentos e três repetições, consistindo na inoculação de três frutos imaturos e três frutos maduros por planta. Após a colheita, os frutos foram desinfestados com álcool 70 % por 1 min, em seguida imersos em solução 0,2 % de hipoclorito de sódio durante 5 min e lavados três vezes com água esterilizada. Como fonte de inóculo utilizou-se o isolado 8.1 de *C. gloeosporioides*, cultivado em meio BDA por sete dias a 28 °C. Para a inoculação fez-se uso de agulha entomológica para fazer o ferimento no fruto, micropipeta e suspensão de esporos na concentração de $1,0 \times 10^6$ conídios/mL. A avaliação dos frutos foi realizada durante 11 dias consecutivos por meio da medição diária do diâmetro das lesões com paquímetro digital. As variáveis analisadas foram Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença – AACPD, o período de incubação – PI, e o período latente – PL. Devido a anormalidade das variáveis, as mesmas foram submetidas ao teste não paramétrico de Kruskal-Wallis. Houve variabilidade entre os acessos tanto para frutos imaturos quanto para frutos maduros. Pelo ranqueamento das médias, 13 grupos foram formados para frutos imaturos e os acessos com menores valores de AACPD foram UENF 2137 e UENF 2153, enquanto o acesso UENF 1721 foi o que registrou os maiores valores de AACPD (58,00), os menores valores para PI (três dias) e PL (10 dias). O acesso UENF 1786 apresentou os maiores valores para PI e PL (12 e 15 dias, respectivamente). Para frutos maduros verificou-se a formação de 19 grupos. O acesso UENF 2137 apresentou o menor valor de AACPD (7,80), seis dias e nove dias para PI e PL, sendo considerado o mais promissor em termos de resistência nesse estágio de desenvolvimento dos frutos, além de ter apresentado o menor valor de AACPD no estágio imaturo. O acesso mais suscetível na fase de fruto maduro foi UENF 1753 com AACPD de 158,00, PI de quatro dias e PL de 10 dias.

Palavras-chave: avaliação de germoplasma, recursos genéticos, melhoramento de plantas

Agradecimentos: FAPERJ, CNPq, CAPES, UENF.

RESISTÊNCIA A *Phytophthora infestans* EM TOMATEIRO

Felipe de Oliveira Dias^{1*}; Françoise Dalprá Dariva¹; Manoel Coelho dos Santos¹; Mariane Gonçalves Ferreira¹; Flávia Maria Alves¹; Carlos Nick¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia. Av. PH Rolfs, Campus Universitário 36570900 - Viçosa, MG - Brasil. *E-mail do autor para correspondência: felipe.o.dias@ufv.br

A requeima causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary é uma das mais destrutíveis doenças da cultura do tomate. O manejo da doença, geralmente, envolve a aplicação de uma grande quantidade de fungicidas, uma vez que não há no mercado cultivares resistentes. A resistência à requeima, normalmente, é encontrada em espécies silvestres, porém, cruzamentos com essas espécies não resultam em descendência com características agrônômicas desejáveis. Dessa forma, é importante entender os mecanismos associados a herança da resistência para o sucesso na obtenção de genótipos resistentes. Por isso, o objetivo desse trabalho foi estudar a herança da resistência a *Phytophthora infestans* nas gerações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁, RC₁₂) obtidas do cruzamento entre *Solanum lycopersicum* e *Solanum habrochaites f. glabratum*. Os experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino Pesquisa e Extensão “UEPE Horta Velha” do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. Como genitor feminino foi utilizado a cultivar suscetível Santa Clara (*S. lycopersicum*) e como genitor masculino o acesso BGH 6902 (*S. habrochaites f. glabratum*), resistente a requeima. As plantas F₁ originadas do cruzamento foram autofecundadas para obtenção da geração F₂ e retrocruzadas com os genitores para obtenção das gerações RC₁₁ e RC₁₂. A inoculação das plantas ocorreu aos 50 dias após o transplante no campo. A severidade da doença foi avaliada por meio de notas, utilizando escala diagramática. A variância ambiental foi menor que a variância genotípica, o que indica predominância dos efeitos genéticos aos ambientais. As estimativas da herdabilidade no sentido amplo e restrito foram de 53,2% e 13,1%, respectivamente. O número de genes estimados controlando a característica foi 26, indicando que a característica é de natureza quantitativa. O grau médio de dominância indica sobredominância no sentido da suscetibilidade, sendo observada heterose e heterobeltiose na F₁. Com isso, a utilização de técnicas moleculares pode auxiliar a seleção de genótipos promissores com alelos de resistência para prosseguir o programa de melhoramento, a fim de obter linhagens resistentes.

Palavras-chave: Resistência; requeima; tomateiro.

Agradecimentos: A FAPEMIG pelo apoio financeiro; a UFV pelo suporte dado a pesquisa; aos funcionários da UEPE Horta Velha pela contribuição prestada nas atividades de campo.

RESISTÊNCIA GENÉTICA DE *Solanum habrochaites* A *Phytophthora infestans*

Mariane Gonçalves Ferreira^{1*}; Igor Oliveira Pontelo¹; Mayara Maia Martins¹,
Gabriella Queiroz Almeida¹; Flávia Maria Alves¹, Carlos Nick¹

¹ Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia. Av. Ph Rolfs Campus 36570-900 - Viçosa, MG – Brasil.
*mariane.goncalves@ufv.br.

Phytophthora infestans (Mont.) De Bary, é o patógeno responsável pela principal doença foliar do tomateiro, a requeima. No manejo dessa doença, a estratégia mais promissora é o desenvolvimento de cultivares resistentes, havendo, portanto, a necessidade do entendimento da herança associada à resistência. Em programas de melhoramento, estudos dos parâmetros genéticos auxiliam na escolha do melhor método de melhoramento posteriormente utilizado. Para estimação desses parâmetros são empregados dados observados em linhagens contrastantes (P_1 e P_2) e nas gerações F_1 , F_2 , $RC_{1,1}$ e $RC_{1,2}$. No entanto, a ocorrência de gene de efeito maior e poligenes dificulta os estudos de herança, uma vez que as metodologias, normalmente, utilizadas não detectam as diferenças entre esses genes. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a herança da resistência do tomateiro a *P. infestans*, utilizando a função de verossimilhança para modelar e estimar parâmetros relativos aos efeitos de gene maior e poligenes. Os experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão - “UEPE Horta Velha”. Como genitor feminino foi utilizado a cultivar susceptível Santa Clara (*Solanum lycopersicum*) e como genitor masculino o acesso do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV BGH 6902 (*Solanum habrochaites* f. *glabratum*), resistente a requeima. As plantas F_1 , originadas do cruzamento, foram autofecundadas para obtenção da geração F_2 e retrocruzadas posteriormente com os progenitores para obtenção das gerações $RC_{1,1}$ e $RC_{1,2}$. A inoculação das plantas ocorreu aos 50 dias após o transplante no campo. A severidade da doença foi avaliada por meio de notas, utilizando escala diagramática. Os testes foram realizados no programa estatístico Monogen v 0.1. Na determinação dos modelos genéticos por meio da função de verossimilhança, a significância dos efeitos que comparam os modelos evidencia que a herança da resistência a requeima em tomateiro é conferida por gene maior, com efeito aditivo e dominante mais poligenes, com efeito aditivo mais os efeitos ambientais. A resistência vertical pode ser explorada com a utilização dos genes de efeito maior. Programas de seleção recorrente e a seleção assistida por marcadores moleculares poderão auxiliar o emprego da resistência conferida pelos poligenes.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, requeima, estudos de herança

Agradecimentos: Os autores agradecem a FAPEMIG pelo apoio financeiro; ao suporte da UFV e aos funcionários da “Horta experimental” pela contribuição prestada nas atividades de campo.

RETROCRUZAMENTO ASSISTIDO POR MARCADORES MICROSSATÉLITES DE GENÓTIPOS F₂RC₂ DE TOMATEIRO RESISTENTES A ARTRÓPODES-PRAGA

Tais Adeil Müller de Almeida¹; João Ronaldo Freitas de Oliveira¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende^{1*}; Daiane Secco¹, Nathalia Campos Vilela², Paulo Roberto Da Silva¹

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil.

²Universidade Federal de Lavras, UFLA, Lavras, MG/Brasil. *E-mail do autor para correspondência: jvresende@uol.com.br.

Na tomaticultura brasileira, um dos principais problemas é a alta suscetibilidade das plantas ao ataque de pragas, as quais estão presentes em todos os sistemas de produção. A ocorrência de tais pragas ocasiona a alta demanda por aplicações de inseticidas. O desenvolvimento de cultivares com resistência genética a pragas por meio de retrocruzamentos, tem se ampliado, podendo ser indicado como uma estratégia importante no manejo. A eficiência em programas de retrocruzamento é aumentada com o emprego da seleção assistida por marcadores moleculares, podendo reduzir o tempo e os custos, tendo ganho de ciclos de retrocruzamentos quando se compara aos métodos convencionais. O objetivo do presente trabalho foi identificar genótipos de tomateiro oriundos de retrocruzamento com maior recuperação do genoma recorrente utilizando marcadores microssatélites. Os materiais genéticos avaliados no presente estudo são plantas de tomate da geração F₂RC₂, oriundas do cruzamento entre *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* PI-127826 (alto teor de zingibereno) e *Solanum lycopersicum* cv. 'Redenção' (variedade comercial). A geração F₂RC₂ foi fenotipada para teor de zingibereno, com base nos resultados da fenotipagem foram selecionados seis genótipos que apresentavam alto teor de zingibereno e dois com baixo teor do aleloquímico e estas juntamente com os parentais foram analisadas com o uso de marcadores microssatélites. Foram testados 68 *primers* microssatélites nos parentais (espécie silvestre *S. habrochaites* var *hirsutum* e a variedade comercial *S. lycopersicum* 'Redenção'). Dos 68 *primers* testados, 19 foram polimórficos entre a espécie silvestre e a variedade comercial, 17 foram monomórficos, 20 apresentaram alelo nulo e 12 não apresentaram produto de amplificação, sendo que os polimórficos foram utilizados para a montagem do dendrograma. O coeficiente utilizado foi o de Jaccard e o agrupamento pelo método UPGMA utilizando como outgroup a cultivar Redenção. Com base no dendrograma gerado a partir das análises os genótipos RVTZ pl#164 e RVTZ pl#143, ambos com alto teor de zingibereno, apresentaram maior proporção de recuperação do genoma recorrente e serão utilizados em novos ciclos de retrocruzamento.

Palavras-chave: zingibereno; retrocruzamento; *Solanum habrochaites* var. *hirsutum*

SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES ISSR VISANDO A OBTENÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATE RESISTENTES A ARTRÓPODES-PRAGA

Giselli Aldaiane Almeida Rocha¹; João Ronaldo Freitas de Oliveira¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende³; Daiane Secco¹, Renato Barros de Lima Filho¹, Paulo Roberto Da-Silva¹

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil.
*jvresende@uol.com.br

Um dos grandes desafios da tomaticultura brasileira é o controle de pragas. As cultivares de tomate disponíveis atualmente apresentam boas características de mercado e rendimento, no entanto baixa resistência a pragas o que pode comprometer a produção. O desenvolvimento de cultivares com resistência genética a pragas tem recebido especial atenção dos melhoristas. A seleção assistida por marcadores moleculares em programas de retrocruzamentos que visam selecionar genótipos resistentes a pragas, pode reduzir o tempo e os custos, por propiciar ganho de ciclos de retrocruzamentos se comparado ao convencional. A recuperação do genoma recorrente é uma abordagem que apode acelerar a recuperação das características comerciais de uma linhagem. Assim, o objetivo do presente trabalho foi identificar genótipos, oriundos de retrocruzamento com maior recuperação do genoma da cultivar recorrente 'Redenção' utilizando marcadores ISSR (*Inter-simple sequence repeat*). Os materiais genéticos avaliados na presente pesquisa são plantas de tomate da geração F₂RC₂, oriundas do cruzamento entre *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* PI-127826 (alto teor de zingibereno) e *Solanum lycopersicum* cv. 'Redenção' (variedade comercial). A geração F₂RC₂ foi fenotipada para teor de zingibereno, com base nos resultados da fenotipagem foram selecionados seis genótipos que apresentavam alto teor de zingibereno e dois com baixo teor de aleloquímico e estas juntamente com os parentais foram analisadas com o uso de marcadores ISSR. Foram utilizados 10 *primers* ISSR, todos apresentaram produto de amplificação. Estes *primers* produziram 82 fragmentos, variando no tamanho de 250 a 1500pb. Desses fragmentos 69 foram polimórficos e utilizados para a montagem do dendrograma. O coeficiente utilizado foi o de Jaccard e o agrupamento pelo método UPGMA utilizando como outgroup a cultivar Redenção. Com base no dendrograma gerado a partir das análises os genótipos RVTZ pl#250 e RVTZ pl#143, ambos com alto teor de zingibereno, apresentaram maior proporção de recuperação do genoma recorrente. Estes genótipos, que combinaram alta concentração de zingibereno e maior recuperação do genoma recorrente, serão utilizados para novos ciclos de retrocruzamento.

Palavras-chave: zingibereno; retrocruzamento; *Solanum habrochaites* var. *hirsutum*.

SELEÇÃO DE CLONES DE MORANGUEIRO A PARTIR DE CRUZAMENTOS INTRAESPECÍFICOS

Eneide Barth¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende^{2*}; André Ricardo Zeist²;
Nathalia Campos Vilela Resende³; Daniele Aparecida Nascimento⁴ Giselli
Aldaiane Almeida Rocha²

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina;

²Universidade Estadual do Centro-Oeste; ³Universidade Federal de Lavras;

⁴Faculdade Campo Real. *Autor para correspondência: jresende@unicentro.br

O desenvolvimento de cultivares nacionais adaptadas às condições climáticas do Brasil e com aptidão definida podem atender as especificidades do mercado consumidor e industrial. Híbridos com melhor equilíbrio de atributos podem ser obtidos com a avaliação simultânea de características por meio da aplicação de índices de seleção, especialmente nas etapas iniciais do melhoramento, quando há um grande número de seedlings. Desta maneira, com o objetivo de identificar híbridos superiores, obtidos a partir do cruzamento entre sete cultivares comerciais, foram selecionados materiais mediante aplicação dos índices de seleção não paramétricos Mulamba e Mock (1978) e Genótipo-ideótipo e, índice paramétrico de Smith (1936) e Hazel (1943). Para cada índice foram atribuídos dois conjuntos de pesos econômicos distintos para mesa e indústria. O experimento foi conduzido em Blocos Aumentados de Federer e os dados foram tratados por meio do Programa Estatístico Genes. Foram avaliadas as características de produção: número de frutos comerciais, massa média de frutos comerciais, massa de frutos não comerciais e massa total de frutos. Também foram avaliadas características de qualidade dos frutos (pH, sólidos solúveis, acidez titulável, relação sólidos solúveis/acidez titulável, açúcares redutores, compostos fenólicos, pectina) e de compostos bioativos (ácido ascórbico, compostos fenólicos e antocianinas). Foram 14 características submetidas à aplicação dos três índices, simultaneamente, o que proporcionou a identificação de grande frequência de híbridos obtidos a partir de cruzamentos onde Camarosa foi o genitor feminino e Aromas genitor masculino. O cruzamento com maior número de híbridos selecionados foi Camarosa x Sweet Charlie tanto para mesa quanto para indústria. A atribuição de pesos distintos para indústria e mesa, resultou em diferente seleção e classificação dos híbridos, exceto o Índice de Smith (1936) e Hazel (1943). Destacam-se os híbridos 137 (RVCS10) para mesa e 194 (RVCA16) para indústria, respectivamente.

Palavras-chave: *Fragaria* x *ananassa* Duch., índices de seleção, aptidão, melhoramento genético do morangueiro.

SELEÇÃO DE DESCRITORES EM HÍBRIDOS DE ABÓBORA POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Françoise Dalprá Dariva^{1*}; Flávia Maria Alves¹; Igor Oliveira Pontelo¹; Mariane Gonçalves Ferreira¹; Herika Paula Pessoa¹; Carlos Nick¹

¹Universidade Federal de Viçosa-MG, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia. Av. P.H. Rolfs, Campus Universitário, CEP 36570-900 – Viçosa, MG – Brasil. *fran_dariva@hotmail.com

A cultura da abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) em consequência de seu hábito de crescimento e longos entrenós, é cultivada em baixa densidade. A presença do gene *Bush* em homozigose dominante, nesse gênero, geralmente produzem plantas com entrenós reduzidos, “tipo moita”. Esse crescimento mais compacto, além de facilitar a colheita e o manejo dos tratos culturais, permite que se conduza um número maior de plantas por área, aumentando assim a produtividade. Dessa forma, a introgressão desses alelos dominantes em cultivares comerciais de abóbora, torna-se uma estratégia vantajosa do ponto de vista econômico. No entanto, o processo de seleção é dificultado, uma vez que são escassos os trabalhos que estabelecem as variáveis que mais contribuem para a seleção das características fenotípicas associadas ao “tipo moita”. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar as variáveis que possuem maior influência na seleção de híbridos de abóbora altamente produtivos, com hábito de crescimento tipo moita e padrão de formato de fruto “menina brasileira”. Neste experimento foram avaliadas dezoito características fenotípicas de 16 híbridos, provenientes do cruzamento entre as cultivares comerciais Piramoita® e Zapallo de Tronco®, portadoras do gene *Bush*, e os acessos BGH-1922, BGH-4585, BGH-5257, BGH-4628, BGH-7661, BGH-1956, BGH-4360, BGH-5253, BGH-5621 e BGH-7663 do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, reconhecidos por apresentarem alto potencial produtivo e formato de fruto padrão “menina brasileira”. As mudas foram transplantadas para o campo 20 dias após a semeadura, com espaçamento de 3,0 x 3,0m. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições e cinco plantas por parcela, sendo que somente as três plantas centrais foram consideradas úteis. As variáveis fenotípicas foram submetidas a análise de componentes principais no Software Genes. As variáveis fenotípicas que mais contribuíram para a discriminação das combinações híbridas foram o comprimento da polpa do lado do pedúnculo, peso total de frutos não comerciais, número de dias para abertura da primeira flor feminina, espessura da casca e número de dias para a abertura da primeira flor masculina, as quais contribuem com aproximadamente 87% da variabilidade das combinações híbridas estudadas. Portanto, essas são as variáveis mais importantes para a utilização nos programas de melhoramento para fins de seleção.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*; gene *Bush*; componentes fenotípicos.

Agradecimentos: Os autores agradecem a FAPEMIG pelo apoio financeiro; ao suporte da UFV e aos funcionários da “Horta Experimental” pela contribuição prestada nas atividades de campo.

SELEÇÃO DE LINHAGENS MANTENEDORAS DA MACHO-ESTERILIDADE PELO USO DE MARCADORES MOLECULARES EM TRÊS CULTIVARES DE CEBOLA EM SANTA CATARINA

Dediel Rocha^{1*}, Daniel Pedrosa Alves¹, Edivânio Rodrigues de Araújo¹, Gerson Henrique Wamser¹, Ester Wickert², Adriana Pereira²

¹Epagri – Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina / Estação Experimental de Ituporanga; ²Epagri / Estação Experimental de Itajaí. * E-mail do autor para correspondência: dedielrocha@epagri.sc.gov.br.

O plantio de híbridos de cebola no Brasil tem aumentado nos últimos anos e tem chamado a atenção dos produtores pela maior produtividade e uniformidade de bulbos. No entanto, muitos desses híbridos foram desenvolvidos em outros países, apresentando vários problemas de adaptação. A produção de sementes de híbridos de cebola requer o conhecimento dos sistemas de macho-esterilidade e o uso de uma linhagem macho-estéril, uma linhagem mantenedora e uma linhagem polinizadora. A macho-esterilidade na cebola é determinada pela interação de genes citoplasmáticos e nucleares, sendo que o uso de marcadores moleculares para caracterização do tipo de citoplasma e do gene nuclear, podem acelerar o desenvolvimento de híbridos de cebola adaptado às condições do Brasil. O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens mantenedoras da macho-esterilidade pelo uso de marcadores moleculares. Folhas jovens de três cultivares de cebola foram coletadas para análise e extração de DNA. Foram avaliadas 100 plantas para cada cultivar: “Epagri 363 Superprecoce” “Empasc 352 Bola Precoce” e “Epagri 362 Crioula Alto Vale”. A identificação do tipo de citoplasma foi realizada de acordo com marcadores baseados em PCR, desenvolvidos para identificação dos tipos de citoplasmas “S”, “T” e “N”. A identificação de plantas, contendo alelos recessivos para o gene restaurador da fertilidade, foi realizada utilizando o conjunto de primers (AcSKP1) que amplifica uma região polimórfica ligada ao loco Ms. Os três tipos de citoplasma mostraram-se presentes nas populações em estudo. O cultivar “Superprecoce” apresentou predominância do citoplasma N (73%), enquanto o cultivar “Crioula” apresentou os tipos de citoplasmas N e T, com 57% e 41%, respectivamente. O citoplasma T foi o mais frequente no cultivar “Bola Precoce” (62%), seguido pelo citoplasma N (38%). O citoplasma tipo S mostrou-se em baixa frequência em todos cultivares. A combinação de citoplasma N e gene nuclear recessivo, necessário para desenvolvimento de linhagem mantenedora, foi maior no cultivar “Superprecoce” (12%), enquanto essa combinação foi de apenas 2,3% em “Bola Precoce” e 4% no cultivar “Crioula”. Os resultados detectados permitiram a seleção direta de 19 plantas, que foram utilizadas em cruzamentos teste para validação e determinação da acurácia do marcador do gene Ms no germoplasma brasileiro de cebola.

Palavras-chave: *Allium cepa*; macho-estéril; loco Ms; CMS

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina pela disponibilização de recursos.

SELEÇÃO RECORRENTE EM ERVA-CIDREIRA [*Lippia alba* (Mill.) N. E. Br.]. VISANDO MAIOR PRODUÇÃO DE ÓLEO ESSENCIAL

Alisson Marcel Souza de Oliveira^{1*}; Vanderson dos Santos Pinto¹; José Carlos Freitas de Sá Filho¹; Luiz Fernando de Andrade Nascimento¹; Thiago Matos Andrade¹; Mércia Freitas Alves²; Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. ²Universidade Federal de Uberlândia. *E-mail do autor para correspondência: alisson182001@yahoo.com.br.

A Erva-cidreira brasileira [*Lippia alba* (Mill.) N. E. Br.] (Verbenaceae) é uma planta nativa, bastante rústica e vigorosa. Seu potencial econômico gira em torno do óleo essencial produzido principalmente pelas folhas, o qual é formado por terpenos que apresentam importantes atividades biológicas, farmacológicas e aromatizantes. A produção do óleo essencial é diretamente influenciada pelo genótipo e pelo ambiente de cultivo, desta maneira o objetivo do presente trabalho foi avaliar a eficiência no primeiro ciclo de seleção recorrente para as variáveis ligadas a produção de óleo essencial, como a massa seca de folhas, o rendimento de óleo essencial por planta e o teor de óleo essencial produzido. Foi realizado o primeiro ciclo de seleção recorrente com a utilização de genitores do Banco Ativo de Germoplasma da UFS (LA-03, LA-56, LA-57, LA-70), nas condições edafoclimáticas do município de São Cristóvão - SE. As avaliações de massa seca de folhas (g), rendimento de óleo essencial por planta (mL.pl⁻¹) e o teor de óleo essencial (%) das progênies resultantes da seleção recorrente (LA-03-01, LA-03-06, LA-56-01, LA-56-03, LA-56-04, LA-57-01, LA-57-02, LA-57-03, LA-57-07, LA-57-10, LA-70-01 e LA-70-03), juntamente com seus genitores, foram realizadas sob um delineamento de blocos casualizados com três repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância, as médias dos genótipos foram agrupadas pelo teste de scott-knott ($p=0,05$), e foram calculadas as estimativas dos contrastes entre os genitores e as progênies. As médias dos genitores foram maiores que a médias das progênies para todas as características estudadas. Verificou-se pelo teste de scott-knott que os genitores, com exceção apenas do LA-70, juntamente com as progênies LA-56-03, LA-57-01 e LA-57-03 apresentaram os maiores valores para massa seca de folhas com médias que variaram de 38% para o genótipo LA-57 até 53,31% para o genótipo LA-03. O genitor LA-03 obteve o maior rendimento de óleo essencial por planta (1,66 mL.pl⁻¹), seguidos dos genótipos LA-56, LA-57, LA-56-03 e LA-70. Os genitores LA-03, LA-57 e LA-70 apresentaram também os maiores teores de óleo essencial (3,13; 2,64 e 2,76% respectivamente), não diferindo da progênie LA-57-10 com valor médio de 2,84 %. A partir dos resultados obtidos pode-se concluir que não foi encontrado aumento significativo no primeiro ciclo de seleção recorrente para as características estudadas, em relação à média dos genitores.

Palavras-chave: Ganho Genético; melhoramento vegetal; planta medicinal

Agradecimentos: À Universidade Federal de Sergipe (UFS), ao CNPq, CAPES e FAPITEC/SE.

TEMPERATURA BASE EM ESPÉCIES DE TOMATEIRO

Fernanda Novelli Negrão^{1*}; André Ricardo Zeist¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende¹; Marcos Ventura Faria¹; André Gabriel^{1*}; Ricardo Antônio Zeist¹; Talia Aksenen¹

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste. *fer.novelli04@gmail.com

A variabilidade das respostas de acessos silvestres de tomateiro à temperatura do ar pode ser uma maneira de possibilitar em longo prazo a obtenção de cultivares que se desenvolvam mesmo em condições de maior amplitude térmica. A estimativa da temperatura base do ar que limita a emissão de folhas ou de nós de uma determinada espécie é comumente realizado por meio de modelos matemáticos que simulam o desenvolvimento em função da soma térmica necessária. O objetivo com este trabalho foi estimar a temperatura base para emissão de nós em espécies de tomateiro. Na condução do experimento utilizou-se delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, constituída cada parcela por três plantas. Foram avaliados seis acessos silvestres (*Solanum pimpinellifolium* acesso 'AF 26970', *Solanum galapagense* acesso 'LA-1401', *Solanum peruvianum* acesso 'AF 19684', *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* acesso 'PI-127826', *Solanum habrochaites* var. *glabratum* acesso 'PI-134417' e *Solanum pennellii* acesso 'LA-716') e a cultivar comercial Redenção (linhagem de *Solanum lycopersicum* com características para processamento) e em três datas de transplante: 22/12/2015, 12/02/2016 e 06/04/2017. A estimativa da temperatura base (T_b) foi realizada utilizando-se a metodologia do menor quadrado médio do erro da regressão linear entre o número de nós na haste principal e a soma térmica acumulada. Para o cálculo da soma térmica diária foram testados no modelo matemático, valores de T_b que variaram de 0 a 20°C com intervalos de 0,5°C. De modo geral, entre as três datas, houve pouca variação da temperatura base estimada. Os menores valores de T_b foram verificados para as espécies silvestres *S. habrochaites* var. *hirsutum* acesso 'PI-127826' e *S. habrochaites* var. *glabratum* acesso 'PI-134417', com valores variando de 3,5 (06/04/2016) a 6,5°C (22/12/2015) e 3,5 (06/04/2016) a 5,5 (22/12/2015), respectivamente. Ao contrário, para os demais genótipos foram verificados maiores valores de T_b, que variaram de 11 a 15°C. Os genótipos silvestres de tomateiro *S. habrochaites* var. *hirsutum* acesso 'PI-127826' e *S. habrochaites* var. *glabratum* acesso 'PI-134417' demonstram ser interessantes recursos genéticos para os programas de melhoramento que visarem o desenvolvimento de genótipos de tomateiro que desenvolvam-se vegetativamente mesmo com menor disponibilidade térmica.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, acessos silvestres, soma térmica, pré-melhoramento genético.

TOLERÂNCIA AO CALOR APÓS VINTE ANOS DE PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE BATATA DA UFLA

Albania José Patiño Torres¹; Mario Henrique Murad Leite Andrade²; Márcio Lisboa Guedes²; Isabella Cristina Cavallin³; Rafaela Pereira Carvalho²; César Augusto Brasil Pereira Pinto²

¹ Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz-USP. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. ² Universidade Federal de Lavras. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. ³ Universidade Federal de Viçosa. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. *Email: albaniajose@gmail.com

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é cultivada sob condições de clima temperado, subtropical e tropical. Quase a totalidade da área plantada no Brasil utiliza cultivares desenvolvidas em países de clima temperado, acarretando desempenho produtivo inferior ao potencial devido à influência das condições ambientais, principalmente no referente à temperatura. Este trabalho visou avaliar os avanços alcançados para tolerância ao calor no programa de melhoramento genético de batata da Universidade Federal de Lavras (UFLA) no período 1996-2016 e simultaneamente, procurou identificar clones com melhor desempenho que as cultivares comerciais nos diversos segmentos de mercado, tanto em condições de estresse de calor como sob temperaturas amenas. Foram realizados quatro experimentos em condições contrastantes de temperatura, em que foram avaliados 57 clones da UFLA e cinco cultivares como testemunhas: Agata, Asterix, Atlantic, Cupido e Markies. Foram analisados os seguintes caracteres: produtividade de tubérculos, produtividade de tubérculos graúdos, matéria seca, ciclo vegetativo, porcentagem de tubérculos embonecados e/ou rachados, período de enchimento dos tubérculos e componentes da aparência geral. A avaliação da estabilidade dos genótipos, assim como a discriminação entre ambientes foi realizada utilizando o método GGE -Biplot (*Genotype and Genotype-Environment Interaction*). Foi detectado que os genitores de cada fase do programa de melhoramento influenciaram o desempenho quanto à qualidade visual, produtividade e estabilidade. Foram identificados vinte clones tolerantes e responsivos para produtividade de tubérculos, teor de matéria seca e aparência geral. Dois deles são indicados para o mercado do tubérculo *in natura* (mesa), quatro para o processamento industrial na forma de palitos pré-fritos e sete para chips. Esta classificação foi baseada nas exigências de cada segmento do mercado em relação ao teor de matéria seca e atributos visuais. Estes genótipos podem ter um desempenho bem acima das cultivares atualmente em uso quando plantados nos campos dos produtores, uma vez que nesses locais o estresse não ocorre com a intensidade observada neste trabalho. O programa de melhoramento genético de batata da UFLA tem gerado clones superiores às cultivares comerciais para os diversos segmentos de mercado, tanto em condições de estresse de calor como sob temperaturas amenas.

Palavras-chave: Estresse abiótico; Melhoramento genético; *Solanum tuberosum*.

VARIABILIDADE GENÉTICA VISANDO O POTENCIAL ORNAMENTAL DE ACESSOS DE *Capsicum* spp.

Alessandro A. B. dos Santos^{1*}; Valdete C. Ambrozio¹; Thallita S. Guimarães²; Thaysa C. M. Gomes²; Alex J. S. Floriano²; Bianca A. M. Lourenço²; Peterson B. da Luz²

¹Universidade Estadual de Maringá, PR, Brasil, Departamento de Agronomia.

²Universidade do Estado de Mato Grosso, MT, Brasil, Departamento de Agronomia.

*Email: alessandro.agrocerrado@hotmail.com

O mercado de pimentas para fins ornamentais é um setor recém explorado, mas com grande potencial de crescimento no ramo de floricultura e paisagismo. As pimenteiras que possuem folhagem variegada, porte baixo, frutos com coloração variada em seus diferentes estádios de maturação, contrastando com as folhagens, já são utilizadas como plantas ornamentais, cultivadas e comercializadas em vasos. Embora haja grande potencial de mercado para as pimentas com fins ornamentais, no Brasil são poucas as variedades comerciais destinadas a este propósito. Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética visando o potencial ornamental de acessos de *Capsicum* spp. através de modelos biométricos. O trabalho foi realizado na Universidade do Estado de Mato Grosso-UNEMAT/Cáceres-MT. Foram utilizados cinquenta e cinco acessos de *Capsicum* spp, existentes na coleção de germoplasma da UNEMAT. O Delineamento experimental utilizado foi o em blocos casualizado (DBC), sendo três blocos, com três plantas em cada parcela. Para a realização da caracterização morfoagronômica dos acessos de *Capsicum*, foram avaliadas diferentes partes das plantas, avaliando-se 11 variáveis quantitativas para quantificar a variabilidade genética dos acessos. Os procedimentos estatísticos foram realizados empregando o recurso computacional GENES. De acordo com os resultados encontrados, ficou evidenciada a presença de variabilidade genética na população em estudo, o que é bastante favorável ao melhoramento na medida em que a heterogeneidade genética possibilita a obtenção de ganhos por meio de seleção. Quanto aos resultados de cargas canônicas, é possível observar que a seleção baseada no terceiro e quarto par de cargas canônicas resultariam em ganhos para a ornamentação. O terceiro par de correlações canônicas, com correlação de 0,51, associa plantas com área do dossel compacto-densa, com comprimento e largura de dossel menores e de pequeno porte, associado com folhagens estreitas e de pecíolo grande, esta associação é vantajosa para ornamentação.

Palavras-chave: Pimenta; modelos biométricos; correlações canônicas.

VIABILIDADE DE GRÃOS DE PÓLEN E RECEPTIBILIDADE DO ESTIGMA EM ESPÉCIES DE TOMATEIRO

Ricardo Antônio Zeist^{1*}; André Ricardo Zeist³; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; André Gabriel⁴; Matheus de Lima Martins⁵; Matheus Hermann dos Santos⁵; Marcos Ventura Faria²

¹Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. E-mail: ricardo-zeist@ol.com.br ²Professor Associado – Departamento de Agronomia – UNICENTRO ³Pós doutorando em Agronomia – UNICENTRO ⁴Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO ⁵Graduando em Agronomia - Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO

Para garantir o sucesso no programa de melhoramento genético é necessário conhecer a biologia reprodutiva da planta e suas características para maximizar as taxas de pegamento dos cruzamentos. O objetivo deste trabalho foi avaliar viabilidade de grãos de pólen e receptibilidade de estigma em espécies de tomateiro. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, localizado no município de Guarapuava – PR Foram avaliados nove genótipos, sendo sete silvestres: *Solanum pimpinellifolium* acesso “AF 26970”; *Solanum galapagense* acesso “LA-1401”; *Solanum peruvianum* acesso “AF 19684”; *Solanum chilense* acesso “LA-1967”; *Solanum habrochaites* Var. *Hirsutum* acesso “PI-127826”; *Solanum habrochaites* Var. *Glabratum* acesso “PI-134417”; e *Solanum pennellii* acesso “LA-716”, e duas linhagens *Solanum lycopersicum*: Redenção e M8. As plantas foram conduzidas em casa-de-vegetação, em delineamento experimental inteiramente casualizado, com cinco repetições, constituída cada parcela de uma planta. O diagnóstico da receptividade do estigma foi realizado utilizando-se a técnica do peróxido de hidrogênio a 3%; e da viabilidade dos grãos de pólen por meio do teste histoquímico com solução 0,5% do corante cloreto de 2,3,5-trifenil tetrazólio (TCC) sem sacarose. Para cada repetição, em microscópio com aumento de 10x foram avaliados um conjunto de 10 estigmas e 1.000 grãos de pólen, respectivamente. A viabilidade de pólen apresentou grande variação, no estigma foi possível verificar que todos liberaram bolhas de ar. Foi verificado que *Solanum peruvianum* e as linhagens Redenção e M8, foram os que apresentaram melhores resultados, em relação a viabilidade de grão de pólen com 81,9; 90,4; e 89,0%, respectivamente. Ao contrário, *Solanum chilense* apresentou o menor viabilidade de grão de pólen de 2,0%. Por sua vez, o estigma da espécie *S. habrochaites*, demonstrou-se estigma pouco receptivo, com emissão de poucas bolhas e em baixa velocidade. Foi verificado que os estigmas de *Solanum pimpinellifolium*, *Solanum peruvianum*, *Solanum chilense*, *Solanum pennellii* e das linhagens Redenção e M8, foram muito receptivos, enquanto que os das espécies *Solanum galapagense* e *Solanum habrochaites* Var. *Glabratum* foram apenas receptivos.

Palavras-chave: Melhoramento genético.

Resumos dos Trabalhos de

Recursos Genéticos

ALGORITMO DE GOWER NA ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE PIMENTA

Rafael Walter^{1*}; Kezia Moraes Vieira¹; Virginia Silva Carvalho¹; Willian dos Santos Gomes¹; Rodrigo Miranda Barbosa; Naiara Lopes Brito¹; Roberta Aparecida de Sales¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
*rafaelwalter.bio@gmail.com

Estimar a variabilidade genética, por meio de descritores quantitativos e qualitativos, é de fundamental importância para se obter sucesso em programas de melhoramento de plantas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre 161 genótipos da geração F₂ juntamente com os genitores *Capsicum glabriusculum* (UENF 1750) x *C. annuum* var. *annuum* (UENF 2030), procedentes da Coleção de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente ao acaso. A avaliação foi feita com base em 16 descritores morfoagronômicos, dez qualitativos e seis quantitativos. As estimativas de dissimilaridade foram obtidas pela distância de Gower. A análise conjunta das variáveis quantitativas e qualitativas foi estimada com base no algoritmo de Gower. Por fim, foi realizado o agrupamento pelo método UPGMA e Ward. Houve variabilidade fenotípica entre os genótipos de pimenta estudados, principalmente para descritores relacionados aos frutos, que apresentaram diferenças acentuadas quanto ao tamanho, formato e coloração. No que se refere ao número de estádios de maturação, todas as progênies tiveram no mínimo três estádios de mudança de cor dos frutos, tornando-os atrativos para fins ornamentais. O formato alongado do fruto foi observado em 96 genótipos e no genitor UENF 2030. Já o formato triangular foi observado em 61 genótipos. O genitor UENF 1750 e mais quatro genótipos da geração F₂ exibiram frutos de forma arredondada. Foi possível observar que todos os genótipos apresentaram posição ereta de fruto e flor. A geração segregante obteve corola variando entre as cores roxa, branca, branca com margem roxa e roxa com a base branca. O método de agrupamento UPGMA apresentou a maior correlação Cofenética e dividiu os genótipos em oito grupos. A análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos resultou em maior eficiência na determinação da divergência genética entre os acessos avaliados, sendo uma alternativa viável e uma ferramenta importante para o conhecimento da variabilidade em bancos de germoplasma.

Palavras-chave: *Capsicum*; análise multivariada; recursos genéticos vegetais.

Agradecimentos: UENF e CAPES.

AMPLA VARIABILIDADE NA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE *JATROPHA CURCAS* L. DA UFV: IMPORTÂNCIA DO LOCAL DE COLETA, DA AMOSTRAGEM E DO MODO DE IMPLANTAÇÃO

Dandara Rêgo Muniz¹; Luiz Antônio dos Santos Dias^{1*}; Thais Roseli Corrêa¹; Erika da Costa Fernandes¹; Romero Lima Sousa¹; Ricardo Galvão de Freitas¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, 36.570-900, Viçosa, MG, Brasil. *E-mail: lasdias@ufv.br

Jatropha curcas L. é uma espécie de sistema reprodutivo misto, com predomínio de alogamia e agrega importantes atributos. Seu óleo (31%) é adequado para biocombustíveis. Essa planta não-alimentícia tem propagação sexuada e assexuada fácil e de baixo custo, é consorciável com anuais e perenes e seus extratos são potentes biocidas. Vários centros de pesquisas no mundo implementaram programas de melhoramento com ela, constituindo coleções de germoplasma de várias procedências. O programa de melhoramento de *J. curcas* da Universidade Federal de Viçosa (UFV) seguiu a mesma rota. De 2006 a 2008, foram coletados 77 acessos seminais, a maioria no norte mineiro. Em 2008 a coleção foi implantada em campo, em módulos de 20 acessos, dispostos em blocos casualizados, com quatro repetições, parcelas de quatro plantas e duas testemunhas comuns aos módulos. As primeiras avaliações ocorreram a partir do 52º mês de campo. Avaliaram-se caracteres morfoagronômicos e ampla variabilidade foi evidenciada. Recentemente, pesquisas envolvendo marcadores microsatélites foram conduzidas nessa coleção, ratificando a ampla variabilidade, em contraste com o observado em outras coleções nacionais e do exterior. Esse contraste pode ser explicado pelas três estratégias empregadas na formação da coleção da UFV. Primeiro a escolha do local de coleta. O norte mineiro se revelou importante centro secundário de diversidade. Provavelmente seu sistema reprodutivo, o contato humano com a espécie e seus múltiplos usos como planta medicinal e fornecedora de óleo possibilitaram a ampliação da variabilidade. Logo, ter concentrado a coleta no centro secundário de diversidade se mostrou uma estratégia bem sucedida. Outra estratégia foi a amostragem de coleta, quando matrizes foram amostradas seminalmente e representadas na coleção por 16 plantas. Espécies arbustivas e arbóreas tropicais detêm a maior parte da variabilidade dentro de populações. Esse princípio foi aplicado na coleta, amostrando-se maior número de plantas por matrizes. Por último, a disposição em campo em delineamento de blocos casualizados, no esquema modular, e com emprego de testemunhas comuns aos módulos. Além de possibilitar a instalação de novos acessos em diferentes tempos, essa implantação conferiu maior precisão nas avaliações fenotípicas. O emprego conjunto dessas estratégias certamente possibilitou a revelação de expressiva variabilidade genética na coleção de *J. curcas* da UFV.

Palavras-chave: Diversidade genética; caracteres morfológicos; marcadores moleculares.

Agradecimentos: Fapemig, Capes e CNPq.

ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO NATIVA DE *Myrcia lundiana* KIAERSK., UTILIZANDO MARCADORES ISSR

Mércia Freitas Alves^{1*}; José Magno Queiroz Luz¹; Arie Fitzgerald Blank²;
Alisson Marcel Souza de Oliveira²; Fabiany de Andrade Brito²; José Carlos
Freitas de Sá Filho²; Luís Fernando de Andrade Nascimento²

¹Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Av. Amazonas s/n, Uberlândia-MG, Brasil, 38400-902. ²Departamento de Engenharia Agrônômica, Universidade Federal de Sergipe, Av. Marechal Rondon s/n, São Cristóvão, Brasil, 49100-000. merciafreitas.alvs@gmail.com

A *Myrcia lundiana* Kiaersk é uma árvore da família das Myrtaceae, encontrada em áreas tropicais e subtropicais do hemisfério sul que produz óleo essencial. O objetivo deste estudo foi caracterizar a diversidade genética de uma população nativa de *M. lundiana* de uma população nativa do “Parque Nacional de Itabaiana” por meio de marcadores moleculares (ISSR). Trinta e cinco primers foram testados, sendo 20 polimórficos, resultando em 135 bandas polimórficas e informativas. Os resultados da análise de agrupamento, obtidos utilizando o método do grupo de pares não ponderado com média aritmética, agruparam as plantas em três grupos: Grupo I - MLU001, MLU002, MLU003, MLU004, MLU005, MLU006, MLU018, MLU019, MLU020, MLU021, MLU022; MLU008, MLU011, MLU012, MLU014, MLU015, MLU017, MLU026 e MLU028; Grupo II - MLU007, MLU009, MLU010, MLU013 e MLU016; e Grupo III - MLU023, MLU024, MLU025 e MLU027. Os coeficientes de similaridade de Jaccard para as comparações entre pares de plantas variaram entre 0,15 e 0,87. MLU014 e MLU015 apresentaram baixa diversidade genética, com índice de similaridade de 0,87. Inversamente, MLU007 e MLU019 apresentaram alta diversidade, com índice de similaridade de 0,15. De acordo com a análise da estrutura, foram formados três grupos distintos. A diversidade genética de plantas de *M. lundiana* foi intermediária, sendo necessária expansão de sua diversidade genética. MLU026 e MLU028 são os mais adequados para seleção em programas de melhoramento, pois representam claramente toda a diversidade presente nessas plantas. Além disso, esses resultados fornecem informações importantes sobre a variabilidade genética existente, destacando a importância do “Parque Nacional de Itabaiana” para a conservação desta espécie.

Palavras-chave: *Myrcia lundiana*; Diversidade; ISSR

SELEÇÃO DE CARACTERES DE INTERESSE EM MILHO CRIOULO ATRAVÉS DE ANÁLISES DE CORRELAÇÃO

Jéssica Argenta^{1*}; Bianca de Oliveira Machado²; Ariel Rizzardo³; Jefferson Gonçalves Acunha⁴; Noryam Bervian Bispo⁵.

¹Universidade Federal do Rio Grande do Sul. ^{2,3,5} Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – Campus Sertão. ⁴ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – Campus Bento Gonçalves. *jessica.argenta@ufrgs.br

As populações de milho crioulo são a parte da biodiversidade genética do milho mais útil aos programas de melhoramento por serem adaptadas localmente. Ainda em melhoramento, a seleção indireta pode, muitas vezes, resultar em progressos genéticos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. O objetivo deste estudo foi realizar a correlação entre caracteres de populações de milho crioulo coletadas nas regiões N e NE do Rio Grande do Sul, com intuito de avaliar seu potencial de utilização em programas de melhoramento. O experimento foi realizado na safra de 2015/2016. As parcelas foram constituídas de 8 m de comprimento, espaçadas a 0,80 m, com população de 40.000 plantas ha⁻¹. Foram coletadas 15 amostras, para avaliar caracteres de espiga através de análises de correlações de Pearson. Os caracteres avaliados foram: diâmetro da espiga (DE); comprimento da espiga sem a palha (CE); número de grãos por fileira (GF); peso da espiga (PE); diâmetro do sabugo (DS); rendimento de grãos (RG); peso de mil grãos (PMG); espigas por metro quadrado (EM); número de dias da emergência até florescimento feminino (FF); e número de dias da emergência até o florescimento masculino (FM). Houve uma correlação positiva entre DE e FE (0,69), e DS com FE (0,80), uma vez que pode-se inferir que quanto maior o diâmetro maior a quantidade de fileiras por espiga, desse modo também quanto maior o diâmetro do sabugo, maior o diâmetro da espiga (0,77). O RG apresentou correlação com DE (0,31) e com PE (0,29) que pode ser considerada fraca, e com os demais caracteres não houve correlações significativas. Ainda houve correlação positiva de DE com PE (0,65) e de DS com PE (0,62). Já FF com FM correlacionaram-se maneira forte (0,82). Para o caractere CE houve uma correlação positiva moderada com FM (0,53) e FF (0,54). PMG possui correlação negativa com FM (-0,39) e FF (-0,44), provavelmente devido ao fato de quanto maior a duração em dias até o período reprodutivo maior é o gasto de energia para formação da estrutura vegetativa, que poderia ser utilizado para formação de grãos. O mesmo ocorre com o caractere RG em relação ao FM e FF. A baixa correlação para a maioria dos caracteres avaliados deve-se principalmente a heterogeneidade do material analisado. Os resultados demonstraram variabilidade genética, propondo que os acessos coletados podem assistir um futuro programa de melhoramento genético na região.

Palavras-chave: landraces; variabilidade genética; *Zea mays*.

ANÁLISE DE CORRELAÇÃO ENTRE ACESSOS DE *Capsicum* EM REAÇÃO AO FUNGO *Colletotrichum gloeosporioides*

Lorran Yves Machado de Sousa¹; Alan Chrisleyr Maracahipes¹; Jefferson Wesley da Silva Correa¹; Kelly Lana Araújo², Leonarda Grillo Neves²

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. ²Universidade do Estado de Mato Grosso. lorranyves@hotmail.com

A antracnose está entre as principais doenças da cultura *Capsicum*. É causada por diferentes espécies do gênero *Colletotrichum*, que pode resultar em grandes danos ao cultivo deste gênero. Estudos com o objetivo de buscar cultivares resistentes a doenças são essenciais para reduzir as perdas financeiras e agrícolas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a correlação entre as variáveis analisadas para selecionar genótipos de *Capsicum* resistentes ao fungo *Colletotrichum gloeosporioides*. O delineamento experimental foi inteiramente ao acaso com três repetições, 88 tratamentos, quatro frutos maduros e quatro frutos verdes por repetição. Os acessos de *Capsicum* de BAG da UNEMAT foram avaliados quanto à resistência ao fungo. Os frutos foram coletados de cada parcela e levados ao laboratório para desinfestação. A lesão foi realizada na região média do fruto utilizando uma agulha esterilizada, onde foi depositada uma gota de suspensão de esporos, ajustada para 10^6 esporos mL⁻¹. Uma gota de água ultrapura foi depositada nos frutos controle de cada parcela. Os frutos foram colocados em câmara úmida e a avaliação foi realizada pela mensuração do diâmetro e do comprimento da lesão de cada fruto utilizando um paquímetro digital durante o período de 11 dias. Após a obtenção dos dados, foram realizadas análises de variância, correlação e análise de trilha utilizando o software Genes e R. De acordo com o teste de razão de verossimilhança, os efeitos dos genótipos (G), do estágio de maturação do fruto (F) e da sua interação (G x F) foram significativas ($p < 0,05$). Houve diferenças entre as magnitudes das correlações genotípicas de acordo com o estágio de maturação do fruto. Diferentes variáveis devem ser levadas em conta para uma seleção indireta nesta cultura em função do estágio de maturação do fruto, já que a variável AACPD é um critério importante para a seleção dos acessos resistentes. Verificou-se, através da análise de trilha, que as variáveis DLA50DF e DLA50CF exerceram os maiores efeitos sobre o AACPD.

Palavras-chave: Antracnose, Componentes de resistência, Pimentas.

Agradecimentos: UNEMAT, FAPEMAT e CAPES

ANÁLISE QUÍMICA E POTENCIAL ANTIOXIDANTE DE ACESSOS DE *Croton grewoides* BAILL.

Fabiany de Andrade Brito^{1*}; Juliana Oliveira de Melo^{1*}; Camila Santos Almeida-Pereira¹; Alisson Marcel Souza de Oliveira¹; Ana Mara de Oliveira e Silva¹; Paulo Cesar de Lima Nogueira¹, Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *fabi_andradebr@hotmail.com

A família de vegetais Euphorbiaceae, possui cerca de 300 gêneros e 7500 espécies. *Croton* se destaca como segundo maior gênero. Entre as espécies desse gênero está *Croton grewoides* Baill, planta aromática do semi-árido brasileiro, que possui óleo essencial com propriedades antimicrobiana, inseticida e antidiarréica. Estudos envolvendo atividade antioxidante utilizando óleos essenciais extraídos de plantas tem se mostrado eficientes, retardando processos oxidativos e impedindo ou diminuindo a ação de radicais livres. O objetivo do estudo foi avaliar o potencial antioxidante dos óleos essenciais de seis acessos de *C. grewoides*. As folhas dos acessos CGR-101, CGR-106, CGR-107, CGR-112, CGR-113 e CGR-124 foram coletadas no Banco Ativo de Germoplasma localizado na Fazenda Experimental Campus Rural da UFS, São Cristóvão/SE. As folhas foram secas a 40°C e a extração dos óleos essenciais foi realizada por hidrodestilação em equipamento Clevenger modificado, por 120 min. A análise química foi feita por CG/EM/DIC. A avaliação da atividade antioxidante foi realizada pelo método DPPH (2,2-di-(4-tercoctilfenil)-1-picril hidrazila) medindo a capacidade de sequestro de radicais livres. Os óleos essenciais foram testados na concentração de 10 µL.mL⁻¹ em placas de elisa e a leitura foi realizada em espectrômetro a 515 nm. Os ensaios foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado com três repetições e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott (0,05%). Na análise química dos óleos essenciais, foram identificados como compostos majoritários: metil chavicol (34,0%), metil eugenol (45,2%) e eugenol (15,8%) no acesso CGR-101, metil chavicol (95,4%) em CGR-106, eugenol (89,2%) em CGR-107, metil eugenol (56,4%) e eugenol (40,9%) em CGR-112, metil eugenol (100%) em CGR-113 e (E)-isoosmorhizol (45,8%) e (Z)-isoosmorhizol (23,5%) em CGR-124, sendo o acesso de composição química mais divergente comparado aos outros testados. O acesso CGR-124 foi o que apresentou 100% de atividade antioxidante. Já CGR-112 e CGR-113 não diferiram estatisticamente (69,84-71,3%). Houve 21,16% de atividade para CGR-101 e os acessos CGR-106 e CGR-107 apresentaram resultados mais baixos (8,9-8,04%). Sendo assim, o acesso CGR-124 possui maior potencial antioxidante.

Palavras-chave: Metabólito secundário, eugenol, DPPH.

Agradecimentos: UFS, CNPq, CAPES, GPMACO.

AValiação DA AGRESSIVIDADE DE SEIS ISOLADOS DE *Rhizoctonia solani* EM ACESSOS DE MELANCIA

Francine H. Ishikawa^{1*}, Fábio Sanchez da Cunha¹; Jefité Gabriel de L. Alves¹;
Antonio Elton da S. Costa¹; Kecia Mayara G. de Araújo¹; Alexandre S.
Capucho¹

¹Universidade Federal do Vale do São Francisco.

*E-mail: francine.hiromi@univasf.edu.br.

Este trabalho teve como objetivo determinar a agressividade de seis isolados de *Rhizoctonia solani* em três acessos de melancia pertencentes ao Banco de Hortaliças da Univasf. Os acessos BHG128, BGH321 e BGH395 foram autofecundados para utilização. Os isolados CMM1053, CMM2967, CMM1052, CMM2983, CMM2971 e CMM3890 são provenientes da Coleção profa. Maria Menezes da UFRPE. O experimento fatorial (3x6) foi montado em delineamento inteiramente casualizado sendo utilizadas 5 repetições, com duas plantas por repetição. Para inoculação, foi utilizado como inoculo o arroz infestado. Para isso, Erlenmeyers de 250 ml contendo 50g de arroz parbolizado e 30 ml de água destilada foram autoclavados (120°C, 15 min, 1atm). Resfriado o arroz, foi adicionado ao meio 3 discos de micélios de 3 mm de diâmetro de cada isolado crescido por 7 dias em BDA. Após os 7 dias de incubação foi realizada a inoculação. Os acessos foram semeados em bandejas de 200 células, utilizando o substrato comercial Topstrato®. As plântulas foram inoculadas quando a primeira folha verdadeira estava completamente expandida, a inoculação se deu com a adição de dois grãos de arroz infestados próximos ao hipocótilo da plântula. Quinze dias após a inoculação foi realizada a avaliação, utilizando uma escala de notas descritiva própria para o patossistema, com as notas variando de 0 a 4 sendo que: 0= sem sintomas; 1=hipocótilo com pequenas lesões; 2=hipocótilo com grandes lesões, sem constrição; 3= hipocótilo totalmente constricto, mostrando tombamento; 4=sementes não germinadas e/ou plântulas não emergidas. Após a classificação os dados foram corrigidos utilizando o índice de severidade de McKinney. Os dados de severidade foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott utilizando o programa estatístico R Core Team. De acordo com a análise de variância a interação Isolados x Acessos foi significativa. O acesso BGH128 se mostrou mais resistente entre os acessos, sendo BGH321 e BGH395 suscetíveis a todos os isolados. Para a análise dos isolados dentro de cada nível de acesso, não houve diferença estatística entre a agressividade dos isolados quando inoculado no acesso BGH321, apresentando agressividade superior à 95%. No acesso BGH395 os isolados mais agressivos foram o CMM1053, CMM3890, CMM2971 e CMM1052, respectivamente, e para o acesso BGH128 apenas o isolado CMM1053 foi considerado agressivo atingindo um índice de severidade de 67,5%. Portanto o acesso BGH128 mostrou-se promissor como fonte de resistência à rizoctoniose.

Palavras-chave: melhoramento; rizoctoniose; resistência genética.

Agradecimentos: UFRPE, Capes e CNPq

AValiação DE GERMOPLASMA DE CACAU COM FOCO EM CONSERVAÇÃO GENÉTICA

Maria Eduarda da Silva Guimarães^{1*}; Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho²;
Augusto Soares Lins Pantaleao³; Martha Freire da Silva⁴; Luiz Antônio dos Santos Dias⁵; Caio Márcio Vasconcellos Cordeiro de Almeida⁶; Carlos Alberto Spaggiari Souza⁷

1; 2; 3; 4; 5Universidade Federal de Viçosa (UFV). ⁶; ⁷Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (CEPLAC). *E-mail do autor para correspondência: maria.eduarda.ufv@gmail.com.

As sementes fermentadas e secas do cacauero (*Theobroma cacao* L.) constituem a matéria-prima para a produção de chocolate, cuja cadeia produtiva envolve 60 bilhões de dólares anuais. Há grande interesse na conservação genética do cacau visando exploração da variabilidade nos programas de melhoramento. O objetivo do presente estudo foi avaliar a variabilidade e seu padrão de distribuição dentro e entre populações de diferentes bacias hidrográficas. Para a avaliação foram coletados, durante quatro anos consecutivos, dados morfológicos de 145 acessos clonais provenientes de nove bacias hidrográficas: 1. Delta/estuário-PA, 2. Ji-Paraná-RO, 3. Solimões/Amazonas-PA, 4. Jamari-RO, 5. Clones alienígenas-TTO, 6. Clones alienígenas-PER, 7. Solimões/Amazonas-AM, 8. Acre-AC e 9. Clones melhorados-RO. Foram avaliadas oito características: NTFS (Número total de frutos sadios), MSUFS (Massa de sementes úmidas dos frutos sadios, em g), MMSUFS (Massa média de sementes úmidas por fruto sadio, em g), PFVB (Porcentagem de frutos com vassoura-de-bruxa), PFBR (Porcentagem de frutos com broca), PFSGE (Porcentagem de frutos com sementes germinadas), NRVB (Número de ramos com vassoura-de-bruxa), NAFVB (Número de almofadas florais com vassoura-de-bruxa). Os clones pertencem ao Banco de Germoplasma da Estex-OP, localizado em Ouro Preto do Oeste-RO, Brasil. Dados das oito características foram analisados por meio de análises de variância (ANAVAs) e da distância de Mahalanobis (D^2) entre as bacias. Houve diferenças significativas ($P < 0,05$) para todas as características e maior variabilidade foi detectada dentro das populações de cacau. Valores significativos ($P < 0,05$) de D^2 evidenciaram maior divergência entre as bacias 2 e 3 (27,7) e maior semelhança entre 2 e 4 (1,39). Este estudo fornece novas compreensões sobre a estrutura genética e distribuição das populações de cacau, visando coleta, gestão, conservação e melhoramento. A coleta de germoplasma deve levar em consideração a distribuição espacial da variação genética. As bacias hidrográficas parecem ser um fator de variação na estruturação das populações silvestres. Uma vez que a maior parte da variação concentrou-se entre cacaueros dentro de bacias e entre bacias, para aperfeiçoar o processo de coleta deve-se priorizar maior número de plantas de poucas populações das bacias mais divergentes.

Palavras-chave: *Theobroma cacao* L.; melhoramento genético; bacia hidrográfica.

Agradecimentos: À FAPEMIG, a CAPES e ao CNPq pelos recursos concedidos.

CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM GENÓTIPOS LOCAIS DE FEIJÃO

Viviane de Fátima Milcheski^{1*}; Lays Sartori²; Claudia Aparecida Guginski Piva;
Ana Carolina da Costa Lara Fioreze⁴

¹Universidade Federal de Santa Catarina. ²Universidade Federal de Santa Catarina. ³Universidade do Oeste de Santa Catarina. ⁴Universidade Federal de Santa Catarina. *E-mail: vivianemilcheski@gmail.com

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é alvo de várias doenças fúngicas, entre as principais está a antracnose, cujo agente causal é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, podendo causar 100% de perdas na produção. Uma das formas de controle da antracnose é o uso de genótipos resistentes, impactando na diminuição do uso de fungicidas para o controle da doença. Genótipos locais podem conter alelos de resistência à patógenos, perdidos pelos processos de domesticação e melhoramento. Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar oito genótipos locais, além de duas cultivares comerciais (IPR Tangará e BRS Campeiro) quanto à resistência a antracnose, nas safras de 2014/15 e 2015/16, no município de Curitiba-SC. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Agropecuária, da Universidade Federal de Santa Catarina (27°16'125" S 50°30'10.62"O, 994m de altitude), com clima classificado por Köppen como Cfb (temperado, com verão ameno) e o solo como Cambissolo Háplico de textura argilosa. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições, e a parcela experimental foi composta de três linhas de um metro de comprimento com espaçamento de 0,40 metros entre linhas e com doze sementes por metro linear, onde a parcela útil foi a linha central. Os genótipos foram avaliados quanto à resistência à antracnose, com base na escala de notas descrita por Pastor Corrales e Tu (1989). Os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e as médias comparadas pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$). Houve interação significativa para a fonte de variação Safra x Genótipos, demonstrando que houve um comportamento diferencial quanto à resistência à antracnose nas duas safras. Entre os dez genótipos avaliados, seis deles demonstraram-se resistentes nas duas safras, três foram moderadamente resistentes na safra 2014/15 e resistentes na safra 2015/16, entre eles, a cultivar BRS Campeiro. A cultivar IPR Tangará que na safra 2014/15 foi suscetível, na 2015/16 mostrou ser moderadamente resistente. Conclui-se que alguns genótipos locais apresentaram-se como estáveis em relação à resistência à doença, podendo estes ser utilizados como fontes de resistência em cruzamentos nos programas de melhoramento genético do feijoeiro, visando minimizar perdas pela ocorrência do fungo e consequentemente aumentando a produção.

Palavras-chave: *Colletotrichum lindemuthianum*; feijoeiro; melhoramento genético.

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE CANA-DE-AÇÚCAR QUANTO À PRODUTIVIDADE NO RIO GRANDE DO SUL

Luize Silva Mascarenhas^{1*}; Elis Daiani Timm Simon¹; Adílson Härter¹; Lucas Silva Lemões¹; William Rodrigues Antunes¹; William Felipe Osterkamp²; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva³.

¹Universidade Federal de Pelotas; ²Instituto Federal Sul Rio-grandense; ³Embrapa Clima Temperado. *luizemascarenhas@hotmail.com

A produção cana-de-açúcar e seus derivados tem grande importância em pequenas propriedades familiares no Rio Grande do Sul, onde é cultivada há mais de três séculos. A busca por novas variedades, com melhores características de produtividade, sanidade e precocidade vem apresentando uma crescente demanda por parte dos agricultores. A Embrapa Clima Temperado possui uma coleção de genótipos de cana-de-açúcar que foram coletados em diferentes locais do Rio Grande do Sul e de Santa Catarina. Estes podem ser considerados recursos genéticos, em uso pelos agricultores, que podem ser utilizados como base para a ampliação da variabilidade genética em programas de melhoramento da cultura para a região Sul do país. No entanto, torna-se necessária a caracterização destes materiais. O objetivo deste trabalho foi avaliar a produtividade de 17 genótipos de cana-de-açúcar de ciclo de maturação precoce que fazem parte da coleção da Embrapa Clima Temperado. O experimento foi realizado em uma propriedade rural particular no município de Pelotas, RS no ano agrícola 2015/2016. Na segunda quinzena de agosto, foi realizado o plantio de gemas individualizadas em tubetes contendo substrato e 60 dias após as mudas foram transplantadas no campo sobre canteiros. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com duas repetições e a parcela composta de uma linha de 4 metros e espaçamento de 1,4 metros. A adubação e o controle das plantas daninhas foram realizados conforme a recomendação para a cultura. A avaliação da tonelada de colmo por hectare (TCH) foi realizada 11 meses após o transplante das mudas no campo, baseada na fórmula $TCH = (P10C(kg)/10) \times NCM \times (10/E)$, onde: P10C, peso de dez colmos; NCM, número de colmos por metro linear; E, espaçamento de plantio (1,4m). Duas variedades comerciais de maturação precoce, a RB855156 e a RB966928, foram utilizadas como testemunhas. A TCH variou entre os genótipos avaliados de 50,89 a 150,37. Não houve diferença estatística entre as duas testemunhas que obtiveram valor médio de 112,83 TCH. Um grupo de nove genótipos não diferenciou das testemunhas e três genótipos apresentaram produtividade inferior, 62,78 TCH. Destaca-se um grupo de cinco genótipos que superaram as testemunhas com produtividade média de 143,52 TCH. Há variabilidade para TCH entre os genótipos avaliados os quais podem ter uso direto pelos agricultores ou podem ser explorados no melhoramento genético da cultura.

Palavras-chave: *Saccharum spp*; Recursos genéticos; Variabilidade.

Agradecimentos: À Embrapa Clima Temperado, ao CNPq e à CAPES.

AValiação DE FRUTOS DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS ENTRE *Capsicum frutescens* e *C. baccatum*

Elba Honorato Ribeiro^{1*}; Sara Iolanda O. da Silva¹; Telma Nair Santana Pereira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro - UENF.
*elba_hr@hotmail.com.

O objetivo deste trabalho foi avaliar os frutos de híbridos obtidos do cruzamento entre *C. frutescens* e *C. baccatum*. Híbridos recíprocos foram obtidos entre *C. frutescens* (UENF 1636), *C. baccatum* var. *baccatum* (UENF 1495) e *C. baccatum* var. *pendulum* (UENF 1624 e UENF 1496). Os híbridos e os genitores foram cultivados em vasos, em casa de vegetação, em delineamento de blocos casualizados com três repetições, cada parcela constituída por cinco plantas. Dez frutos maduros de cada parcela foram avaliados quanto ao comprimento em cm (CF), largura em cm (LF), peso em g (PF), número de lóculos (NL) e número de sementes (NS). Em todas as combinações, quando *C. frutescens* foi o genitor feminino os híbridos resultantes apresentaram características semelhantes entre si, ou seja, as plantas tinham aspecto de virose, com folhas filiformes e enrugadas, entrenós curtos, crescimento atrofiado com altura de planta e diâmetro de copa bem menores em relação às demais. O florescimento nessas plantas foi muito tardio e os frutos gerados em todas elas tinham aspecto deformado e por isso não foram avaliados. Esse desenvolvimento anormal da planta pode está relacionado à interação entre o citoplasma de *C. frutescens* e genes nucleares de *C. baccatum*, pois quando *C. frutescens* foi utilizado como doador de pólen, todas as plantas possuíam aparência normal. Os frutos dos três híbridos (UENF 1495 x UENF 1636; UENF 1624 x UENF 1636; UENF 1496 x UENF 1636) apresentaram características semelhantes ao genitor masculino (*C. frutescens*), com exceção do número de lóculos que variou de 1,97 a 2,23 para os híbridos e um para o genitor masculino. Para os demais genitores o número de lóculos variou de 2,4 a 3,2. O comprimento médio do fruto variou de 1,23 cm a 2,08 cm, a largura média de 0,70 cm a 0,73 cm e o peso médio do fruto de 0,33 g a 0,42 g. Para *C. frutescens* os valores médios observados foram 2,05 cm para CF, 0,6 cm para LF e 0,47 g para PF. Para os genitores femininos os valores oscilaram de 2,18 cm a 7,28 cm (CF), 1,78 cm a 3,2 cm (LF), 4,34 g a 11,94 g (PF). Para o genitor masculino a média de sementes por fruto foi de 27 e para os genitores femininos a média oscilou de 47,97 a 67,7. Os híbridos apresentaram NS variando de 1,67 a 2,17 indicando que são praticamente estéreis. Neste estudo foram observadas diferentes barreiras pós-zigóticas, como a fraqueza do híbrido quando *C. frutescens* foi o genitor feminino, e a baixa fertilidade constatada pela quantidade de sementes F₂ obtidas. Em programas de melhoramento utilizando hibridação interespecífica *C. frutescens* deve ser utilizado como genitor masculino e os híbridos obtidos como genitores femininos.

Palavras-chave: Pimentas; hibridação; citogenética.

Agradecimentos: FAPERJ, CAPES.

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CANA-DE-AÇÚCAR QUANTO À MATURAÇÃO E TOLERÂNCIA AO FRIO NO MUNICÍPIO DE PELOTAS, RS

Elis Daiani Timm Simon^{1*}; Liliane Silveira Varnes¹; Luíze Silva Mascarenhas¹; Thainã Afonso Rodrigues¹; William Felipe Osterkamp²; William Rodrigues Antunes¹; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva³

¹Universidade Federal de Pelotas; ²Instituto Federal Sul Rio-grandense; ³Embrapa Clima Temperado; * elisdaiani@hotmail.com.

A cana-de-açúcar assume grande importância no Rio Grande do Sul por estar vinculada às atividades da agricultura familiar. A combinação de variedades com maturação, precoce, médio e tardio num plantio de cana-de-açúcar é fundamental, para o planejamento e escalonamento da colheita, proporcionando por maior período de tempo matéria-prima disponível. É importante que as variedades tardias sejam tolerantes ao frio, pois são essas que enfrentarão por mais tempo as baixas temperaturas. A maioria dos agricultores do RS utilizam variedades crioulas e variedades antigas introduzidas no Estado no século XVIII de outras regiões do país e do exterior. Tais variedades podem ser consideradas recursos genéticos importantes para desenvolvimento de novas variedades, para o Sul do Brasil. O objetivo deste trabalho foi avaliar o ciclo de maturação e a tolerância às baixas temperaturas de 50 genótipos de cana-de-açúcar que fazem parte da coleção da Embrapa Clima Temperado e que foram coletados em diferentes locais do RS. O experimento foi realizado em uma propriedade rural particular no Município de Pelotas, RS no ano agrícola 2015/2016, em delineamento de blocos ao acaso com duas repetições e parcela de uma linha de 4m. Foram coletadas amostras de caldo a cada 30 dias, no período de abril a outubro, em três diferentes colmos da parcela, utilizando um “calador” para posterior leitura do teor de sólidos solúveis totais (medido em °brix) em refratômetro digital portátil. Os genótipos que apresentaram 18°brix no mês de maio, julho e setembro foram classificados respectivamente como precoce, médio e tardio. A avaliação de tolerância ao frio foi realizada na primeira semana de setembro/2016, com base no dano da gema apical, avaliando-se três colmos aleatórios da parcela e observando os sintomas de danos, conforme a escala de nível de dano, variando de nota 1 - gema viva a 5 - gema morta. Os dados de temperatura do ar foram coletados com o uso de datalogger situado a 1,5 m do solo. Dos genótipos avaliados, 17 obtiveram maturação precoce, 7 média e 26 tardia. Em relação à tolerância ao frio, mesmo com o registro de temperaturas de relva de - 3,5°C, 18 genótipos apresentaram nota 1 (gema viva ou tolerante) e 32 genótipos nota 2 (dano baixo). Vale destacar que tanto genótipos de maturação precoce, como média e tardia apresentaram tolerância ao frio. A variabilidade encontrada nesta coleção é importante para ser explorada no melhoramento genético da cultura.

Palavras-chave: Recursos genéticos; *Saccharum spp*;

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS TRADICIONAIS DE MANDIOCA DE MESA ORIUNDOS DO PARANÁ E DE SANTA CATARINA

Vanesca Priscila Camargo Rocha^{1*}; Pedro Soares Vidigal Filho¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹; Alex Henrique Tiene Ortiz¹; Rebecca Caroline Ulbricht Ferreira¹; Giselly Figueiredo Lacanallo¹

¹ Pós Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá.
*e-mail: vanesca.rocha@gmail.com

No consumo *in natura* de mandioca são utilizadas as cultivares que apresentam baixo conteúdo de HCN em suas raízes tuberosas as quais são denominadas de mandioca de mesa. Em geral o cultivo da mandioca de mesa concentra-se em áreas exploradas por pequenos agricultores, denominadas “fundos de quintal”, onde é comum encontrar elevada variabilidade genética da espécie. No Brasil há uma grande preocupação quanto aos cultivos de “fundos de quintal” pois, ao longo dos anos, os mesmos vem se extinguindo devido à intensa migração da população da zona rural para a áreas urbanas. O presente trabalho teve como objetivo proceder a caracterização molecular de 144 acessos tradicionais de mandioca de mesa oriundas das regiões periurbanas dos municípios paranaenses de Bandeirantes (Bts), Cianorte (Ci) Maringá (Mgá), Londrina (Ld) e Santa Mariana (SM), e de Urussanga, SC, utilizando 25 *loci* microssatélites (SSR). Os resultados evidenciaram que 48% dos *loci* foram considerados polimórficos com média de 3,36 alelos por *locus*. Os valores do Conteúdo de Informação de Polimorfismo (PIC) variaram entre 0,123 para GA SSRY101 a 0,738 para SSRY28. Os valores de heterozigidade observada variaram entre 0,000 para SSRY 101 a 0,979 para GA12 com uma média de 0,644. A análise de Estrutura Populacional revelou a ocorrência de 10 grupos definidos pelo método probabilístico. Em relação à diversidade genética, a média observada foi de 0,557 variando entre 0,132 para SSRY101 e 0,775 para SSRY28. As combinações mais divergentes pela Distância de C. S. Chord, e indicadas para futuras hibridações em programas de melhoramento genético foram: BGM 444 SM x BGM 15 Mgá, BGM 525 SM x BGM 497 Bts, BGM 444 SM x BGM 684 Ld, BGM 451 SM x BGM 687 Ld, BGM 459 SM x BGM 444 SM, BGM 13 Mgá x BGM 497 Bts, BGM 499 Bts x BGM 689 Ld, BGM 15 Mgá x BGM 436 SM e BGM 689 Ld x BGM 35 Ci. Estes acessos exibiram florescimento e mostraram baixa incidência de bacteriose, podridão radicular e de superalongamento. Os resultados evidenciaram a existência de ampla divergência genética entre os acessos tradicionais de mandioca de mesa avaliados.

Palavras-chave: Germoplasma; diversidade genética; marcadores moleculares microssatélites.

Agradecimentos: À Universidade Estadual de Maringá (UEM) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM); À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (Capes) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM MAMOEIRO (*Carica papaya* L.) VISANDO A ELUCIDAÇÃO DA IDENTIDADE GENÉTICA DE PLANTA HERMAFRODITA IDENTIFICADA EM PROGÊNIE DIOICA

Adriana Azevedo Vimercati Pirovani^{1*}; Helaine Christine C. Ramos¹; Renato Santa-Catarina¹; Júlio César Vettorazzi¹; Dieimes Bohry¹; Rafaela P. Duarte¹; Diego F. M. Cortes¹

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro *E-mail do autor para correspondência: adriana.pirovani@gmail.com.

A espécie *C. papaya* é trioica, apresentando plantas femininas (XX), masculinas (XY) e hermafroditas (XY^h). Eventualmente, devido a fatores genéticos e/ou ambientais, pode ocorrer reversão sexual das plantas XY^h para XY ou de XY para XY^h, resultando no desenvolvimento de flores estéreis em plantas hermafroditas e de flores hermafroditas em plantas masculinas, respectivamente. Neste trabalho objetivou-se caracterizar o genótipo hermafrodita M-3, identificado em progênie dióica (PD), via marcadores SSRs, visando a elucidação da origem de tal genótipo: se reversão sexual ou contaminação. Para tanto, foram avaliados 15 genótipos do BAG UENF/Caliman: sete genótipos da PD, um genótipo hermafrodita M-3 (genótipo sob investigação), três testemunhas dioicas (Cariflora, Cimarron, Criola de Costa Rica) e quatro testemunhas hermafroditas (Sekati, Maradol Origem México, Maradol Grande Limão, e 'Golden'). Após a extração do DNA, foi realizada PCR de 66 *primers*, sendo 30 do cromossomo Y^h, na região HSY, e 36 autossomais, seguida pela eletroforese em gel de agarose *Metaphor* 4% e revelação dos géis em fotodocumentador MiniBis Pro. A heterozigose (H_o) e o coeficiente de endogamia (F) foram estimados no software *PowerMarker*. Trinta locos SSRs polimórficos foram utilizados nas análises, sendo 15 da região HSY e 15 das regiões autossômicas. Na análise dos genótipos dioicos considerando os locos da região HSY, foi observado um total de 34 alelos com média de 2,27 alelos/loco, e estimativa média de H_o e F de 0,20 e 0,63, respectivamente, enquanto nas regiões autossômicas foram identificados 31 alelos com média de 2,07 alelos/loco, H_o média de 0,33 e o F média de 0,41. Nos genótipos hermafroditas foi gerado um total de 31 alelos com média de 2,07 alelos/loco, H_o média foi de 0,28 e o F média de 0,52 para a região HSY. Por outro lado, na região autossomal, foi observado 29 alelos com média de 1,93 alelos/loco, a H_o média de 0,15 e F média de 0,72. O genótipo hermafrodita investigado apresentou H_o de 0,38 para HSY e 0,47 para autossomal e F de 0,34 em HSY e 0,16 para região autossomal. Com base nos locos analisados, a caracterização da planta hermafrodita indica que este genótipo está mais próximo das testemunhas hermafroditas com relação a região HSY e mais próximo dos genótipos dioicos com base na análise das regiões autossômicas sugerindo que o genótipo investigado pode ter sofrido uma reversão sexual. Entretanto, outras análises serão realizadas para essa confirmação.

Palavras-chave: Diversidade Genética; Mamoeiro; Marcadores Microssatélites

CARACTERIZAÇÃO TAXONÔMICA DOS ACESSOS DE BATATA-SILVESTRE DA EMBRAPA CLIMA TEMPERADO

Guilherme Longaray Klasen¹; Daiane Rodeghiero Vahl¹; Caroline Marques Castro²; Gustavo Heiden²

¹Universidade Federal de Pelotas; ²Embrapa Clima Temperado. guilherme.klasen96@gmail.com

O pré-melhoramento liga os recursos genéticos ao melhoramento, disponibilizando ao melhorista informações de interesse. Um dos maiores problemas enfrentados no melhoramento da batata (*Solanum tuberosum*, Solanaceae), é a baixa variabilidade genética, decorrente de processos de seleção e propagação clonal. A base genética estreita torna a cultura vulnerável a estresses bióticos e abióticos. Pesquisar os parentes silvestres dos cultivos possibilita a identificação de novas características ou genes de interesse. Desta forma, a conservação, caracterização e uso dos recursos genéticos é promissora para programas de melhoramento da batata. Com o objetivo de ampliar a base genética da batata por meio da incorporação de parentes silvestres no programa de melhoramento, o trabalho visa a caracterização taxonômica dos acessos silvestres do Banco Ativo de Germoplasma de Batata da Embrapa Clima Temperado, com vistas a categorização em relação ao pool gênico de *S. tuberosum*. Foram cultivados 63 acessos em casa de vegetação. A avaliação de caracteres de importância taxonômica para o grupo (hábito, alas do caule, segmentos intersticiais da folha, formato e cor da corola, formato do fruto) foi confrontada com a literatura para a caracterização taxonômica. Vouchers dos espécimes foram depositados no Herbário da Embrapa Clima Temperado (ECT). Sete morfotipos foram identificados na coleção correspondendo aos táxons *S. calvescens* (1 acesso), *S. commersonii* subsp. *commersonii* (24), *S. commersonii* subsp. *malmeanum* (6) e *S. chacoense* (22). Também foram identificados dois morfotipos possivelmente híbridos de *S. chacoense* X *S. commersonii* subsp. *malmeanum* (5) e *S. chacoense* X *S. commersonii* subsp. *commersonii* (2), além de possíveis poliploides de *S. commersonii* (3). Em relação a caracterização taxonômica anterior, 14 identificações foram alteradas. *Solanum chacoense* pertence ao pool gênico secundário da batata e *S. commersonii* ao terciário. O pool gênico de *S. calvescens* e dos possíveis híbridos e poliploides é desconhecido. Esses acessos podem possuir diferentes números cromossômicos, o que implica na compatibilidade com *S. tuberosum*, uma vez que o EBN (*endosperm balance number*) deve ser levado em consideração para o sucesso dos cruzamentos. A caracterização taxonômica dos acessos, permitiu identificar e inferir o pool gênico por meio de características morfológicas que diferenciam as espécies de batata-silvestre. Porém, para os acessos de pool gênico desconhecido são demandadas pesquisas citogenéticas e de viabilidade de cruzamento com a batata cultivada.

Palavras-chave: Recursos genéticos; Parentes silvestres; Pré-melhoramento.

Agradecimentos: Global Crop Diversity Trust, CNPq, Embrapa, FAPERGS.

CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE *Cattleya tigrina* A. RICH SOB CRESCIMENTO LENTO

Thays Saynara Alves Menezes^{1*}; Maria de Fátima Arrigoni-Blank¹;
Giulia Milenna Santos Moura¹; Caroline Alves Soares¹; Larissa Luzia Peixoto
Nascimento¹; Sara Dayan da Silva Oliveira¹; Andréa Santos da Costa¹

¹Universidade Federal de Sergipe - Avenida Marechal Rondon, s/n - Jardim Rosa Elze, 49100-000, São Cristóvão-SE, *E-mail do autor para correspondência: thaysaynara@yahoo.com.br

A *Cattleya tigrina* é endêmica do Brasil com distribuição nas regiões Nordeste, Sudeste e Sul. Integrantes da lista de vulneráveis a extinção, a situação da espécie é crítica, pois além da ameaça da coleta, a sua vulnerabilidade está, essencialmente, associada à fragmentação do seu habitat, a Mata Atlântica. O objetivo do presente estudo foi estabelecer um protocolo para conservação *in vitro* da espécie. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos e Melhoramento Vegetal do DEA/UFS. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 3x2, sendo três fontes de carbono e reguladores osmóticos [(sacarose (20 g.L⁻¹); sacarose (10 g.L⁻¹):manitol (10 g.L⁻¹); sacarose (10 g.L⁻¹):sorbitol (5 g.L⁻¹)] e duas temperaturas (18 e 25°C). Foram utilizadas seis repetições compostas por cinco tubos com uma planta por tubo. Aos 270 dias foi avaliada a sobrevivência (%), presença de raiz (%), coloração e altura das plantas. As médias foram submetidas à análise de variância e comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade e regressão polinomial para concentração de sais. Aos 270 dias de cultivo *in vitro*, a sobrevivência das plântulas, atingiu aproximadamente 100% e a coloração predominantemente verde quando mantido a 18°C. A presença de raiz foi influenciada pela temperatura, havendo maior porcentagem de enraizamento a 18°C (90%). Para a variável altura das plantas, os diferentes tratamentos proporcionaram crescimento mínimo das mesmas na temperatura de 18°C. Assim, plântulas de *C.tigrina* podem ser conservadas a 18°C utilizando MS suplementado com sacarose (10 g.L⁻¹): sorbitol (5 g.L⁻¹) por um período mínimo de 270 dias.

Palavras-chave: *Cattleya tigrina*; conservação *in vitro*; crescimento lento.

Agradecimentos: CNPq, FINEP, CAPES.

DADOS EXTRÍNSECOS DE PASSAPORTE EM GERMOPLASMA DE PARENTES SILVESTRES DA BATATA: TIPOS DE SOLO

Guilherme Longaray Klasen¹; Caroline Marques Castro²; Gustavo Heiden²

¹Universidade Federal de Pelotas; ²Embrapa Clima Temperado. guilherme.klasen96@gmail.com

Informações sobre características de interesse que o germoplasma apresenta possibilitam escolhas direcionadas de genótipos para avaliação e incorporação nos programas de melhoramento. Ao longo da história de melhoramento da batata (*Solanum tuberosum*, Solanaceae) houve redução da variabilidade genética fator que a torna mais suscetível a estresses bióticos e abióticos, o que demanda o alargamento de sua base genética por meio da incorporação de parentes silvestres. Informações intrínsecas (da planta) e extrínsecas (do ambiente) em que espécies de interesse ocorrem permitem inferir pressões de seleção natural às quais o germoplasma estaria adaptado. Nem sempre essas informações foram obtidas na coleta, estando frequentemente ausentes em dados de passaporte, e na maioria das vezes não é possível retornar ao local de coleta para a obtenção desses dados. Com o objetivo de ampliar as informações sobre o germoplasma de parentes silvestres do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Batata da Embrapa Clima Temperado, o trabalho visa caracterizar os diferentes tipos de solo de origem dos acessos silvestres, disponibilizando informações necessárias para a tomada de decisões em ações de pré-melhoramento e melhoramento. Para o estudo foram selecionados 43 acessos, coletados entre 1986 e 1990, os quais não possuem informações de campo do tipo de solo de ocorrência. Para o mapeamento de cada coleta, os dados de latitude e longitude foram plotados no programa DIVA-GIS. Os dados dos pontos de coleta foram cruzados com os dados de classificação dos solos por meio do mapeamento pedológico do Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE). Oito grupos de solos foram identificados, correspondendo aos tipos: Argissolo (9 acessos), Cambissolo (4), Dunas (1), Gleissolo (1), Latossolo (4), Neossolo (7), Nitossolo (3) e Planossolo (14). O levantamento das variáveis ambientais possibilita correlacionar se fatores externos podem influenciar nas diferenças fenotípicas de populações de uma mesma espécie coletadas em regiões distintas, tais como hábito, características da folha, formato e cor da corola, por exemplo, pois determinados genótipos podem ter adquirido características que permitem sua manutenção nesses ambientes. A disponibilidade de informações das variações ambientais e fenotípicas de populações silvestres permite o aprofundamento de estudos das diferenças de base genética que parentes silvestres da batata apresentam, direcionando a busca de características e genes de interesse aos programas de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: Base genética; Dados Abióticos; Recursos genéticos.

Agradecimentos: Global Crop Diversity Trust, CNPq, Embrapa, FAPERGS.

DESEMPENHO DE MUDAS DE PINHÃO-MANSO OBTIDAS A PARTIR DA MICROPROPAGAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES

Liliane Silveira Varnes^{1*}; Luize Silva Mascarenhas¹; Ester Schiavon Matoso¹; Tatiane Casarin²; Luciano da Silva Pinto¹; Luciana Bicca Dode¹; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva³.

¹Universidade Federal de Pelotas; ²Universidade Federal de Lavras; ³Embrapa Clima Temperado. *liliane.varnes@outlook.com

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) é uma espécie da família Euphorbiaceae potencial como matéria-prima para produção de biocombustíveis devido à sua alta concentração de óleo nas sementes. A micropropagação do pinhão-manso é uma alternativa que permite a produção de mudas em larga escala com uniformidade e sanidade superior, quando comparada a outros métodos de propagação. Neste sentido, o presente trabalho visa avaliar o desempenho de mudas de pinhão-manso micropropagadas a partir de ápices caulinares. O experimento foi conduzido em telado coberto na Embrapa Clima Temperado em Pelotas-RS, onde foram avaliadas sete plantas do mesmo genótipo de pinhão-manso, obtidas a partir de ápices caulinares desenvolvidos em meio de cultura MS 3% acrescido de 10mg/L⁻¹ de BAP, 0,5mg/L⁻¹ de AIB para promover enraizamento, e 1g/L⁻¹ de carvão ativado. As mudas foram mantidas em baldes de 20 litros, contendo substrato comercial Turfa Fértil® e vermiculita. Para avaliar o desempenho das mudas, foram consideradas as seguintes características: altura das plantas, número de folhas e diâmetro do caule, dois anos após a aclimação. Dos sete clones, 4 deles apresentaram altura superior a 85cm, com número de folhas superior a 80 folhas. Quanto ao diâmetro de caule, 3 indivíduos apresentaram diâmetro de caule entre 42mm e 50mm, enquanto os demais ficaram entre 35mm e 42mm. Tais resultados demonstram que a técnica de propagação *in vitro* utilizada apresenta potencial para multiplicação e clonagem de plantas de pinhão-manso.

Palavras-chave: *Jatropha curcas* L.; micropropagação; biocombustível.

Agradecimentos: À Embrapa Clima Temperado.

DESENVOLVIMENTO DE PORTA-ENXERTOS DE CASTANHEIRA-DO-BRASIL VISANDO A FORMAÇÃO DE UM JARDIM CLONAL

Aisy Botega Baldoni^{1*}; Adailthon Jourdan Rodrigues Silva²; Lucas Lodo Pereira²; Flávio Dessaune Tardin³; Hélio Tonini¹

¹Embrapa Agrossilvipastoril. ²Universidade Federal de Mato Grosso. ³Embrapa Milho e Sorgo. *aisy.baldoni@embrapa.br.

A castanheira-do-brasil (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) é uma importante espécie de exploração extrativista, e por ser ameaçada de extinção, torna-se importante o estímulo do seu plantio comercial, bem como a preservação de sua diversidade genética em bancos de germoplasma. Para estimular o plantio são necessários genótipos com boas características agronômicas, sendo importante iniciar um programa de melhoramento genético com a espécie. Em médio prazo, o estabelecimento de um jardim clonal, com genótipos superiores de outros plantios comerciais e floresta nativa, além de preservar parte da diversidade da espécie, pode ser usado para disponibilizar à sociedade bons materiais para enxertia, visando o estímulo do plantio. No plantio há um grande interesse em utilizar plantas enxertadas, onde se observa precocidade na produção de frutos. A enxertia em castanheira é normalmente realizada quando a muda já está estabelecida no campo, sendo necessário inicialmente o plantio dos porta-enxertos e o acompanhamento do desenvolvimento dessas plantas até alcançarem um diâmetro do caule apto para a aplicação dessa técnica, garantindo um maior pegamento. Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi avaliar o desenvolvimento de porta-enxertos de castanheira-do-brasil, visando a formação de um jardim clonal, com materiais geneticamente superiores. Para isso, foram avaliadas 46 mudas de castanheiras, obtidas de viveiro, que foram plantadas na área experimental da Embrapa Agrossilvipastoril em novembro de 2015. O desenvolvimento das plantas foi acompanhado durante o período de oito meses (de fevereiro a outubro de 2016), avaliando as seguintes características: altura (m), diâmetro do coleto (mm) e número de folhas. Foi observado que para a altura, durante os oito meses de avaliação, ocorreu um crescimento médio de 11,02 cm, com mínimo de 0 cm e máximo de 41 cm; e para o diâmetro do coleto, o crescimento médio foi de 3,21 mm, com mínimo de 0,12 mm e máximo de 8 mm. A avaliação do número de folhas foi prejudicada pelo ataque de formigas cortadeiras, um dos principais entraves para a cultura. O desenvolvimento dos porta-enxertos nos primeiros meses de implantação no campo foi lento quando comparados com outras espécies florestais.

Palavras-chave: *Bertholletia excelsa*; enxertia.

Agradecimentos: À FAPEMAT e a Embrapa pelo recurso para a realização desse trabalho e ao CNPq pela bolsa de produtividade concedida ao quarto autor.

DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO DE ESPÉCIES NATIVAS DE MARACUJÁ

Paula Mauri Bernardes^{1*}; Catariny Fontana Nicole²; José Henrique Guilhen¹; Adésio Ferreira¹; Rodrigo Sobreira Alexandre¹; Marcia Flores da Silva Ferreira²

¹Universidade Federal do Espírito Santo, ¹Centro de Ciências Agrárias e Engenharias.

²Centro de Ciências Exatas, Naturais e da Saúde. *paulamaurib@gmail.com

O gênero *Passiflora* é o mais importante da família Passifloraceae, por apresentar o maior número de espécies, das quais muitas de importância econômica. Espécies nativas são importantes no melhoramento por apresentarem resistência a doenças, longevidade, autocompatibilidade, maior adaptação a condições climáticas adversas, período de florescimento ampliado e androginóforo mais curto. A caracterização morfológica do desenvolvimento das plantas, além do conhecimento de uma espécie direciona sua utilização em tais programas, sendo necessários a correta identificação, a conservação e a caracterização destas espécies. *Passiflora junqueira* foi recentemente descrita no Espírito Santo, sem informações prévias de características de desenvolvimento vegetativo, bem como outras espécies nativas de reconhecido valor. Neste trabalho objetivou-se estudar caracteres de desenvolvimento vegetativo da *P. junqueira*, *P. cincinnata*, *P. quadrangularis*, *P. maliformis*, *P. foetida*, *P. mucronata*. O experimento foi montado em DBC, com três repetições por espécie. Foram avaliadas as características: comprimento do ramo ortotrópico (CRO); diâmetro do ramo ortotrópico (DRO); comprimento entre nó (CEN); comprimento da folha (CF); largura da folha (LF), por sete meses. As espécies avaliadas não diferiram entre si em relação ao CRO, evidenciando velocidade de crescimento semelhante, e o mesmo foi observado para CEN. *Passiflora junqueira* e *P. mucronata* apresentaram menor DRO diferindo das demais espécies, que tiveram maior valor e foram similares. Estas características são importantes para o manejo, por permitir o uso dessas espécies como porta-enxerto para o maracujazeiro. As espécies *P. quadrangulares* e *P. maliformis* apresentaram maior comprimento de CF, e *P. junqueira* e *P. cincinnata* tiveram maior valor de LF. Assim, pode-se concluir que é necessário um maior conhecimento sobre estas espécies e indicação de seus potenciais para as diversas áreas, e que existe similaridades quanto variáveis vegetativas nas espécies estudadas.

Palavras-chave: variáveis biométricas; espécie silvestres; caracterização agrônômica.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES); Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

DETERMINAÇÃO DE COLEÇÕES TEMÁTICAS DE ALGODOEIRO MOCÓ (*Gossypium hirsutum* raça *marie galante*) NO BRASIL USANDO MARCADORES SSR

Rafaela Ribeiro de Brito¹; Thiago Henrique de Lima¹; Aryanny Irene Domingos de Oliveira¹; Juliana Oliveira da Silva¹; Lúcia Vieira Hoffmann²; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes^{1*}

¹Instituto Federal Goiano - *Campus* Urutaí. ²Embrapa Algodão - Núcleo Cerrado; *E-mail do autor para correspondência: ivan.menezes@ifgoiano.edu.br

Devido a variação morfológica e tecnológica de fibra que ainda é pouco explorada, o algodoeiro mocó (*Gossypium hirsutum* r. *marie galante*) representa uma importante fonte de variabilidade para o melhoramento genético do algodão comercial. Além disso o seu bom desempenho no semiárido nordestino, faz acreditar que esta espécie tenha sido selecionada por condições adversas de solo e clima. O objetivo deste trabalho foi caracterizar geneticamente acessos de algodoeiro mocó pertencentes ao germoplasma da Embrapa Algodão, utilizando marcadores de microssatélites e selecionar genótipos que possam ter maior tolerância a condições climáticas de seca e baixa fertilidade de solo. Utilizou-se dados geográficos e sobre manutenção *in situ* de 331 plantas de algodoeiro mocó, destas 280 foram genotipadas, encontradas em estados do Nordeste e Norte. Coleções temáticas (CTs) quanto a períodos de seca e baixa fertilidade de solo foram definidas com base nas coordenadas geográficas dos acessos e mapas interativos de climas e potencial agrícola do Brasil. Usou-se 12 marcadores de microssatélites na genotipagem. Realizou-se a análise genética com base no número de alelos por loco (A) e privativos, H_e e H_o . A relação genética entre as CTs foi analisada através da distância genética de Rogers modificada, além da estatística F de Wright para verificar estruturação genética. Obteve-se 3 coleções temáticas, sendo de maior interesse a CT3 composta por indivíduos coletados em grandes períodos de seca e baixa fertilidade de solo. Foram detectados 71 alelos, com uma média de 5.9 por loco, variando de 3 a 9. A média de H_e foi alta 0.53, entretanto H_o foi baixa, 0.15, corroborando com alto índice de fixação, $f = 0.72$. Embora, tenha sido verificado que os três *pools* gênicos, representados pelas CTs, apresentaram baixa e significativa diferenciação genética ($F_{ST} = 0.05$, $p < 0.05$), a diversidade genética descritiva entre os grupos não foi estatisticamente diferente considerando o teste de Wilcoxon ($p > 0.05$). O valor de F_{ST} encontrado, corroborou com a baixa média de distância genética entre as coleções temáticas, 0.062. Apesar da baixa diferenciação genética entre regiões com diferentes períodos de seca e níveis de fertilidade de solo, o germoplasma apresenta similar e expressiva diversidade genética organizada em genótipos homocigotos. Assim, podendo ser aproveitada como fonte alélica em estudos de valoração para o uso em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Algodoeiro mocó; marcadores microssatélites; pré-melhoramento

DETERMINAÇÃO DO CONTEÚDO DE DNA. *guajava* e *P. cattleyanum*

Rodrigo Miranda Barbosa¹; Maria Lorraine Fonseca Oliveira¹; Rafael Walter¹; José Marcello Salabert de Campos²; Alexandre Pio Viana¹ Telma Nair Santana Pereira¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.
E-mail:telmasp2012@gmail.com

²Laboratório de Genética, Departamento de Biologia/ICB, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, MG, Brasil.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem um programa de melhoramento de goiabeira (*P. guajava*) via hibridação interespecífica, que visa o desenvolvimento de cultivares produtivas e resistentes ao nematoide das galhas, que predispõe a goiabeira à podridão radicular. Uma das fontes de genes utilizadas pelos pesquisadores são os araçazeiros (*P. cattleyanum*), que são poliploides, podendo ser encontrados citótipos triploides (3x) a octaploides (8x). Entretanto, há problemas na transferência de genes em função do nível de ploidia e do conteúdo de DNA. O objetivo deste trabalho foi estimar o conteúdo de DNA em *P. guajava* e em *P. cattleyanum*. Assim, três amostras foliares de cada espécie e do padrão interno *Pisum sativum* cv Citrad (2C = 9,09 pg) foram utilizadas para a extração dos núcleos intactos. As amostras foliares foram maceradas, concomitantemente, em placa de Petri, em 1mL de solução tampão de extração Marie. O macerado foi filtrado em filtros de 50µm (Partec), e os núcleos intactos foram corados em 25µL de solução de iodeto de propídeo e 5µL de RNase. As amostras foram analisadas no citômetro de fluxo (FACSCalibur), foram contabilizados 10.000 núcleos em cada análise. Os histogramas, médias, áreas, e coeficiente de variação foram analisados, utilizando-se Cell Quest software. A quantidade de DNA nuclear em picograma (pg) foi estimada pela comparação com a posição em relação ao pico de G1 do padrão interno. Dessa forma, o conteúdo de DNA foi determinado de acordo com: Conteúdo de DNA = Média do Pico Go/G1 da espécie alvo x conteúdo de DNA 2C do padrão interno (pg) ÷ Média do Pico Go/G1 do padrão interno. A goiabeira apresentou 0,99 pg de DNA e o coeficiente de variação (CV) de 2,25%, já nos araçazeiros variou de 0,98 pg de DNA com CV de 3,82% a 3,34 pg de DNA e CV de 2,00%. Resultados preliminares mostram que há variação do conteúdo de DNA, entre as espécies e dentro dos araçazeiros, provavelmente, devido ao fato de que o nível de ploidia é variável.

Palavras-chave: Goiabeira; araçazeiros; citometria de fluxo; ploidia

Agradecimentos: UENF e FAPERJ.

Diâmetro do dossel em população de tomate industrial com gene de nanismo

Leandro Augusto Andrade Fumes^{1*}; Pedro Yuri Cavasin¹; Marlene de Souza Bretas¹; Gabriel Vicentino Salvador¹; Gustavo Fabri Bastos¹; Derly José Henriques da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa (UFV)

*e-mail: leandro.fumes@ufv.br

A produção de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) para fins industriais possui hábito de crescimento prostrado, acamando à medida que os frutos vão se desenvolvendo, uma vez que não é realizado tutoramento nem a desbrota dos ramos laterais. Assim, em geral, as plantas ocupam uma área relativamente grande, competindo entre si pelos recursos naturais. Alguns acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), com arquitetura de plantas anãs, possuíam o acamamento retardado, além de uma copa mais compacta e de menor diâmetro, sem redução do tamanho dos frutos. O objetivo deste trabalho foi avaliar diâmetro do dossel de famílias RC₁F₃ de tomateiros com a introdução do gene de nanismo. O experimento foi conduzido em Viçosa-MG. A capacidade geral de combinação de quatro acessos que possuíam gene de nanismo e oito híbridos comerciais foram avaliados em um experimento de Dialelo Parcial onde foram selecionados os melhores genótipos de cada grupo (H-9889 e BGH-2006). Posteriormente, foi realizada uma geração de retrocruzamento utilizando o híbrido comercial como genótipo recorrente, a fim de incrementar melhores características às plantas, seguido de autofecundações, gerando as famílias RC₁F₃. Nos avanços de gerações foi utilizado o método *Single Seed Descent* (SSD), com as plantas que apresentavam porte anão. Foram avaliadas, em um experimento com Delineamento em Blocos Aumentados, 150 famílias RC₁F₃ e os dois genitores como testemunhas, repetidos quatro vezes. Foram aferidos, com uma trena, três diâmetros em pontos diferentes da copa de cada planta e calculada a média desses valores, para maior acurácia dos dados. Posteriormente, esses dados foram utilizados na análise de variância e teste F para verificar a sua significância. O coeficiente de variação experimental (CV%) foi de 4,90%, demonstrando boa precisão experimental. No diâmetro do dossel foi observado valor significativo ($\alpha \leq 0,05$) para o teste F da análise de variância, indicando que houve diferença significativa entre médias desse caráter. A herdabilidade do caráter foi alta, no valor de 94,92%. A média do híbrido comercial (H-9889) foi de 82,0 cm e do acesso do banco de germoplasma (BGH-2006) foi de 52,5 cm. A média geral das 150 famílias RC₁F₃ foi de 57,8 cm, valor próximo ao do acesso. Isso demonstra que a utilização do acesso contendo o gene de nanismo em cruzamentos gerou variabilidade e plantas com menor arquitetura. Com o menor diâmetro do dossel seria possível aumentar a produção ao utilizar um maior adensamento de plantas.

Palavras-chave: Recursos genéticos, *Solanum lycopersicum*, retrocruzamento.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPEMIG e UFV.

DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS REGENERANTES DE *Bertholletia excelsa* Bonpl.

Luana Della Giustina^{1*}; Aisy Botega Baldoni²; Flávio Dessaune Tardin³, Hélio Tonini², Leonarda Grillo Neves⁴

¹Universidade Federal de Mato Grosso. ²Embrapa Agrossilvipastoril. ³Embrapa Milho e Sorgo.. ⁴Universidade do Estado de Mato Grosso. *E-mail: lu_dellagiustina@hotmail.com

O uso de marcadores moleculares tem auxiliado os programas de melhoramento genético, principalmente com espécies perenes, como a castanheira-do-brasil (*Bertholletia excelsa* Bonpl.). A obtenção de informações sobre a heterogeneidade entre os indivíduos é importante para a seleção de genótipos superiores e contrastantes. A castanheira-do-brasil é uma espécie de importância econômica, pela comercialização de suas amêndoas, e há interesse em atividades voltadas ao melhoramento da espécie. Para tanto, o objetivo da pesquisa foi investigar a dissimilaridade genética entre genótipos regenerantes de castanheira-do-brasil. Os frutos para o plantio das sementes foram coletados de matrizes em uma parcela permanente de floresta nativa, no município de Itaúba, MT. O plantio das sementes ocorreu em casa de vegetação para a obtenção das regenerantes, que foram nomeadas de acordo com a árvore matriz, número do fruto e número da amêndoa germinada. O número total de plântulas regenerantes foi de trezentos genótipos. Coletaram-se as folhas dos indivíduos para a extração e amplificação via PCR do DNA. Foram utilizados 10 marcadores moleculares microssatélites previamente desenvolvidos para a espécie. Após diluídos os produtos da PCR o material foi levado para o sequenciador ABI 3730, onde ocorreu a eletroforese capilar. Os picos foram analisados no software GeneMapper 4.1[®] (Applied Biosystems). A matriz de dissimilaridade foi gerada com base no Índice Ponderado e o Agrupamento Hierárquico pelo método UPGMA com auxílio do programa Genes[®]. O ponto de corte significativo (0.473) permitiu a formação de vinte grupos, em que regenerantes de diferentes matrizes agruparam-se juntos, sugerindo que estes genótipos tenham pais com alelos em comum. Os vinte grupos foram assim formados: grupo I, 231 representantes; grupo II, 43; grupo III, 5; grupo IV, 1; grupo V, 2; grupo VI, 1; grupo VII, 1; grupo VIII, 2; grupo IX, 2; grupo X, 1; grupo XI, 1; grupo XII, 2; grupo XIII, 1; grupo XIV, 1; grupo XV, 1; grupo XVI, 1; grupo XVII, 1; grupo XVIII, 1; grupo XIX, 1 e grupo XX, 1. Os genótipos 60B2, 60E5, 60F6, 60I4, 81B1, 91A2, 97A4, 97B2, 97F4, 97J4, 117G3, 117H4, 130D4, formaram grupos isolados, sendo os representantes mais diversos em relação aos demais. É possível, com base nos resultados gerados, a escolha de genótipos para formação de uma coleção de germoplasma inicial com ampla variabilidade genética que possibilite seu uso em um programa de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Castanheira-do-Brasil; Microssatélites; Melhoramento Genético.

Agradecimentos: FAPEMAT, EMBRAPA, CNPq, UFMT

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIMENTAS E PIMENTÕES NO MUNICÍPIO DE FLORIANO, PI

Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos¹; Lucas da Silva Costa¹; Laís dos Santos Neri da Silva¹; Lucas Torres de Sousa Roseno¹ Raimundo Nonato Oliveira Silva²

¹Discente, Iniciação Científica, Universidade Federal do Piauí - *Campus* Amílcar Ferreira Sobral. E-mail para correspondência: nandaferreira20101@hotmail.com.

²Docente, Universidade Federal do Piauí - *Campus* Amílcar Ferreira Sobral.

Pimentas e pimentões são cultivados em todo Brasil, principalmente pela sua importância na culinária, agregando cor, aroma e sabor aos alimentos. São fontes de β -caroteno, vitaminas A e C, além disso, tem como princípio ativo a capsaicina, que possui efeitos farmacológicos importantes, tais como antioxidante e anti-inflamatório. Atividades que envolvem caracterização e conservação dos recursos genéticos são de fundamental importância para a conservação da variabilidade genética e para disponibilidade de acessos a serem utilizados em programas de melhoramento. Além disso, tais atividades são importantes também para obtenção de variedades mais produtivas, melhor adaptadas às condições de cultivo e resistentes às pragas e doenças. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar acessos de pimentas e pimentões do gênero *Capsicum* por meio de marcadores morfológicos. O experimento foi conduzido na área experimental da fazenda do Colégio Técnico de Floriano, utilizando o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Para a caracterização foram utilizados 11 descritores quantitativos e 15 acessos de *Capsicum* spp. Com base nas médias dos caracteres utilizados foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e construído um dendrograma utilizando o método de agrupamento da distância média (UPGMA). A contribuição relativa das características para a diversidade baseou-se no método de Singh. As análises foram realizadas com o auxílio do programa GENES. Foram formados seis grupos considerando a análise de agrupamento UPGMA. As características que mais contribuíram para a diversidade genética foram número de sementes por fruto e diâmetro de fruto, enquanto as duas primeiras variáveis canônicas foram suficientes para explicar 77,1% da variação observada. Foi possível verificar ampla divergência genética entre os acessos utilizados. A maior distância genética encontrada foi entre os acessos GEN-15 e GEN-18 ($D^2 = 1565,17$), seguida dos acessos GEN-18 e GEN-26 ($D^2 = 1534,50$). Vale ressaltar que as estimativas dessas distâncias são de fundamental importância quando se deseja realizar cruzamentos entre acessos, visto que se deve considerar, além da característica desejada, a distância entre os prováveis genitores, utilizando sempre aqueles com maior distância e com características de interesse para o melhoramento.

Palavras-chave: *Capsicum*; Caracterização morfológica; Distância genética.

DISTÂNCIA GENÉTICA ENTRE CINCO ESPÉCIES DO GÊNERO PASSIFLORA POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Larissa Souza Vianna¹; Eileen Azevedo Santos¹; Alexandre Pio Viana¹; Messias Gonzaga Pereira¹; Helaine Christine Cancela Ramos¹; Telma Nair Santana Pereira¹

¹ Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Centro de Ciência e Tecnologia Agropecuárias; Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal; Campos dos Goytacazes – Rio de Janeiro; Brasil. E-mail para o autor de correspondência: telmasp2012@gmail.com.

Passiflora cristalina, *Passiflora miniata* e *Passiflora coccinea* são espécies silvestres morfológicamente próximas, apresentando caracteres florais semelhantes, em especial a cor e estrutura floral bem como a forma dos frutos, podendo ser confundidas no campo. Assim, considerando que algumas espécies apresentam características de híbridos interespecíficos naturais, esse trabalho foi realizado visando estimar a distância genética entre *P. cristalina*, *P. miniata*, *P. coccinea*, *P. edulis* e *P. setacea*, todas diploides com 18 cromossomos, via marcadores ISSR. Para tal, cada espécie teve o DNA extraído de folhas jovens, em *bulk*, e o protocolo utilizado foi o de Doyle e Doyle. Foram utilizados 18 iniciadores ISSR. Os dados obtidos a partir da amplificação dos iniciadores ISSR foram convertidos em uma matriz de valores binários, cuja presença da marca é identificada pelo número 1 e a ausência por 0, a partir da qual foi realizada análises de dissimilaridade através do complemento dos coeficientes de Coincidência Simples de Rogers e Tanimoto. O agrupamento das espécies foi feito por meio do método hierárquico UPGMA. Todos os 18 iniciadores apresentaram polimorfismo para as 5 espécies sendo produzidas um total de 79 bandas polimórficas. O número total de bandas produzidas por iniciador variou de 3 a 7. Verificou-se a formação de 4 grupos principais: o Grupo I foi formado pelas espécies *P. cristalina* e *P. coccinea* e os Grupos II, III e IV foram constituídos pela *P. miniata*, *P. setacea* e *P. edulis*, respectivamente. A menor distância genética foi observada entre *P. cristalina* e *P. coccinea* (0,54); já *P. miniata*, que ficou em um Grupo isolado, apresentou uma distância genética de *P. cristalina* no valor de 0,59 e de *P. coccinea* a distância foi de 0,67, portanto mais próxima de *P. cristalina*. A maior distancia genética foi observada entre *P. coccinea* e *P. setacea* (0,74). Os resultados preliminares indicam que as espécies estudadas são espécies distintas.

Palavras chave: Espécies silvestres; ISSR; Recurso Genético.

Agradecimentos: FAPERJ e UENF.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ATRAVÉS DA ANÁLISE CONJUNTA DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E MOLECULARES EM GENÓTIPOS DE MANGABEIRA

Carolina de Faria Cabral Paes Pereira e Barros¹; Fabiano Silva Soares²; Ana Aparecida Bandini Rossi³; Petterson Baptista da Luz³; Severino de Paiva Sobrinho³

1 Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas-UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil-E-mail: carolinnaf@gmail.com. 2 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas. 3 Professor-Departamento de Engenharia Agrônômica-UNEMAT/Cáceres-MT/Brasil.

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma fruteira com grande potencial para exploração comercial, encontrada com alta frequência no bioma Cerrado. O objetivo deste estudo foi avaliar a divergência genética entre genótipos de mangabeira através da análise conjunta de caracteres morfológicos e moleculares. Para tanto, foram mensurados 10 caracteres físicos e físico-químicos dos frutos e realizado a genotipagem molecular, utilizando 10 iniciadores entre sequências simples repetidas (ISSR) em 24 genótipos ocorrentes na região de Chapada dos Guimarães-MT. A contribuição de cada carácter para a divergência foi calculada pela análise de variância. O agrupamento entre os genótipos foi realizado pelo método UPGMA, utilizando-se da soma algébrica das matrizes de dissimilaridade dos dados morfológicos e moleculares obtidas com base no algoritmo de Gower e coeficiente de Jaccard, respectivamente. Houve diferenças significativas em todas as características do fruto: diâmetro longitudinal do fruto, diâmetro transversal do fruto, massa do fruto, número de sementes, massa total de sementes, massa da polpa mais casca, rendimento de polpa mais casca, sólidos solúveis totais, potencial hidrogeniônico e acidez titulável. A maior variação fenotípica foi encontrada na massa do fruto (18,43-59,96 g), enquanto que a menor variação fenotípica foi encontrada no rendimento de polpa mais casca (0,8484-0,9492) e potencial hidrogeniônico (3,53-4,41). Os 10 iniciadores ISSR produziram 57 bandas, que variaram de 300 a 1.300 pb, correspondendo a uma média de 5,7 bandas por iniciador. Todos os iniciadores apresentaram polimorfismo e 57,89% das bandas foram polimórficas. O agrupamento identificou quatro grupos distintos, mostrando que existe divergência genética entre os genótipos. O grupo 1 continha 62,5% de todos os genótipos, enquanto que os grupos 3, 2 e 4 continham 16,7, 12,5 e 8,3%, respectivamente, de todos os 24 genótipos avaliados. As combinações mais promissoras para futuras hibridizações dentro de um programa de melhoramento genético foram identificados entre os genótipos CHP26 e CHP30, e CHP01 e CHP20. Em conclusão, a análise conjunta dos caracteres morfológicos e marcadores ISSR é um método eficiente para estimar a divergência genética em mangabeira. Os autores agradecem à FAPEMAT pelo suporte financeiro, e a CAPES pela concessão de bolsa de mestrado.

Palavras-chave: *Hancornia speciosa* Gomes, bioma Cerrado, variabilidade genética.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM CARACTERES FÍSICOS DE FRUTOS DE GENÓTIPOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MACAÚBA DA EMBRAPA

Silvia Ferreira de Sá^{1*}; Léo Duc Haa Carson Schwartzaupt da Conceição³; Maria Madalena Rinaldi³; Ámena Ornelas Brito²; Marcelo Fideles Braga³; Nilton Tadeu Vilela Junqueira³

¹Estudante do Curso de Graduação em Agronomia ICESP/Águas Claras-DF. ²Estudante do Curso de Graduação em Agronomia União Pioneira de Integração Social/Planaltina-DF. ³Pesquisador(a) da Embrapa Cerrados/Planaltina-DF. *E-mail do autor para correspondência: sylviaferreirinha@gmail.com

A macaúba (*Acrocomia aculeata*), é uma palmeira nativa do cerrado reconhecida atualmente como uma espécie oleaginosa promissora. Seu aproveitamento econômico pode ser medido em termos energéticos, com o uso do óleo da polpa para produção de biodiesel e o endocarpo para carvão. O óleo das amêndoas destaca-se pelo percentual de ácido láurico, valorizados no mercado internacional por sua ampla utilização na indústria de alimentos e cosméticos. Além disso, a torta da polpa e da amêndoa (resíduo da extração do óleo) têm bom valor de comércio quando destinada à alimentação. Na região do Pantanal a farinha da polpa é utilizada para preparar sorvetes, bolos e outros produtos comestíveis. A conservação de recursos genéticos é garantia de genes para a sustentabilidade. Um dos pontos críticos para que o melhorista possa utilizar novos acessos de um banco de germoplasma é a carência de informação. A falta de dados quanto à caracterização prejudica o aproveitamento de acessos para fins de melhoramento. Neste sentido, o objetivo foi de estimar a divergência genética existente entre genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAGMC) com base em caracteres físicos do fruto. Foram analisados frutos de 42 plantas originados dos estados do Pará, Minas Gerais, São Paulo, Goiás e Distrito Federal. Os caracteres observados foram: volume do fruto e peso do epicarpo, polpa, endocarpo e amêndoa. A divergência genética foi estimada entre os genótipos por meio da distância Euclidiana. A análise de agrupamento foi efetuada pelo método UPGMA e a contribuição relativa dos caracteres para variabilidade total foi obtida com base na estatística de Singh (1981). O ponto de corte, com base na distância média geral, resultou na formação de três grupos, no entanto, não houve associação com a origem dos genótipos. Os caracteres volume do fruto e peso de polpa foram os que mais contribuíram para a divergência genética total com 42,1% e 32,2%, respectivamente. O coeficiente de correlação cofenético estimado (0,75) foi altamente significativo sugerindo associação entre a matriz de distância genética e o dendograma obtido. Existe variabilidade para os acessos estudados em relação aos caracteres físicos de frutos, possibilitando a escolha de genótipos em futuros cruzamentos e obtenção de recombinantes de acordo com os objetivos do programa de melhoramento.

Palavras-chave: Caracterização; Recursos Genéticos; *Acrocomia aculeata*.

Agradecimentos: À Embrapa, Finep, Petrobrás, MCTIC e CNPq

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TRADICIONAIS DE FEIJÃO ROXINHO COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS

Flávio Pereira dos Santos¹; Jaison Pereira de Oliveira²; Lázaro José Chaves¹

¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, GO, Brasil, ² Embrapa Arroz e Feijão, Email: flavioagron@gmail.com

O conhecimento da diversidade genética entre as cultivares tradicionais é útil aos melhoristas, por permitir melhor organização dos recursos genéticos e maior aproveitamento da diversidade genética. A análise de divergência genética por medidas de similaridade ou dissimilaridade podem ser estimadas com base em diferenças morfológicas. O objetivo deste trabalho foi identificar a existência de diversidade entre os acessos de feijoeiro comum do grupo Roxinho coletados no Estado de Goiás, pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão, por meio de descritores morfológicos. O material experimental foi formado por 32 acesso de feijoeiro comum do grupo Roxinho coletados no Estado de Goiás. Foi montado um experimento em casa de vegetação (caracterização morfológica). Foram utilizados dois vasos com três sementes por acesso, sem delineamento experimental. Os acessos foram caracterizados com base em 29 descritores morfoagronômicos qualitativos. Os descritores foram transformados em variáveis binárias resultando em 113 variáveis fictícias. Então foi obtida uma matriz de similaridade, utilizando o modelo de Harrison, que foi convertida em matriz de dissimilaridade; em seguida aplicou-se a análise de agrupamento pelo método UPGMA e para evidenciar a relação de divergência genética entre os acessos obteve-se o gráfico *Heat Map*. Os acessos mais divergentes foram os BGF0013282 x BGF0012274, BGF0012284 x BGF0012293, BGF0012293 x BGF0012284, BGF0012293 x BGF0011832, que apresentaram o menor valor de dissimilaridades 0,58. As maiores divergências foram observadas nos acessos BGF0012293 e BGF0013382 com dissimilaridades variando de 0,58 a 0,37. Não foram encontrados acessos redundantes. A maior similaridade foi de 0,95 entre os pares de acessos BGF0012262 x BGF0012261, BGF0012261 x BGF0012262, BGF0012285 x BGF0012336, BGF0012336 x BGF0012285. Pela análise de agrupamento os acessos foram agrupados em quatro grupos, com coeficiente de correlação cofenética (CCC) de 0,81, significativo pelo teste de Mantel ($P < 0,001$). O número de acessos por grupo variou de 15 a um. Verificou-se a formação de dois agrupamentos constituídos por apenas um acesso, apresentando os menores coeficientes de similaridade. De acordo o gráfico *Heat Map*, quanto maior a intensidade do vermelho menor é o coeficiente de dissimilaridade. Os acessos avaliados apresentam variabilidade genética. O método de Harrison foi eficaz em identificar os acessos que possuem maior similaridade. O método de agrupamento foi concordante com a matriz de dissimilaridade, onde os acessos foram agrupados de acordo com sua similaridade.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L; Divergencia genética; Modelo de Harrison.

DIVERSIDADE DO GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE DO ESTADO DE SANTA CATARINA

Dediel Rocha^{1*}; Gerson Henrique Wamser¹; Daniel Pedrosa Alves¹; João Vieira Neto¹

¹Epagri – Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina / Estação Experimental de Ituporanga. *E-mail do autor para correspondência: dedielrocha@epagri.sc.gov.br

A batata-doce é uma espécie nativa da América Central, normalmente propagada de forma vegetativa e tem recebido grande atenção da pesquisa devido às suas muitas vantagens agrícolas, como sua adaptabilidade a diferentes condições ambientais e seu valor nutricional. A Epagri tem realizado um trabalho de longa data na coleta e caracterização da diversidade de genótipos de batata-doce adaptados às condições do Estado de Santa Catarina. Uma forma prática e eficiente de se obter uma estimativa da diversidade em espécies vegetais e animais é por meio da análise de agrupamentos, a qual tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade fenotípica do germoplasma de batata-doce oriundo do Estado de Santa Catarina. O experimento foi conduzido na Epagri, na área da Estação Experimental de Ituporanga, em Ituporanga, SC. Foram avaliados 79 genótipos provenientes da coleção do banco ativo de germoplasma da Epagri. Foram inclusos também na avaliação 32 clones oriundos do programa de melhoramento, e 11 acessos obtidos de outras instituições. Os acessos foram plantados no campo com espaçamento de 30cm entre plantas e 1,5m entre fileiras. A parcela experimental foi composta por 7 plantas uteis. Onze caracteres morfológicos da parte aérea e cinco da raiz foram avaliados. A análise de agrupamento foi realizada usando o método UPGMA. Os acessos avaliados apresentaram alta variabilidade morfológica. Pigmentação da película e forma da raiz foram os descritores morfológicos com maior variabilidade, apresentando maior número de classes com significante percentual de indivíduos em cada classe. A maioria dos clones exibiu ramas verdes com manchas roxas (51%), raízes com coloração de película amarela (46%), coloração de polpa creme (73%) e formato das raízes redondo-elíptico (33%). A análise de agrupamento mostrou que os acessos foram agrupados em cinco grupos com base no teste de distância euclidiana. Os coeficientes de dissimilaridade calculados revelaram um índice com um valor médio de 0.79, sugerindo uma diversidade alta entre clones de batata-doce avaliados.

Palavras-chave: Ipomoea batatas; descritores morfológicos; agrupamento; UPGMA

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina – Fapesc, pela disponibilização de recursos.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE FEIJOEIRO POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Géssica Ferreira da Costa^{1*}; Pablo Diego Silva Cabral²; José Adalberto Gomes Alves³; Leandro Pavani de Oliveira³; Tatiele Costa Sousa³

¹Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, Rio Verde - GO. ²Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, Rio Verde - GO. ³Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, Rio Verde - GO. *gessica.ferreira81@yahoo.com.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é considerado uma cultura de grande importância socioeconômica, por ser uma fonte barata de nutrientes e por empregar grande quantidade de mão-de-obra. O estudo de diversidade genética tem sido de grande importância em programas de melhoramento por fornecerem informações sobre parâmetros de identificação de genitores que possibilitem grande efeito heterótico, maior segregação em recombinantes, aumentando a probabilidade do aparecimento de genótipos superiores nas progênes. Além disso, possibilita identificar duplicatas genéticas. Neste sentido, o presente trabalho teve por objetivos avaliar a diversidade genética entre 57 acessos de feijoeiro, sendo 31 genótipos locais pertencentes à comunidade Fortaleza no município de Muqui-ES, 20 fornecidos pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e seis cultivares comerciais: Carioca, Serrano, IAPAR 31, IAPAR 44, IAPAR 81 e Pérola, utilizando 20 iniciadores ISSR. Destes apenas 11 foram polimórficos, com um total de 51 bandas, destas 39 polimórficas, com média de 3,5 bandas polimórficas por *primer*, correspondendo a 76,4% de polimorfismo. O maior número de alelos por loco foi observado no iniciador 843, com seis alelos. O conteúdo de informação polimórfica variou de 0,19, do primer 890, até 0,48 obtido pelo primer UBC843 com média de 0,36. Os genótipos E22 e F07 juntamente com F16 e E19, apresentaram a menor dissimilaridade entre os pares 0,0. A maior distância genética (1,0) foi encontrada entre F16 para com outros três, Pérola, F08 e F13. A cultivar Pérola obteve a maior média de dissimilaridade com 0,76, demonstrando que essa cultivar tem uma alta divergência para os outros genótipos em estudo. A partir do ponto de corte de aproximadamente 50% no dendrograma, separaram os 57 genótipos em 11 grupos. Pela análise de agrupamento observou a tendência de agrupamento de acordo com o seu centro de origem, como observado no Grupo 10, com os genótipos de sementes de maior peso (F08, F33, F09, F34, F31 e F32). Não foi observado agrupamento de acordo com os grupos comerciais. Os genótipos locais e os provenientes da EMBRAPA apresentaram significativa diversidade genética, contudo, as cultivares comerciais apresentaram bases genéticas relativamente estreitas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Recursos genéticos; Genótipos crioulos.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MELANCIA COM RESISTÊNCIA À FUSARIOSE

Francine Hiromi Ishikawa¹; Antonio Elton da Silva Costa^{1*}; Fábio Sanchez da Cunha¹; Kecia Mayara Galvão¹; Alexandre Sandri Capucho¹; Izaías da Silva Lima Neto¹; Jerônimo Constantino Borel¹

¹Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf). *Email: antonio.elton@yahoo.com.br.

A melancia é uma olerícola amplamente cultivada no Brasil, onde as regiões Nordeste e Sul possuem o maior volume de produção do fruto. Na região Nordeste o cultivo da melancia é realizado tanto em escala empresarial como por agricultores familiares que realizam entre si constantes trocas de sementes. Essa prática comum entre esses produtores contribuiu na conservação da variabilidade existente para diversas características de interesse agrônomo. O que fez da agricultura tradicional, uma importante fonte de materiais para o melhoramento da melancia. Esse trabalho teve como objetivo realizar caracterização morfoagronômica de acessos de melancia identificados como resistentes a fusariose, coletados na agricultura tradicional e em plantas espontâneas. Foram conduzidos dois experimentos entre 2016 e 2017, avaliando-se 12 acessos de melancia (nove de *Citrullus lanatus* var. *lanatus* e três de *C. lanatus* var. *citroides*) mais testemunhas, as cultivares comerciais Charleston Gray e Sugar Baby. O delineamento usado foi DBC com três repetições e cinco plantas por parcela. Na caracterização, foram utilizadas 20 variáveis quantitativas e 28 variáveis qualitativas. Com esses dados realizou-se análises uni e multivariadas. Para essas últimas, obteve-se a matriz de dissimilaridade a partir da soma das matrizes das distâncias euclidiana média padronizada e ponderada, para as variáveis quantitativas e qualitativas, respectivamente. Com base nessa matriz foi realizado o agrupamento dos acessos usando-se o método de Ward, utilizando o aplicativo GENES. Observaram-se coeficientes de variação entre 3,98% e 31,20% na análise conjunta dos experimentos. Para a acurácia de seleção dos experimentos ocorreram valores de moderados a altos, variando entre 0,64 e 0,99. No agrupamento gerado pelo método de Ward foram formados três grupos principais quando o corte do dendrograma ocorreu na distância 39,20 de acordo com o método de Mojena. O valor da correlação cofenética para o agrupamento foi 0,88. O primeiro grupo foi formado por Charleston Gray, Sugar Baby, BGH/UNIVASF 174 e 40; o segundo pelos acessos BGH/UNIVASF 395, 398, 321, 210, 116, 177 e 169; e o terceiro grupo pelos acessos BGH/UNIVASF 185, 128 e 76 da variedade botânica *citroides*. De acordo com o desempenho morfoagronômico e a diversidade genética dos acessos pode-se indicar os acessos BGH/UNIVASF 40, 169, 177 e 210 como potenciais genitores em hibridações futuras.

Palavras-chave: caracterização; *Citrullus lanatus*; agricultura tradicional

Agradecimentos: CNPq e Capes

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA (*Manihot esculenta* Crantz) CULTIVADAS NO NORTE DE MATO GROSSO

Eliane Cristina Moreno de Pedri^{1*}; Auana Vicente Tiago¹; Elisa dos Santos Cardoso¹; Eulália Sobreira Soler Hoogerheide²; Oscar Mitsuo Yamashita¹; Ana Aparecida Bandini Rossi¹;

¹Universidade do Estado de Mato Grosso. Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil. PPGBioAgro, PPGBionorte/MT

²Pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, Mato Grosso, Brasil.

*E-mail do autor para correspondência: elicmbio@gmail.com.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma cultura tradicional, rica em carboidratos, que apresenta potencial para alimentação humana e animal, tanto na forma *in natura* quanto industrializada. Objetivou-se neste estudo avaliar a diversidade genética de quatro etnovariedades de mandioca cultivadas por agricultores familiares do município de Alta Floresta, Mato Grosso, utilizando marcadores microssatélites. Foi realizada coleta vegetal de dez indivíduos para cada etnovarietade, totalizando 40 indivíduos para extração do DNA. Quatorze locos microssatélites foram marcados com fluorescência FAM e HEX e posteriormente combinados em sistemas duplex para amplificação simultânea de dois diferentes locos. A amplificação foi realizada via PCR (Reação em Cadeia da Polimerase) e as amostras genotipadas em sequenciador automático. A diversidade genética foi estimada por meio do número de alelos por loco (A), da heterozigosidade esperada (He) e observada (Ho) sobre o equilíbrio de Hardy-Weinberg, do conteúdo de informação polimórfica (PIC) e do coeficiente de endogamia (*f*). Para estimar a estrutura genética populacional foi utilizado o programa STRUCTURE pela análise Bayesiana e o dendrograma obtido pelo método UPGMA utilizando o software Power Marker. Todos os locos analisados foram considerados polimórficos com média de 4,71 alelos/loco, onde estes apresentaram valores negativos de endogamia (média de -0,408), com média de He de 0,661 e de Ho de 0,937, o que sugere alto índice de heterozigosidade para a espécie. Os valores negativos de endogamia se deve à ocorrência de níveis maiores de Ho, em relação à He, para cada loco. Os 14 locos apresentaram PIC superior a 0,374, sendo então recomendados para estudo da divergência genética da mandioca. Os resultados indicam que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A análise bayesiana dividiu a população em dois grupos genéticos distintos, resultado similar ao apresentado pelo método de agrupamento UPGMA. O estudo indica que a alta variabilidade genética encontrada nas roças dos agricultores familiares apresenta características favoráveis para a conservação da espécie demonstrando os serviços ecossistêmicos que prestam, sendo mantenedores de variabilidade suficiente para uso em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Conservação; Microssatélites; Variabilidade genética.

Agradecimentos: CAPES; EMBRAPA; FAPEMAT; SEDUC/MT.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE ALFAFA (*Medicago sativa* L.) COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

Bianca Baccili Zanotto Vigna^{1*}; Renato Maldigamm Scorsolini Marchini²; Ana Carolina Bueno³; Frederico de Pina Matta⁴, Reinaldo de Paula Ferreira⁵

1, 4, 5Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos-SP. 2Universidade Estadual de São Paulo, Jaboticabal-SP. 3Universidade Federal de São Carlos, Araras-SP. *bianca.vigna@embrapa.br

A alfafa (*Medicago sativa* L.) é uma leguminosa originária do sudoeste da Ásia e é considerada uma das melhores plantas forrageiras para alimentação animal por conta de seu alto valor nutricional para ruminantes. É uma espécie alógama e autotetraploide, com $2n=4x=32$ cromossomos. No Brasil, seu cultivo se baseia, praticamente, na cultivar Crioula e a busca por cultivares com bom desempenho agrônômico e melhores adaptadas às condições tropicais se faz necessária. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de 78 genótipos de alfafa oriundos da Argentina com base em marcadores moleculares microssatélites (SSR). Foram coletadas folhas jovens de cada genótipo, das quais foram extraídos o DNA genômico total. Com base em levantamento na literatura, foram selecionados 29 marcadores SSR, os quais foram amplificados em reações em cadeia da polimerase (PCR) e resolvidos em gel de poliacrilamida 6% corados com nitrato de prata. Os fragmentos amplificados foram genotipados por presença (1) ou ausência (0) de DNA homólogo. Foi montada uma matriz binária para cálculo do coeficiente de dissimilaridade de Jaccard (D) e construído um dendrograma pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average*) de clusterização. Uma análise de *bootstrap* foi realizada com 1000 repetições. Os valores de PIC (*Polymorphism Information Content*) foram calculados para os locos amplificados. Onze locos apresentaram boa amplificação com temperatura de hibridização de 60°C ou 55°C e foram polimórficos nos acessos avaliados. Estes locos apresentaram 95 bandas, com uma variação de 3 a 16 bandas por loco, com média de 8,6 bandas por loco. Cinco locos ainda precisam ser genotipados em gel de poliacrilamida e 13 locos precisam ter suas condições de amplificação otimizadas. Com base nos 11 locos, os coeficientes D variaram de 0,36 (entre os genótipos 11 e 40) a 0,79 (entre 5 e 65), caracterizando uma grande variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A análise de *bootstrap* apresentou três nós com reprodutibilidade acima de 60%, os quais separam os genótipos em três grandes grupos. Estes resultados poderão ser utilizados para o direcionamento de cruzamentos visando a obtenção de populações sintéticas dentro do programa de melhoramento genético de alfafa realizado na Embrapa Pecuária Sudeste.

Palavras-chave: SSR; dissimilaridade genética; recursos genéticos

Agradecimentos: À Embrapa pelo auxílio financeiro

DIVERSIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PEQUIZEIRO (*Caryocar brasiliense* Camb.)

Paula Graciela dos Reis Sousa^{1*}; Ana Luísa Ferreira Camargos¹; Quênia de Andrade Silva¹; Carla Ferreira de Lima¹; Terezinha Aparecida Teixeira¹

¹Laboratório de Genética Molecular, Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Campus Patos de Minas, MG, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: paulagrsousa@gmail.com.

O Pequiizeiro (*Caryocar brasiliense* Camb.) é uma árvore frutífera de ampla ocorrência no Cerrado brasileiro que possui grande importância devido à utilização de seus frutos na culinária, além de possuir características que permitem seu uso para fins terapêuticos. Diante do cenário atual de crescente degradação do bioma Cerrado, a utilização das tecnologias disponíveis no âmbito da genética para ações de pesquisa e conservação da espécie são de grande importância visto que poucos estudos têm sido realizados com as espécies nativas do Cerrado, sendo necessárias pesquisas básicas a cerca das mesmas. Este trabalho teve como objetivo caracterizar genótipos de pequiizeiros e avaliar a diversidade genética de duas populações distintas dos municípios de Patos de Minas e Patrocínio através da utilização de marcadores moleculares AFLP. A extração do DNA a partir de 118 amostras de folhas coletadas foi feita através do método CTBA com modificações. Para a obtenção dos marcadores AFLP inicialmente o material genético foi clivado com as enzimas de restrição EcoRI e MseI, posteriormente foi feita a ligação de adaptadores moleculares. A seleção dos fragmentos a serem amplificados foi feita utilizando dois pares de *primers*, EcoRI-AAC/MseI-CAA e EcoRI-AGG/MseI-CTA. Os fragmentos amplificados através de PCR foram separados em gel de alta resolução através de eletroforese em poliácridamida. Através da análise AFLP foram obtidos um total de 123 polimorfismos. Por meio das análises feitas no programa GENES foram construídos dendrogramas que possibilitaram o agrupamento dos indivíduos em cinco grupos distintos geneticamente. O grande número de polimorfismos encontrados sugere que há grandes diferenças genéticas entre os indivíduos das populações, isto se deve principalmente ao fato de que a espécie ainda não passou por um processo de melhoramento. Mesmo as populações estando cercadas por áreas com alto grau de interferência humana, estas ainda conseguem conservar uma grande diversidade genética, sendo de extrema importância proteger estas áreas de preservação ambiental a fim de manter a diversidade existente. A partir dos dados obtidos através das análises dos grupos formados, podem ser elaboradas orientações para a formação de bancos de germoplasma, garantindo uma amostragem eficiente. Os resultados podem ainda ser utilizados no planejamento de possíveis cruzamentos dentro de um programa de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: Cerrado; marcadores moleculares; AFLP.

DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL EM POPULAÇÕES NATURAIS DE AÇAÍZEIRO

Jakeline Santos Cochev^{1*}; Jaine de Sousa dos Santos¹; Kelli Evelin Muller Zortéa¹; Auana Vicente Tiago¹; Rosieli Barboza Bispo¹; Ana Aparecida Bandini Rossi¹

¹Centro de Tecnologia da Amazônia Meridional/CETAM. Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, UNEMAT, Alta Floresta, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: jackcochev@gmail.com.

O açaí (*Euterpe precatoria* Mart.) é uma palmeira monocaule encontrada na Amazônia e apresenta grande importância econômica e social. O conhecimento de sua diversidade genética torna-se essencial para delinear estratégias de manejo e conservação. Este estudo objetivou avaliar a diversidade genética em três populações naturais de açaí no estado de Mato Grosso por meio de marcadores moleculares ISSR. Foram amostrados 25 indivíduos da população Alta Floresta/Pista do Cabeça (AFPC); 25 da população de Alta Floresta/Fazenda Sonho Meu (AFSM) e 25 da população Nova Bandeirantes (NBA). A extração de DNA do material foliar foi realizada seguindo o método CTAB, com modificações. Foram testados 40 marcadores ISSR, sendo selecionados os 10 que produziram maior número de bandas confiáveis e polimorfismo reproduzível nas amostras testadas. Os fragmentos de ISSR foram analisados como caracteres binários, presença (1) e ausência (0) de bandas. Para análises dos dados utilizou-se os softwares Structure, PopGene, GenAIEx e PowerMarker. Os *primers* utilizados amplificaram 91 fragmentos e revelaram 96,7% de polimorfismo total. O conteúdo de informação polimórfica (PIC) variou de 0,386 a 0,861, sendo nove *primers* considerados altamente informativos para a espécie. A população AFPC apresentou maior diversidade gênica de Nei ($H = 0,2993$), maior Índice de Shannon ($I = 0,4358$) e maior porcentagem de locos polimórficos ($P = 78,02\%$) em relação às outras duas populações AFSM ($H = 0,2583$ e $I = 0,3751$; $P = 64,84\%$) e NBA ($H = 0,2562$; $I = 0,3763$; $P = 65,93\%$). A estimativa do fluxo gênico (Nm) foi 1,2874. A análise de variância molecular revelou que 30% da variação genética total encontra-se entre as populações e 70% dentro das populações. A análise bayesiana evidenciou a formação de três grupos, sendo cada grupo constituído de uma das populações amostradas com apenas um indivíduo da população AFPC agrupado com a população NBA. A análise das coordenadas principais apresentou resultado similar ao agrupamento do *Structure*, revelando assim uma estruturação genética das populações de açaí na Amazônia mato-grossense. Este estudo confirmou a existência de diversidade genética nas três populações naturais de açaí avaliadas. Recomenda-se que estas populações sejam preservadas, a fim de garantir a manutenção da variabilidade genética e a conservação efetiva da espécie na Amazônia mato-grossense.

Palavras-chave: *Euterpe precatoria*; Amazônia mato-grossense; Recursos genéticos

Agradecimentos: FAPEMAT; CAPES; UNEMAT.

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE TOMATEIRO SOB DÉFICIT HÍDRICO

Igor Oliveira Pontelo^{1*}; Herika Paula Pessoa¹; Leticia Assis Barony Valadares Fonseca¹; Flávia Maria Alves¹; Mariane Gonçalves Ferreira¹; Carlos Nick¹

¹Universidade Federal de Viçosa. *Ponteloigor@gmail.com

Dentre os fatores ambientais limitantes à produção agrícola, destaca-se entre os mais severos, a seca. O regime hídrico é uma das características climáticas de maior peso no zoneamento agrícola do tomateiro. Diante disso, faz-se necessário o desenvolvimento de cultivares de tomateiro cada vez mais produtivas e adaptadas ao déficit hídrico. A busca por materiais tolerantes à condição de seca, por meio do melhoramento genético, é reconhecida como a estratégia mais eficiente para mitigar a insegurança alimentar causada pela escassez de água. O estudo da diversidade entre indivíduos é geralmente realizado com o objetivo de identificar genótipos com interesse específico e dividir os genótipos em grupos heteróticos. Neste sentido, objetivou-se estudar a diversidade genética de acessos de tomateiro e selecionar acessos com potencial para tolerância ao estresse hídrico que servirão como fonte de alelos para os programas de melhoramento. Foram avaliados 48 acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa e duas cultivares. Esses acessos e cultivares foram submetidos ao potencial osmótico de -0,3 Mpa e as características avaliadas foram: germinação (%), comprimento de hipocótilo (cm), comprimento de radícula (cm), matéria seca (g) e índice de velocidade de germinação (IVG). Utilizou-se o delineamento experimental inteiramente casualizado com quatro repetições. Para a seleção dos acessos com potencial para utilização em programa de melhoramento para tolerância ao estresse hídrico, realizou-se análise de componentes principais e a separação dos acessos e cultivares em grupos pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando como medida de distância a Distância Euclidiana Média Padronizada. As variáveis que contribuíram para a discriminação dos acessos tolerantes ao déficit hídrico foram IVG e matéria seca. Os acessos formaram três grupos distintos a um nível de aproximadamente 70% de divergência genética. Os acessos BGH-6904 e BGH-6906 apresentam potencial para a tolerância à seca, podendo ser utilizados na ampliação da base genética em programas de pré-melhoramento e melhoramento do tomateiro.

Palavras-chave: Agrupamento; Materiais tolerantes; Estresse hídrico

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PLANTAS DA CULTIVAR DE FEIJÃO CARIOCA BRSMG UAI COM BASE EM MARCADORES SSR

Gabriella R. Marinho^{1,2}; Luana A. Rodrigues²; Ariane G. Costa²; Leonardo C. Melo²; Helton S. Pereira²; Thiago Lívio P.O. Souza^{2*}

¹Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, GO; ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. *E-mail: thiago.souza@embrapa.br

A cultivar de feijoeiro-comum BRSMGUai, desenvolvida no âmbito do programa de melhoramento conduzido em parceria pela Embrapa Arroz e Feijão, Epamig, UFLA e UFV, está recomendada para cultivo em Minas Gerais. Ela se destaca pela sua arquitetura de planta ereta, que viabiliza a colheita mecânica direta, e por apresentar alto potencial produtivo, grãos cariocas com padrão comercial superior e resistência à antracnose nas regiões produtoras de feijão em Minas Gerais. BRSMGUai se originou a partir de um programa de seleção recorrente envolvendo 10 genitores, o qual é conduzido na UFLA para arquitetura de planta ereta associada à alta produtividade e qualidade comercial de grãos carioca. A progênie RP-1 que originou a cultivar BRSMG Uai foi selecionada na geração S_{0:5}. Variabilidade para características morfológicas e fenológicas tem sido observada entre plantas de BRSMGUai durante o processo de produção de sementes do melhorista. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar a diversidade genética entre plantas dessa cultivar amostradas no bloco inicial de produção de sementes do melhorista, com base em marcadores SSR. Foram analisadas 294 plantas individuais de BRSMG Uai e três controles, sendo duas plantas de grãos preto identificadas nessa cultivar e BRS Estilo. O DNA genômico foi extraído a partir do tecido foliar das plantas analisadas, utilizando o método CTAB. As reações de amplificação do DNA e de eletroforese capilar foram realizadas conforme protocolo padrão do Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão. Foram utilizados 22 marcadores SSR, distribuídos em quatro painéis multiplex. As medidas de distância genética entre as amostras foram obtidas utilizando o complemento dos índices de similaridade ponderados, a partir dos dados gerados por todos os marcadores SSR, monomórficos e polimórficos. Das 294 plantas de BRSMG Uai, 202 (68,7%) apresentaram 100% de similaridade genética entre si, além de serem homocigotas em todos os 22 locos SSR amostrados. Estas plantas individuais foram selecionadas para seguirem no processo de produção de sementes e seu perfil molecular definiu um padrão genotípico para a cultivar BRSMGUai. Esse perfil poderá ser aferido em etapas seguintes da produção de sementes. Entre as 92 plantas restantes (31,3%), 80 (27,2%) apresentam similaridade genética entre 90,5% e 97,7%, 10 (3,4%) entre 81,8% e 89,5% e duas (0,7%) de 72,7% e 78,1%. Entre os controles, as plantas de grãos preto apresentaram similaridade genética de 75,0% e 77,3%, e BRS Estilo de 59,1%.

Palavras-chave: identidade genética; marcadores microssatélites; produção de sementes

DIVERSIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS EM ACESSOS DE *Capsicum chinense*

Iris Shimano^{1*}; Fernando Angelo Piotto¹; Elizabeth Ann Veasey¹

¹Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” - USP.
*iris.shimano@usp.br

A caracterização de acessos consiste em uma das etapas iniciais para o conhecimento do banco de germoplasma, importante para a manutenção da diversidade e para o planejamento e condução de programas de melhoramento genético. As pimentas do gênero *Capsicum* são originárias das Américas Central e do Sul, sendo o Brasil um importante centro de diversidade, principalmente para a espécie *Capsicum chinense*. Esta espécie, assim como o restante do gênero, apresenta grande variabilidade morfológica, porém destaca-se por possuir sabor e aroma característico. Neste contexto, objetivou-se a caracterização morfológica de 38 acessos de *C. chinense* do banco de germoplasma da ESALQ/USP. O experimento foi instalado no município de Piracicaba/SP, em área experimental do campus da ESALQ/USP. A caracterização teve como base 13 descritores morfológicos recomendados pelo IPGRI, sendo estes a cor da antera, posição do estigma, formato da folha, hábito de crescimento, forma do fruto, forma do ápice do fruto, superfície do fruto, cor do fruto maduro, presença de pungência, altura da planta, comprimento, diâmetro e peso do fruto. Para a análise de agrupamento e confecção da matriz de dissimilaridade utilizou-se o algoritmo de Gower e o método aglomerativo UPGMA. Os acessos foram classificados em seis grupos. Os grupos I, II, III e IV correspondem aos acessos que apresentaram pungência (81,58%), enquanto que os grupos V e VI correspondem aos não pungentes (18,42%). O grupo I, formado por quatro acessos, apresentou frutos menores com comprimento médio de 1,26cm a 1,95cm e ápice arredondado. O grupo II, composto unicamente por variedades do tipo Habanero (seis acessos), apresentou frutos retangulares e posição do estigma inserido ou levemente acima das anteras. No grupo III (quatro acessos) o hábito de crescimento foi ereto e todos os frutos foram do tipo campanulado. O grupo IV representou o maior grupo (17 acessos), onde predominaram frutos alongados e pontiagudos, incluindo as variedades Murupi e Bhut. No grupo V (quatro acessos), onde estão contidas as variedades do tipo Biquinho, a superfície dos frutos foi lisa e o peso variou de 1,46g a 2,34g, diferenciando do grupo VI (três acessos), com frutos enrugados ou semienrugados e peso de 7,76g a 12,61g. A coloração dos frutos maduros, apesar de não contribuir para a separação dos grupos, apresentou grande variabilidade, com frutos vermelho (45%), salmão (15%), laranja (12,5%), marrom (12,5%), amarelo (7,5%), amarelo limão (5%) e amarelo laranja (2,5%). Este estudo mostrou a existência de grande variabilidade morfológica entre os acessos de pimenta da espécie *C. chinense* do banco de germoplasma da ESALQ/USP.

Palavras-chave: Pimentas; diversidade genética; banco de germoplasma.

EFEITO DE REGULARES VEGETAIS ANTES E APÓS O ARMAZENAMENTO DE SEMENTES DE CULTIVARES DE MARACUJAZEIRO DOCE CV. BRS MEL DO CERRADO

Roberto Vieira de Carvalho¹; Fábio Gelape Faleiro²; Jamile da Silva Oliveira¹; Ana Maria Costa²; Juaci Vitoria Malaquias² e Juliano Gomes Pádua³

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Cerrados. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor para correspondência: (roberto.carvalho@embrapa.br).

O uso de reguladores vegetais vem sendo preconizado para auxiliar a germinação de sementes e a emergência de plântulas das passifloras, facilitando ou em alguns casos, viabilizando o processo de produção de mudas de espécies silvestres e cultivares de maracujazeiro. A possibilidade de tratar as sementes com regulador vegetal antes do armazenamento pode ser uma inovação, que pode vir a melhorar o processo de comercialização de cultivares de maracujazeiro que necessitam de tratamento de sementes para melhorar a porcentagem de germinação. Sendo assim, objetivou-se avaliar o efeito de regulares vegetais antes e após o armazenamento de sementes de cultivares de maracujazeiro doce cv. BRS Mel do Cerrado. O experimento foi realizado no laboratório de sementes da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O experimento foi instalado no delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 6 x 4 x 2, sendo quatro tratamentos de sementes [1=testemunha; 2=imersão em água por 72 horas; 3=imersão em Promalin[®] (300 ppm do princípio ativo) por 20 minutos; 4=imersão em GA3 (300 mg/L) por 72 horas; 5=imersão em Promalin[®] (300 ppm do princípio ativo) por 20 minutos; 6= imersão em GA3 (300 mg/L) por 72 horas], quatro tempos de armazenamento das sementes [1=sementes armazenadas por 30 dias; 2=sementes armazenadas por 60 dias; 3=sementes armazenadas por 90 dias e 4=sementes armazenadas por 120 dias] e dois substratos (1=areia; 2=Carolina Padrão[®]). Foram realizadas quatro repetições de seis sementes, totalizando 160 parcelas experimentais. Foram avaliadas a porcentagem de emergência de plântulas e o índice de velocidade de emergência. Houve efeito significativo dos tratamentos e suas interações para as duas variáveis analisadas. A maior porcentagem de emergência (91%) e o maior índice de velocidade de emergência (20) foram apresentadas no tempo de 120 dias de armazenamento usando o regulador vegetal Promalin[®] tanto antes quanto após armazenamento das sementes. Esses resultados, abrem uma nova possibilidade de uso dos reguladores vegetais antes da etapa de embalagens das sementes, sendo possível o tratamento das sementes antes da comercialização. Esse resultado tem um imenso valor prático, pois, poderá evitar que o produtor de mudas necessite adquirir o seu próprio regulador vegetal, além de eliminar a etapa de tratamentos das sementes, o que gera muito trabalho para o produtor ou viveirista.

Palavras-chave: *Passiflora alata* Curtis, sementes pré-tratadas, produção de mudas

EFEITO DE REGULARES VEGETAIS ANTES E APÓS O ARMAZENAMENTO DE SEMENTES DE *Passiflora setacea* CV. BRS PÉROLA DO CERRADO

Roberto Vieira de Carvalho¹; Fábio Gelape Faleiro²; Jamile da Silva Oliveira¹; Ana Maria Costa²; Juaci Vitoria Malaquias² e Juliano Gomes Pádua³

²Universidade de Brasília, Embrapa Produtos e Mercado. ²Embrapa Cerrados. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *E-mail do autor para correspondência: (fabio.faleiro@embrapa.br).

Para potencializar a germinação de sementes e emergência de plântulas de diversas espécies tem se preconizado o uso de reguladores vegetais. No caso dos maracujás, esses reguladores facilitam e muitas vezes viabilizam o processo de produção de mudas de espécies silvestres e comerciais, como é o caso da *Passiflora setacea* cv. BRS Pérola do Cerrado. A possibilidade de tratar as sementes com regulador vegetal antes do armazenamento pode ser uma inovação, que pode vir a melhorar o processo de comercialização de cultivares de maracujazeiro que necessitam de tratamento de sementes para melhorar a porcentagem de germinação. Neste trabalho, objetivou-se avaliar o efeito de regulares vegetais antes e após o armazenamento de sementes da cultivar de maracujazeiro BRS Pérola do Cerrado. O experimento foi realizado no laboratório de sementes da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O experimento foi instalado no delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 6 x 4 x 2, sendo quatro tratamentos de sementes [1=testemunha; 2=imersão em água por 72 horas; 3=imersão em Promalin[®] (300 ppm do princípio ativo) por 20 minutos; 4=imersão em GA3 (300 mg/L) por 72 horas; 5=imersão em Promalin[®] (300 ppm do princípio ativo) por 20 minutos; 6= imersão em GA3 (300 mg/L) por 72 horas], quatro tempos de armazenamento das sementes [1=sementes armazenadas por 30 dias; 2=sementes armazenadas por 60 dias; 3=sementes armazenadas por 90 dias e 4=sementes armazenadas por 120 dias] e dois substratos (1=areia; 2=Carolina Padrão[®]). Foram realizadas quatro repetições de seis sementes, totalizando 160 parcelas experimentais. Foram avaliadas a porcentagem de emergência de plântulas e o índice de velocidade de emergência. Houve efeito significativo dos tratamentos e suas interações para as duas variáveis analisadas. A maior porcentagem de emergência (70,83%) e o maior índice de velocidade de emergência (13,63) foram apresentadas no tempo de 90 dias de armazenamento usando o regulador vegetal Promalin[®] tanto antes quanto após armazenamento das sementes. Esses resultados, abrem uma nova possibilidade de uso dos reguladores vegetais antes da etapa de embalagens das sementes, sendo possível o tratamento das sementes antes da comercialização. Esse resultado tem um imenso valor prático, pois, poderá evitar que o produtor de mudas necessite adquirir o seu próprio regulador vegetal, além de eliminar a etapa de tratamentos das sementes, o que gera muito trabalho para o produtor ou viveirista.

Palavras-chave: *Passiflora setacea* DC., sementes pré-tratadas, produção de mudas

ELIMINAÇÃO DE DESCRITORES NA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE *Capsicum* POR MEIO DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Gabriella Queiroz de Almeida^{1*}; Felipe de Oliveira Dias¹; Yenny Paola Fajardo Gómez¹; Flávia Maria Alves¹; Mariane Gonçalves Ferreira¹; Carlos Nick¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia. Av. Ph Rolfs Campus 36570-900 - Viçosa, MG - Brasil.
*gabriellaqueirozalmeida@hotmail.com.

O gênero *Capsicum* pertence à família Solanaceae e é composto por pimentas e pimentões. Além de relevante importância alimentar, os pimentões e as pimentas têm recebido atenção devido a seu potencial nutracêutico. O Brasil é considerado um importante centro de diversidade do gênero *Capsicum*. Por este motivo, é imprescindível que trabalhos relacionados à coleta, caracterização, avaliação e conservação de germoplasma sejam realizados, para que informações acerca dessa variabilidade sejam fornecidas, tornando-a passível de utilização em programas de melhoramento. O Banco de Germoplasma de hortaliças conta com 1090 acessos de *Capsicum*. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi determinar as variáveis que menos contribuem para a identificação da diversidade genética dentro do gênero. O experimento foi conduzido em campo na Unidade de Ensino e Extensão “UEPE - Horta Velha” do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, utilizando-se o delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições e cinco plantas por parcela, sendo úteis as três plantas centrais. Foram avaliados 41 acessos de *Capsicum* do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH/UFV), pertencentes às espécies domesticadas *C. annuum* var. *annuum*, *C. baccatum* var. *pendulum*, *C. baccatum* var. *baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens*. Para o estudo da diversidade genética foi feito a análise de componentes principais (via software Genes) para 17 descritores propostos pelo *International Plant Genetic Resources Institute* - IPGRI (1995) para o gênero *Capsicum*, são eles: Cor da haste (CH); Formato da folha (FF); Dias até a floração (DF); Número de flores por axila (NFA); Posição da flor (PF); Cor da corola (CC); Cor da mancha da corola (CMC); Cor da antera (CA); Construção anelar do cálice (CAC); Cor do fruto imaturo (CFI); Cor do fruto maduro (CFM); Formato do fruto (FFr); Comprimento do fruto (CF); Largura do fruto (LF); Massa do fruto (MF); Formato da junção do fruto com o pedicelo (FFP); Formato do ápice do fruto (FAF). Os caracteres de maior peso nos últimos componentes principais são os que menos contribuem para explicar a diversidade genética entre os acessos, os quais foram: DF, NFA, CA, PF, FF, FAF, CAC, CFI, FFP e CC respectivamente.

Palavras-chave: pimenta; pimentão; recursos genéticos

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo apoio financeiro; ao suporte da UFV e aos funcionários da “Horta experimental” pela contribuição prestada nas atividades de campo.

ENXERTIA DE GENÓTIPOS SUPERIORES EM CASTANHEIRA-DO-BRASIL PARA A FORMAÇÃO DE UM JARDIM CLONAL

Aisy Botega Baldoni^{1*}; Adailthon Jourdan Rodrigues Silva²; Bruno Vindilino Roelis³; Lucas Lodo Pereira²; Flávio Dessaune Tardin⁴; Hélio Tonini¹

¹Embrapa Agrossilvipastoril. ²Universidade Federal de Mato Grosso. ³Universidade do Estado de Mato Grosso. ⁴Embrapa Milho e Sorgo. *aisy.baldoni@embrapa.br.

A castanheira-do-brasil (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) possui sementes com alto valor nutricional e comercial, o que a torna uma importante espécie florestal. No plantio comercial da castanheira há um grande interesse na enxertia das plantas, que possibilita uma precocidade na produção de frutos. A enxertia é realizada quando as plantas estão estabelecidas no campo, e quando atingem um diâmetro mínimo do caule, que permite a aplicação dessa técnica e o sucesso no pegamento do enxerto. Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi avaliar o pegamento da enxertia em castanheira-do-brasil utilizando materiais genéticos superiores, visando à formação de um jardim clonal. Para isso, em janeiro de 2017 foram enxertadas 46 plantas, provenientes de mudas de viveiro transplantadas para a área experimental da Embrapa Agrossilvipastoril, em novembro de 2015. A enxertia por borbúlia foi realizada por profissional especializado, e os enxertos utilizados vieram de genótipos selecionados, que apresentam boa produção de frutos e características morfológicas desejáveis (P1-41, P1-79, MPI, SFI, SFII, 606, 609), sendo enxertadas pelo menos quatro plantas com cada genótipo. Foi calculada a porcentagem de pegamento do enxerto três meses após a enxertia e foi observado que das 46 plantas enxertadas, 27 (58,7%) obtiveram o pegamento do enxerto no porta-enxerto, ou seja, o tecido enxertado estava vivo. Destas 27, apenas 9 (19,57% do total de plantas enxertadas) emitiram brotações e folhas no período de 3 meses. Dos materiais genéticos enxertados, não houve sucesso no pegamento de três (P1-41, 606 e 609), sugerindo que fatores associados à qualidade do material enxertado (borbulha) ou relacionados ao porta-enxerto podem ter influenciado no pegamento. A taxa de pegamento nos três primeiros meses de avaliação foi baixa, demonstrando a necessidade de planejamento para o sucesso da implantação de um plantio de castanheira-do-brasil.

Palavras-chave: *Bertholletia excelsa*; borbúlia.

Agradecimentos: À FAPEMAT e a Embrapa pelo recurso para a realização desse trabalho e ao CNPq pela bolsa de produtividade concedida ao quinto autor.

ESTABELECIMENTO DE UM PROTOCOLO DE EXTRAÇÃO DE DNA, PARA *Portulacca hatschbachii*

Daniele C. Feliciano^{1*}; Sara Godoy²; Bruna Góes³; Camila Chaves⁴; Luana Massucato⁵, Lucas Benicio⁶, Paulo Ruas⁷. *daniele.uenp@gmail.com

¹²PPG Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Londrina. ³⁴⁵PPG em Agronomia, UEL. ⁶Colaborador do Departamento de Biologia Geral, UEL. ⁷Prof. do Departamento de Biologia Geral, UEL.

Estudos de plantas com propriedades terapêuticas produzem medicamentos chamados de fitoterápicos. Das 250 mil espécies medicinais catalogadas pela *United Nations Educational Scientific and Cultural Organization* (UNESCO), 20% são encontradas no Brasil. Nessa vertente, o gênero *Portulacca*, caracterizado por ervas suculentas perenes ou anuais é ressaltado, tanto por suas propriedades terapêuticas, importância em áreas agrícolas e paisagismos. A espécie *P. pilosa* têm função hepatoprotetora, antidiarreica e diurética, usada em emplastos no tratamento de queimaduras, erisipelas e outros ferimentos. A espécie *P. oleracea* é utilizada para tratamentos de úlceras, inflamações e como vermífugo, além de servir como alimento para animais e na culinária. Outra herbácea do gênero, *P. hatschbachii*, tem ocorrência em formações campestres do Paraná e, devido a excessiva exploração do solo dessas áreas, se encontra no livro das espécies ameaçadas de extinção. A escassez de informações sobre *P. hatschbachii* incentivou a identificação destes riscos e buscar entender a variabilidade genética contida nas populações remanescentes por meio de marcadores moleculares como uma tentativa de propor estratégias de conservação da espécie. Para este propósito o isolamento do DNA é uma etapa crucial. Protocolos tradicionais para extração de DNA vegetal utilizam o tampão CTAB (*Cetyl trimethyl ammonium Bromide*), entretanto, quando aplicados em plantas suculentas, estes protocolos em geral, levam à obtenção de um produto final viscoso e problemático em reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Assim o objetivo foi estabelecer um protocolo que possibilitasse eliminar metabólitos secundários que interferem na integridade do DNA. Foram testados nove protocolos de extração, dinamizando a maceração com nitrogênio líquido (cadinho e extrator), qualidade das folhas (secas/em sílica gel e frescas/congeladas), uso de Proteinase K, lavagem com clorofórmio - álcool isoamílico 24:1 (uma e duas vezes), concentração de CTAB (2% e 5%) e β -mercaptoetanol (5 μ l e 20 μ l). Ficou estabelecido o uso do extrator com 150mg de folhas secas em sílica, tampão CTAB 5% com proteínase K incubadas a 65°C por uma hora, com 20 μ l de β -mercaptoetanol e duas lavagens com clorofórmio – álcool isoamílico. Aplicando este protocolo observou-se que as amostras de DNA apresentaram ótima qualidade, tanto em pureza quanto em integridade, sendo adequadas para dar continuidade ao projeto proposto.

Palavras-chave: Suculentas; Protocolo de extração; Flora em extinção.

Agradecimentos: CNPq; Herbário FUEL.

VIABILIDADE POLÍNICA DO *Zingiber officinale* R. POR MEIO DE MÉTODOS COLORIMÉTRICOS

Elisa dos Santos Cardoso^{1*}; Eliane Cristina Moreno de Pedri¹; Alex Souza Rodrigues¹; Uéilton Alves de Oliveira¹; Auana Vicente Tiago¹; Ana Aparecida Bandini Rossi¹

¹Universidade do Estado de Mato Grosso. Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias. Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, Alta Floresta, Mato Grosso, Brasil. PPGBioAgro, PPGBionorte/MT. *E-mail do autor para correspondência: elisabyo@gmail.com

O gengibre (*Zingiber officinale* Roscoe) pertence à família Zingiberaceae, tem origem asiática, contudo apresenta distribuição pantropical, sendo introduzido no Brasil ainda no século XVI durante o processo de colonização. É uma planta herbácea com flores zigomorfas e monoicas, que apresenta autoincompatibilidade e alta esterilidade, sendo propagada vegetativamente a partir do rizoma. Estudos relacionados à viabilidade polínica avaliam o potencial de fecundação do gameta masculino, bem como sua integridade e são importantes tanto para o estudo da biologia reprodutiva quanto para programas de melhoramento genético e conservação da biodiversidade. Partindo desse pressuposto, objetivou-se com este trabalho avaliar a viabilidade polínica do gengibre por meio de três testes colorimétricos: Lugol Sudam IV e Carmim Acético 2%. Para os testes foi utilizado um mix contendo botões florais oriundos de dez genótipos coletados no município de Alta Floresta, Mato Grosso. Os botões florais foram coletados e fixados em Carnoy (3:1, etanol: ácido acético glacial) por um período de 24h, logo após foram transferidos para álcool 70% e armazenados em refrigerador à 4° C até o preparo das lâminas. Com auxílio de uma pinça, as anteras foram retiradas e colocadas sobre uma lâmina de vidro com uma gota do corante a ser testado, foram maceradas com auxílio de um bastão de vidro e, após a retirada dos resíduos, foram cobertas por uma lamínula. Para visualização, utilizou-se microscópio óptico, binocular, com aumento de 100x e aplicou-se o método de varredura para contabilização de 250 grãos de pólen por lâmina. Foram avaliados e contabilizados grãos de pólen coletados de flores em antese, cujo diâmetro variou de 158 a 219 µm, com média de 183 µm. Para cada um dos corantes testados confeccionou-se 8 lâminas, totalizando 2.000 grãos de pólen por corante. A partir dos dados observados, calculou-se a percentagem de grãos de pólen viáveis, sendo os resultados submetidos à ANOVA e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade utilizando o programa Genes. Os corantes Lugol e Sudam IV revelaram percentual médio de viabilidade polínica de 64,25% e 34,15%, respectivamente, sugerindo que os lipídios não sejam a principal reserva energética no pólen da espécie, uma vez que Sudam IV identifica lipídios e o Lugol, o amido presente nas células. Para o carmim acético 2%, que avalia a integridade de estruturas celulares como núcleo e parede celular, a média de viabilidade foi de 65,45%, não diferindo estatisticamente dos resultados encontrados com o lugol. Os dados obtidos pelos três corantes indicam que a viabilidade polínica do gengibre é baixa, o que pode estar relacionado à alta esterilidade da espécie.

Palavras-chave: Pólen; Fertilidade; Zingiberaceae.

Agradecimentos: SEDUC/MT, CAPES, UNEMAT, PPGBioAgro, PPGBionorte/MT.

ESTRUTURA POPULACIONAL DE ETNOVARIEDADES DE MANDIOCA, CULTIVADAS NO MUNICÍPIO DE ALTA FLORESTA, MT, BRASIL

Auana Vicente Tiago^{1*}; Eliane Cristina Moreno de Pedri¹; Elisa dos Santos Cardoso¹; Poliana Vicente Tiago¹; Adriano Aygnes Carpejani¹; Eulália Soler Sobreira Hoogerheide²; Ana Aparecida Bandini Rossi¹

¹Universidade do Estado de Mato Grosso–UNEMAT. Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias. Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, Alta Floresta, MT, Brasil. ²Pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: auanavt@gmail.com.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) desempenha papel considerável como cultura alimentar. No Brasil é cultivada principalmente por agricultores de baixa renda, condição que garante a diversidade genética a essa cultura. O objetivo deste trabalho foi avaliar a estrutura populacional de 17 etnovariedades de mandioca cultivada no norte do estado de Mato Grosso, por meio de marcadores ISSR. Foram selecionados e amostrados 17 etnovariedades de mandioca em propriedades rurais pertencentes ao município de Alta Floresta, MT, no ano de 2015. Folhas jovens dos indivíduos foram coletadas após 4 meses de plantio. O DNA foi extraído de aproximadamente 100 mg de tecido foliar com base no protocolo de CTAB. Os fragmentos de ISSR foram analisados como caracteres binários, presença (1) e ausência (0) de bandas. Os quinze *primers* selecionados produziram um total 120 locos ISSR. A análise da estrutura populacional das 17 etnovariedades de mandioca, pelo Structure, revelou a formação de dois grupos distintos de acordo com Delta K (AF1 e AF2). O grupo AF1 constituiu-se de 12 indivíduos e o grupo AF2 por 5 indivíduos. A análise de agrupamento UPGMA separou os genótipos em três grupos, sendo o grupo I composto de dois genótipos e o grupo II com apenas um genótipo. O último grupo alocou quatorze genótipos, entre estes se encontra nove genótipos do grupo AF1 resultante do Structure, subdividindo-se em quatro subgrupos. Os valores para os índices de diversidade de Nei e Índice de Shannon foram maiores para o grupo AF1 (0.2030 e 0.3094, respectivamente). A análise de variância molecular (AMOVA) indicou que 14,00% da variância total está entre os grupos e 86,00% dentro dos grupos, revelando que a maior diferenciação genética está ocorrendo de forma intrapopulacional. Os métodos utilizados foram eficientes em separar as etnovariedades em grupos distintos, indicando diversidade entre as amostras avaliadas. Os genótipos mais divergentes geneticamente foram 15, 16 e 17. Portanto as mandiocas analisadas, proveniente do uso dos agricultores revelam que as etnovariedades mantidas *on farm* apresentam um importante recurso genético, que deve ser preservado e conservado, pois poderão ser utilizados em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; Melhoramento Genético; Marcadores Moleculares

Agradecimentos: FAPEMAT/CAPES; UNEMAT.

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES TRADICIONAIS DE MANDIOCA-DE-MESA COLETADAS NAS REGIÕES CENTRO-OESTES, SUDESTE E SUL DO BRASIL

Alex Henrique Tiene Ortiz¹; Pedro Soares Vidigal Filho^{1*}; Vanesca Priscila Camargo Rocha¹; Rebecca Caroline Ulbricht Ferreira¹; Tiago Maretti Gonçalves¹; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal¹

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Universidade Estadual de Maringá *Autor Correspondente: e-mail:vidigalfilho@gmail.com

A mandioca-de-mesa é encontrada principalmente em pequenas áreas cultivadas pelos agricultores, e que são denominadas cultivos de “fundo de quintal”. Em geral, é nesse sistema de cultivo que se encontra grande parte do germoplasma tradicional disponível da espécie, cujo potencial genético ainda foi pouco estudado. O presente estudo teve por objetivos avaliar, por meio de marcadores moleculares microssatélites (SSR), a estrutura populacional e a diversidade genética de cultivares tradicionais de mandioca-de-mesa coletadas em lavouras de “fundo de quintal” nas regiões Centro-Oeste, Sudeste e Sul do Brasil. A análise de diversidade genética das cultivares revelou polimorfismo de todos os SSR analisados, com uma média de 6,33 alelos por *locus*. O valor médio de PIC de 0,6057 evidenciou que os *primers* foram altamente informativos em sua maioria. Os SSR foram altamente heteróticos propiciando a detecção de elevados índices de diversidade genética entre as cultivares. Os valores de heterozigosidade observada variaram entre 0,0709 (SSRY 101) e 0,9398 (GA 12), com uma média de 0,6511. Com relação à diversidade genética, a média obtida foi de 0,6578, variando de 0,3592 (GA 136) a 0,8116 (SSRY 21). As combinações mais divergentes foram: BGM526PR × BGM596MS, BGM526PR × BGM622MS e BGM526PR × BGM629MS, todas com divergência de 0,8487. A análise de estrutura populacional revelou a ocorrência de quatro grupos entre as cultivares tradicionais das regiões Centro-Oeste, Sudeste e Sul do Brasil. Na análise molecular de variância o parâmetro Φ_{ST} (análogo ao F_{ST}) indicou uma variância estimada de 44% entre grupos e 56% dentro de grupos, o que demonstra a elevada diferenciação entre as regiões. A variabilidade genética encontrada entre as cultivares tradicionais de mandioca foi considerada ampla, e os grupos que mais se distanciaram apresentaram em sua maioria cultivares das regiões Sul e Centro-Oeste (Mato Grosso do Sul).

Palavras-chave: *Manihot esculenta*, caracterização de germoplasma, variabilidade genética, marcadores moleculares SSR.

Agradecimentos: Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento (PGM) da Universidade Estadual de Maringá (UEM); À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (Capes), e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE MILHO CRIOULO POR MARCADORES MOLECULARES

Fernanda Vargas Valadares¹; Larícia Olária Emerick Silva¹; Rafael Nunes de Almeida¹; José Dias de Souza Neto¹; Ana Paula Candido Gabriel Berilli²; Monique Moreira Moulin¹

¹Instituto Federal do Espírito Santo, *Campus* de Alegre ²Instituto Federal do Espírito Santo, *Campus* Itapina. fernanda_valadares@hotmail.com

O uso de espécies híbridas e/ou organismos geneticamente modificados ocasiona a perda de variedades tradicionais. Diversas propostas de coleta, conservação, caracterização e melhoramento participativo de variedades de milho vêm sendo analisadas e realizadas por algumas instituições. O objetivo deste trabalho foi utilizar marcadores moleculares do tipo ISSR para caracterizar a diversidade genética de dezenove acessos de milho crioulo do banco de germoplasma do Ifes, sendo oito variedades e onze cultivares provenientes do estado do Espírito Santo. O plantio foi realizado no viveiro do Ifes *Campus* de Alegre, em vasos com três sementes em cada. As plantas permaneceram por 25 dias no viveiro até a obtenção das folhas utilizadas na extração do DNA. O protocolo de extração utilizado foi o Doyle e Doyle modificado. A diversidade genética foi obtida pelo método de coincidência simples, utilizando o programa computacional Genes®. Com base na matriz de distância genética, as linhagens foram agrupadas utilizando o método de agrupamento UPGMA. Foi realizada uma triagem inicial dos iniciadores ISSR, sendo selecionados para a caracterização molecular oito iniciadores polimórficos e com um padrão de bandas de DNA nítidas. Constatou-se variabilidade genética entre os diferentes genótipos estudados sendo identificadas 33 bandas, das quais 29 polimórficas e 4 monomórficas. Todos os acessos foram considerados distintos, não sendo observadas duplicatas. No dendrograma foram obtidos oito grupos distintos. No grupo um foram alocados quatro cultivares, sendo estes, acessos que já sofreram melhoramento, onde alelos que são favoráveis às condições da região foram selecionados. Nos grupos dois, sete e oito foram alocados uma variedade em cada respectivamente, esses acessos foram coletados em três locais distintos do estado, o que pode ter contribuído para o resultado encontrado. Nos demais grupos foram alocados tanto variedades quanto cultivares, o que pode ser explicado por terem características semelhantes. Foram identificados como genótipos mais distantes os acessos IFES 01 e IFES 08 (0,2973), e mais próximos os indivíduos IFES 04 e IFES 05, e IFES 01 e IFES 02 (0,0541). Os acessos mais distantes correspondem a uma cultivar e uma variedade e os mais próximos à duas cultivares. A caracterização molecular foi eficiente para estimar a diversidade genética entre os acessos de milho, evidenciando significativa divergência mantida pelos agricultores tradicionais do estado do Espírito Santo. Palavras-chave: Conservação; Crioulo; ISSR.

Agradecimentos: À Fapes e ao Ifes pelo aporte financeiro

EXTRAÇÃO DE DNA E SELEÇÃO DE *PRIMERS* MULTILOCUS PARA AVALIAÇÃO DE DIVERSIDADE EM *Bertholletia excelsa*.

Elionélio Barros Wilson¹; Ádrya Samy Cardoso¹; Cássia Ângela Pedroso², Luiz Alberto Pessoni^{1*}

¹CBio - Universidade Federal de Roraima. ²Embrapa Roraima.*luizpessoni@yahoo.com.br

A castanheira do Brasil (*B. excelsa* Humb. & Bonpl.) produz um dos principais recursos extrativistas não madeireiros da Amazônia. Por outro lado, a produção nacional é decrescente desde os anos de 1970 em decorrência, principalmente, do avanço do desmatamento na região. Paralelamente, a reversão do extrativismo para o cultivo é limitada por diversos fatores, destacando-se: dificuldades de propagação, período juvenil muito longo e inconsistência na regularidade de produção. Por isso, a silvicultura da espécie orientada para a produção de frutos/sementes depende, entre outros fatores, de uma melhor compreensão de certos aspectos da biologia reprodutiva da planta e da disponibilização de material genético de qualidade superior para melhoramento. Os objetivos do presente trabalho foram: ajustar procedimentos de coleta e conservação de material para extração de DNA e seleção de marcadores moleculares apropriados para investigar variabilidade genética de castanhais de Roraima. O material biológico utilizado foi proveniente de três parcelas permanentes (9 ha cada) instaladas em áreas de populações nativas distanciadas, no mínimo, por 50 km. Amostras do câmbio vascular de 23 matrizes foram coletadas e preservadas em sílica gel ou em solução de transporte (30% tampão CTAB:70% etanol) até o momento de extração do DNA. Amostras foliares das respectivas progênies (entre 10 e 16 indivíduos/matriz) foram obtidas de plântulas originadas de sementes, germinadas em casa de vegetação. As extrações a partir do câmbio foram realizadas com maceração do tecido diretamente no tampão de extração. O DNA das progênies foi obtido pela pulverização prévia do tecido foliar em nitrogênio líquido. Em todos os casos foi utilizado o tampão CTAB modificado (2,8% do detergente CTAB e 1,3M NaCl). Testes de amplificação foram executados com 20 *primers* ISSR e os resultados foram avaliados em gel de agarose a 1,5% p.v. Comparativamente, extrações a partir de amostras preservadas em solução de transporte resultaram em maior rendimento de DNA do que aquelas preservadas em sílica. Nos dois casos, entretanto, foi possível obter DNA de boa qualidade mesmo após 40 dias da data de coleta. O rendimento médio de DNA extraído a partir de tecido foliar foi superior ao obtido a partir de tecido cambial, porém, em muitos casos, a amostra recuperada ainda possuía contaminantes, exigindo etapas adicionais para sua purificação. Do total de *primers* testados, pelo menos oito mostraram-se apropriados para investigar a diversidade entre e dentro das famílias de meios-irmãos.

Palavras-chave: Castanheira; recursos genéticos florestais; marcadores moleculares

Agradecimentos: Embrapa-RR, UFRR

FENOTIPAGEM DE FRUTOS E SEMENTES DE *Euterpe edulis* Martius CULTIVADO NO ESPÍRITO SANTO

Marcia Flores da Silva Ferreira¹; Liana Hilda Golin Mengarda^{1*}; Guilherme Bravin Canal¹; Marina Santos Carvalho¹; Ana Beatriz Rocha de Jesus Passos¹; Adésio Ferreira¹

¹ Centro de Ciências Agrárias e Engenharias (CCAEE), Universidade Federal do Espírito Santo (UFES). *limengarda@gmail.com.

Cultivos de palmeira juçara (*Euterpe edulis* Martius) vêm sendo implantados visando à produção de polpa de juçaí, atividade que auxilia na conservação da espécie em função do seu manejo sustentável. Contudo, grande volume de sementes é gerado como subproduto da extração da polpa, e a caracterização bioquímica das sementes pode direcionar o seu aproveitamento. Além disso, a obtenção de dados fenotípicos de frutos e sementes de juçara gera informações diretas quanto ao seu rendimento, possibilitando identificar genótipos passíveis de seleção para o melhoramento. Objetivou-se, com este estudo, realizar análises fenotípicas (biométrica e bioquímica) de frutos e sementes a fim de avaliar a viabilidade do uso destes caracteres fenotípicos para a seleção de matrizes de maior rendimento para a produção de polpa, além de direcionar o aproveitamento das sementes como subproduto da produção de polpa. Realizou-se a caracterização biométrica de frutos e sementes de 138 matrizes de palmeira juçara de um cultivo comercial no Sul do Estado do Espírito Santo, Brasil. Foram avaliados os diâmetros equatorial e longitudinal do fruto e da semente, a massa fresca do fruto e da semente, o volume do fruto e da semente, e o rendimento de polpa. Os dados foram avaliados com base em análise de modelos mistos pelo software Selegen-Reml/Blup. Verificaram-se altos valores de repetibilidade individual para os caracteres fenotípicos de frutos e sementes ($\geq 0,68$), viabilizando o uso destes para seleção de matrizes. Maiores estimativas do coeficiente de variação fenotípico permanente, que permite a observação da influência genotípica sobre a ambiental na expressão do fenótipo, foram evidenciadas para massa fresca do fruto e volumes do fruto e da semente. Foi possível inferir sobre o rendimento médio em polpa (21%), e sobre a proporção do volume de resíduo gerado (sementes) na atividade de extração de polpa, o qual corresponde a 77% da biomassa fresca. As sementes foram despulpadas, moídas e secas em estufa, sendo determinados os teores de umidade, fibra bruta, cinzas, açúcares solúveis, amido, lipídeos e proteínas totais. Verificou-se que os compostos majoritários das sementes são as fibras brutas (58,91%) e os óleos (lipídeos) (18,10%). O composto que apresentou maior variação entre as amostras foi o teor de açúcares solúveis (de 0,92 a 18,19%). Recomenda-se a investigação mais detalhada da composição das fibras e dos óleos da semente para possível utilização.

Palavras-chave: melhoramento; palmeira juçara; bioquímica.

Agradecimentos: À UFES, à FAPES, à CAPES e ao CNPq e aos senhores Pedro e Vicente Bortoloti.

FENOTIPAGEM DE SEMENTES DE FEIJOEIRO-COMUM COLETADOS NO NOROESTE FLUMINENSE

Elisângela Knoblauch Viega de Andrade; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti; Jefferson Wesley da Silva Corrêa; Maria do Socorro Bezerra de Araújo; Cláudia Pombo Sudré; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF. *E-mail do autor para correspondência: elisangelak_agronomia@hotmail.com.

A coleta de germoplasma de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) no estado do Rio de Janeiro é considerada prioritária devido ao histórico de cultivo associado a pequenos produtores rurais. Tradicionalmente, o feijão tem sido cultivado nas diferentes regiões fluminense em associação com lavouras de café e de olerícolas. No período de fevereiro a abril de 2017, um diagnóstico da diversidade de feijoeiro-comum foi realizado em sete municípios do noroeste fluminense, em 45 unidades agrícolas familiares e 178 genótipos foram coletados. Este trabalho relata a etapa de caracterização morfológica desses acessos e a divergência genética observada utilizando a técnica multivariada Ward - *Modified Location Model* (MLM). O delineamento foi inteiramente ao acaso, sendo que, cada semente foi considerada uma repetição, totalizando 10 repetições por acesso. Oito descritores com base nas características da semente, sendo cinco qualitativos (cor primária e secundária, brilho e padrão do tegumento e forma) e três quantitativos (comprimento, altura e largura) foram considerados. Observou-se ampla variabilidade genética entre os acessos. As variáveis que mais contribuíram para a divergência foram o comprimento e a cor predominante do tegumento da semente. Embora o feijão preto tenha sido o mais frequente (29,2%), já que é o preferido pelos consumidores no estado do Rio de Janeiro, os agricultores produzem e mantêm, por razões diversas, uma gama variada de tipos do feijão-comum. Pelo procedimento da função da verossimilhança, seis foi identificado como o número ideal de grupos com um valor de incremento de 158,64. Os grupos I e VI, com 10 e 22 acessos, respectivamente, reuniram acessos com as maiores médias para comprimento e altura da semente, indicando que 18% dos genótipos estudados possa pertencer ao *pool* gênico Andino. O grupo II reuniu 45 acessos predominantemente com sementes de padrão liso, enquanto nos grupos III (64 acessos) e IV (23 acessos) observaram-se predomínio de sementes de brilho médio e lisas. O Grupo V reuniu 14 acessos com as menores médias para altura, comprimento e diâmetro da semente. A procedência e a forma das sementes não influenciaram a formação dos grupos.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; diagnóstico da diversidade; conservação *on farm*.

Agradecimentos: Aos agricultores e agricultoras que participaram da pesquisa; Emater-RJ; UENF; FAPERJ; Capes.

FORMAÇÃO DE BAG DE PIMENTEIRA-DO-REINO E ESPÉCIES SELVAGENS DE *Piper* NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO

Lúcio de Oliveira Arantes^{1*}; Sara Dousseau Arantes¹; Sheila Cristina Prucoli Posse¹; Elsie Franklin Guimarães²; Basílio Cerri Neto¹⁻³; Clarisa Sant Ana¹⁻³; Romula Cravo Lozorio Pratissoli¹⁻³

¹Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural. ²Jardim Botânico do Rio de Janeiro. ³Bolsista de IC. *lucio.arantes@incaper.es.gov.br

A pimenta-do-reino (*Piper nigrum* L.), conhecida internacionalmente como ‘black pepper’ é o condimento mais importante do mundo. No Brasil, em 2016 ocupou uma área de aproximadamente 39 mil ha, produzindo cerca de 54 mil t, correspondendo a 10% da produção mundial. O Espírito Santo (ES) é o segundo maior produtor com cerca de ¼ da produção nacional, e há perspectivas de grande aumento desta relação para os próximos anos. São muitos os desafios impostos ao setor produtivo, entre eles doenças (especialmente fusariose), estresses abióticos e baixa qualidade do produto. Desta forma, o INCAPER vem desenvolvendo trabalhos que visam à geração e seleção de genótipos no intuito de suprir as demandas do setor produtivo quanto à cultivares que aliem qualidade e características agronomicamente desejáveis. No entanto, o desafio imposto aos melhoristas é brutal, pois coleções brasileiras de cultivares de pimenta-do-reino, que já foram maiores que 30, hoje não chegam a 15, além disso há restrições quanto à importação de genótipos tanto de outros países, quanto de outros estados da federação. No ES a situação é ainda mais desafiadora, haja vista que cerca de 80% das lavouras constituem-se da cv. ‘Bragantina’ (ecotipo da ‘Panniyur-1’, originária da Índia, introduzida no Brasil em meados da década de 1980). No intuito de fomentar os trabalhos de melhoramento genético amplo esforço tem sido dedicado à formação de um BAG no INCAPER. Até o momento conseguiu-se resgatar entre pipericultores 8 genótipos de cultivares tradicionais introduzidas nas décadas de 1980 e 1990, e 3 que possivelmente sejam variações clonais de algumas destas cultivares (conhecidas na região como ‘Folha de Urucum’, ‘Kottanadan Broto Branco’ e ‘Bragantina do Cacho Amarelo’) as quais vêm sendo utilizados para a obtenção de populações segregantes, por meio de sua autofecundação, e que hoje já somam mais de 150 acessos, disponíveis no BAG, os quais serão alvo de análises quanto à sua qualidade de grão e reação a doenças. E ainda foram coletadas até então seis espécies selvagens do gênero *Piper*, sendo que 4 dessas possuem reconhecidamente alta resistência à fusariose: *P. aduncum*, *P. hispidum*, *P. tuberculatum* e *P. arboreum*, as quais também têm sido alvo de estudos a fim de se obterem híbridos interespecíficos e poliploides com *P. nigrum*, a fim de permitir a utilização da variabilidade disponível no pool gênico secundário e terciário.

Palavras-chave: *Piper nigrum*; Variabilidade; Banco Ativo de Germoplasma.

Agradecimentos: FAPES, Jardim Botânico do RJ, ICMBio.

GANHOS GENÉTICOS POR SELEÇÃO EM ALTURA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE *Eucalyptus tereticornis* Smith.

Bruna Zanatto^{1,2}; Rinaldo Cesar de Paula^{1,3}; Marcio José de Araújo^{1,2}; Marcos Claudio S. Virtuoso^{1,2}; Miguel Luiz Menezes Freitas⁴; Antonio Carlos Scatena Zanatto⁴

¹ Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal; ² Pós-Graduandos em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), brunazanatto@gmail.com. ³ Professor Titular do Departamento de Produção Vegetal. ⁴ Pesquisador Científico, do Instituto Florestal de São Paulo-SP/Brasil.

O *Eucalyptus tereticornis* é uma das espécies mais plantadas devido à sua adaptabilidade a diferentes regiões e resistência à seca. A espécie apresenta rápido crescimento e grande potencial de utilização da madeira. A identificação de genótipos superiores requer métodos de seleção capazes de explorar eficientemente o material genético disponível, maximizando o ganho genético em relação às características de interesse. O BLUP consiste basicamente na predição de valores genéticos dos efeitos aleatórios do modelo estatístico associado às observações fenotípicas, ajustando-se os dados aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas parcelas por meio da metodologia de modelos mistos. O objetivo deste estudo foi estimar os ganhos genéticos em altura por seleção em famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus tereticornis* no município de Luiz Antônio-SP. O teste foi implantado sob delineamento em blocos casualizados, com 30 tratamentos (famílias de meios-irmãos) com 100 repetições de uma planta por parcela. Aos 32 anos de idade, avaliou-se a altura total (m) das plantas. Os dados foram analisados pelo modelo 95 do Software Selegen-REML/BLUP, considerando o efeito de famílias como aleatório. Foi simulada a seleção com base nos valores genéticos de 5% dos indivíduos do teste, para transformação em um pomar de sementes por mudas. A herdabilidade estimada foi de 0,12 elucidando a natureza quantitativa da característica que, por sua vez, é muito influenciada pelo ambiente. Tal estimativa é coerente com a relação entre o coeficiente de variação genética (7,34%) e o coeficiente de variação ambiental (20,45%), ou seja, há uma grande contribuição do ambiente na altura das plantas. Isso pode ser explicado devido à idade das plantas no campo, que ao longo do tempo foram submetidas a diferentes fatores estressantes, de natureza biótica e abiótica. Apenas seis das 30 famílias contribuíram para a seleção dos indivíduos superiores, resultando em um ganho genético estimado de 7,8%. Portanto, há possibilidades de ganhos genéticos com a seleção de indivíduos superiores, que poderão ser utilizados na formação de pomar de sementes por mudas.

Palavras-chave: Melhoramento florestal, REML/BLUP, variabilidade genética.

Agradecimentos: CAPES; Instituto Florestal de São Paulo.

GENERATION OF INTROGRESSION LINES FROM *Triticum timopheevii* INTO BRAZILIAN WHEAT GENOTYPE

Mariana Peil da Rosa^{1*}; Eduardo Venske¹; Surbhi Grewal²; Urmila Dogra²;
Antonio Costa de Oliveira¹; Ian King²; Julie King²

¹Universidade Federal de Pelotas. ²University of Nottingham. *E-mail do autor para correspondência: marianapeil@hotmail.com

Increasing wheat yield in Brazil, as well as in the world, is a strategy for food security. However, a plateau in productivity has been observed, due to, among other things, the reduction in genetic variability through selection over the decades. *Triticum timopheevii* Zhuk. ($2n = 4x = 28$, genome composition A^tA^tGG) is a tetraploid wheat and it has desirable alleles, mainly for disease resistance, and it can be used to introduce genetic variability into wheat. This study proposes to produce introgression lines carrying DNA segments from *T. timopheevii* in a Brazilian elite cultivar. Twelve wheat lines carrying introgressions of chromosome segments of *T. timopheevii* in the second backcross (BC₂) generation were pollinated with the wheat cultivar Tbio Sinuelo (TBIO). The crossing experiment was conducted in a glasshouse at The University of Nottingham (UK). A total of 722 F₁ seeds were obtained from 67 crosses, 66 F₁ plants were selected at random and backcrossed with TBIO, resulting in a total of 2164 BC₁ seeds from 548 crosses, 50 BC₁ individuals were selected and backcrossed again, resulting in a total of 1609 BC₂ seeds from 178 crosses. 24 BC₂ plants were also backcrossed resulting in a total of 84 BC₃ seeds from 28 crosses. All the generations showed a high rate of germination of over 90% for F₁ and BC₁ generations and over 88% for BC₂, as well as high fertility levels of 87.6%, 87% and 75% for, F₁, BC₁ and BC₂ generation. The high value for fertility of BC₂ plants was still lower than the other generations and this result was unexpected since fertility is expected to increase over the generations. In addition, the proportion of self-seeds per plant for this season was really low, 0.857:1 comparing to 16.48:1(F₁) and 55.62:1 (BC₁), it indicates some problems to produce seeds in that season. In total, 548 crosses were made in all generations, 4579 seeds were obtained and 3890 self-seeds were produced. This study shows that *T. timopheevii* has good potential to be used in introgression programs because its introgression lines present high germination rates, fertility level and good seed production, compared to other wild species normally used in such programs. The introgression lines are being genotyped via SNP analysis.

Keywords: genetic variability; *Triticum aestivum*; *Triticum timopheevii*

Acknowledgments: This work is funded by CNPq/BBSRC, the introgression lines were originally generated at the Nottingham/BBSRC Wheat Research Centre as part of the BBSRC funded WISP collaboration, besides the authors this work had a collaboration of Cai-yun Yang, Stella Hubbard-Edwards, Stephen Ashling, Duncan Scholefield, Glacy Jaqueline da Silva.

GENOMIC DIVERSITY OF FOOD-TYPE SOYBEAN ACCESSIONS

Renan Silva e Souza^{1*}; Natal Antonio Vello¹; Rafael Massahiro Yassue¹; Pedro Augusto Medeiros Barbosa¹, Marcos Custódio Nekatschalow¹

¹ University of São Paulo, College of Agriculture 'Luiz de Queiroz', Department of Genetics* Email: rsouza@usp.br

The full nutritional properties of soybean are not exploited because it is not typically used as a food in Western cultures. In order to be suitable for human consumption as a vegetable, additionally to other traits, soybean must have large seeds, usually represented by one hundred seed weight (HSW). In this context, we studied the diversity of 28 large-seeded accessions of soybean, aiming to understand the relationship among them and guide their application to produce bred lines. These genotypes are plant introductions used in crosses to develop food-type soybean and they were selected based on the threshold of $HSW \geq 20g$. A set of 42509 SNPs was obtained from the fingerprinting of the USDA Soybean Germplasm, public available at Soybase. Using the software TASSEL5, we obtained distance matrices and generated a Neighbor-Joining tree and a multidimensional scaling plot (MDS). Population clusters were inferred using the software FastStructure, which was run on default settings with 10-fold cross-validation testing for subpopulations (K) ranging from 1 to 8. The script ChooseK, included with the FastStructure package, was used to choose the number of subpopulations that maximize the marginal likelihood. The MDS analysis showed the formation of two groups: one of Japanese origin and other mainly of Chinese ancestry. This result was validated by the inferences of FastStructure, where a value of $K = 2$ was considered the most suitable for the genotypes. Further observations showed that 16 genotypes were grouped in the Japanese cluster and four genotypes were in the group of Chinese origin. The other eight accessions had mixed ancestry, where three genotypes had a major proportion of Chinese genetic information and five accessions had most Japanese ancestry. The accession PI200497 which so far had no known origin and Iwai (PI628859), an accession collected in Brazil, exhibited more similarity to the Japanese cluster. The North Korean accessions PI090241 and PI091725-3 are more related to the Japanese accessions, which is also true for Araçatuba (PI285090) an accession collected in Venezuela and cultivated in Brazil many years ago; beyond, this latter accession also had a strong association with the Chinese cluster. Regarding the accessions collected in the USA, Majos (PI548697) and Hampton (PI614156) are most related to Japanese accessions and FC031665 is completely related to the Chinese group. This research provided informations about the diversity of soybean accessions and may guide the breeding of new soybean lines for human consumption.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merr.; Germplasm; FastStructure.

Acknowledgements: CNPq for the financial support.

GENOMIC STUDIES OF BRAZILIAN NATIVE FOOD CROPS USING DOUBLE-DIGEST RAD (ddRAD) SEQUENCING

Mariana Novello^{1*}; Alessandro Alves-Pereira¹; Gabriel Dequigiovanni²; Aline C.L. Moraes³; Danilo A. Sforça³; José B. Pinheiro²; Pedro H.S. Brancalion⁴; Elizabeth A. Veasey²; Charles, R. Clement⁵; Anete P. Souza³; Maria I. Zucchi⁶

¹Graduate Program in Genetics and Molecular Biology, Institute of Biology, University of Campinas, Campinas, SP, Brazil. ²Department of Genetics, “Luiz de Queiroz” College of Agriculture, University of São Paulo. Piracicaba, SP, Brazil. ³Departament of Vegetal Biology, Campinas, SP, Brazil. ⁴Department of Forest Sciences, “Luiz de Queiroz” College of Agriculture, University of São Paulo. Piracicaba, SP. ⁵National Institute for the Amazon Research. ⁶Agribusiness Technological Development of São Paulo, Piracicaba, SP.

*Corresponding author: m.novello@yahoo.com.br.

The wide range of tropical climate provides ideal conditions for the cultivation of a great diversity of crops in Brazil. Considering the economic potential of Brazilian native crops, the development of studies that promote the appropriate use and conservation of these species and the agriculture development are of great importance. In this context, genomic approaches provide new opportunities to the characterization of crops for supporting *in situ* and *ex situ* management and for utilization of their genetic resources. The objective of this study was to verify the potential application of ddRAD technique in studies of genomic diversity for conservation and breeding programs of Brazilian native crops. We developed ddRAD genomic libraries to identify SNP markers in three native crop species of high commercial and ecological value in Brazil: cassava (*Manihot esculenta* Crantz, Euphorbiaceae), annatto (*Bixa orellana* L., Bixaceae) and the juçara palm (*Euterpe edulis* Mart., Arecaceae). Each ddRAD library generated a large number of sequences: 23,310,293 (cassava); 15,407,194 (annatto); 36,430,200 (juçara). High-quality SNPs (1,952 for cassava, 3,362 for annatto and 1,040 for juçara) allowed the estimation of genomic variation and the evaluation of genetic structure for the three species, even for juçara, in which few individuals were selected per population covering a small geographic scale. Using a F_{st} -based approach we identified candidate loci that are putatively under positive selection. In particular, for annatto, eight loci under positive selection showed similarities with annotated proteins involved in a variety of biological process. We concluded that ddRAD sequencing is an effective tool for the identification of SNPs markers in these important Brazilian native crops. This was the first study to evaluate SNP variation derived from NGS technologies for *B. orellana* and *E. edulis* and our results may be useful for further studies to plan conservation strategies and characterizing the adaptive variation observed in these crops.

keywords: Next-generation sequencing; Population genomics; RADseq.

GENOTIPAGEM DE ACESSOS DE *Capsicum chinense* COM MARCADORES MICROSSATÉLITES

Paola Alvares Bianchi*; Antônio André da Silva Alencar; Lígia Renata Almeida da Silva; Samy Pimenta; Pedro Henrique Araújo Diniz Santos; Cláudia Pombo Sudré; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
*paolaalvaresb@gmail.com.

A caracterização molecular de acessos de pimentas (*Capsicum chinense*) contribui para ampliar o conhecimento da diversidade genética e complementa as informações obtidas pela caracterização fenotípica. Este trabalho relata a genotipagem de 55 acessos de *C. chinense* utilizando-se marcadores microssatélites. As amostras de folhas jovens foram coletadas em *bulk* e armazenadas em ultrafreezer. A extração do DNA genômico foi realizada pelo método CTAB com modificações. Quarenta e sete pares de iniciadores microssatélites desenvolvidos e otimizados para *C. annuum* foram testados. Os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose de alta resolução. Os dados da amplificação dos iniciadores foram convertidos em código numérico por loco para cada alelo. O número médio de alelos por loco polimórfico (A), a heterozigose esperada (He), a heterozigose observada (Ho) e o conteúdo de informação polimórfica (PIC) foram estimados utilizando-se o programa Genes. A análise de agrupamento foi feita pelo modelo bayesiano para se determinar o número ótimo de *clusters* genéticos, utilizando o programa *Structure* 2.3.4. Apenas 17 pares de iniciadores microssatélites foram amplificados e nove foram considerados polimórficos, equivalendo a uma taxa de transferibilidade de aproximadamente 36,17 %. O máximo conteúdo de informação polimórfica (PIC) foi de 0,375 para os loci analisados, sendo considerado um valor mediano. Este conhecimento é necessário, pois permite que se tenha uma estimativa do poder discriminatório de um loco, levando em consideração não apenas o número de alelos mas também as frequências relativas destes. Os valores de He variaram de zero a 0,5, com média de 0,221 e a Ho variou de zero a um com média de 0,225, indicando a predominância de indivíduos heterozigotos, possivelmente devido a ocorrência de polinização cruzada, característica atípica para a espécie, uma vez que *C. chinense* é considerada predominantemente autógama. O método bayesiano possibilitou a formação de dois grupos distintos na população avaliada, reunindo no grupo I 41 acessos e no grupo II, 14 acessos, sem que fosse observada uma relação entre a procedência geográfica e o agrupamento. Este resultado demonstra uma estruturação dos acessos estudados, indicando o compartilhamento de alelos entre eles. Os marcadores microssatélites demonstraram adequabilidade e eficiência na discriminação dos 55 acessos, sendo este um estudo complementar aos trabalhos de fenotipagem, permitindo que se conheça a estrutura genética do material estudado.

Palavras-chave: Caracterização molecular; germoplasma; pimentas.

Agradecimentos: CAPES e FAPERJ.

OBTENÇÃO DE DNA PURIFICADO DE *Pochota fendleri* - UMA TAREFA DESAFIADORA

Elionélio Barros Wilson¹; Ádrya Samy Cardoso¹; Cássia Ângela Pedroso², Luiz Alberto Pessoni^{1*}

¹CBio - Universidade Federal de Roraima. ²Embrapa Roraima.*luizpessoni@yahoo.com.br

O cedro doce (*Pochota fendleri* ((Seem.) W. S. Alverson & M. C. Duarte)) é uma espécie madeirável da família Malvaceae com distribuição natural desde a América Central até o Norte da América do Sul, incluindo o Estado de Roraima. Contudo, o extrativismo desordenado e o avanço geral do desmatamento reduziram drasticamente os estoques naturais nas últimas décadas. Por outro lado, diversos trabalhos já demonstraram a viabilidade econômica de cultivo da espécie. Todavia, a seleção de matrizes e a execução de programas de melhoramento dependem da caracterização adequada dos recursos genéticos disponíveis, sendo a obtenção de DNA purificado uma etapa importante do processo. Nesse trabalho procurou-se padronizar um procedimento de extração de DNA total para o emprego na caracterização da diversidade genética de amostras populacionais de *P. fendleri*. O material vegetal foi obtido de indivíduos de diferentes procedências do Estado e cultivados em área experimental. Foram testados diversos tipos de materiais vegetativos: gemas ou brotos foliares, folhas jovens em expansão, folhas jovens expandidas, folhas maduras e câmbio. Os tecidos foliares foram previamente liofilizados ou apenas congelados e pulverizados em nitrogênio líquido imediatamente antes da extração. O tecido cambial foi coletado em tampão CTAB e mantido sob refrigeração até o momento da extração. Nos últimos 36 meses foram testados diversos protocolos baseados em solventes descritos na literatura visando obter DNA a partir amostras foliares. Também foram avaliados kits comerciais de quatro marcas diferentes. Contudo, a elevada quantidade de mucilagem presente no material foliar provoca agregação das partículas pulverizadas quando colocadas em suspensão e dificulta muito a separação de fases, quando se utilizou solventes ou, entupimento dos filtros, quando foram utilizados Kits. Os melhores resultados foram obtidos a partir de tecido liofilizado combinado com um protocolo CTAB modificado. Porém, o DNA recuperado sempre apresenta impurezas que provocam sua degradação em poucos dias e nenhuma tentativa de purificação posterior foi bem sucedida. Apenas um dos kits testados apresentou resultado positivo em relação à qualidade, mas com baixa quantidade de DNA por amostra. Extrações a partir de tecido cambial foram testadas apenas com o protocolo CTAB modificado e os resultados preliminares indicam que a quantidade e qualidade do DNA recuperado, além do custo unitário, são adequadas para uso posterior em reações de PCR visando a genotipagem de um grande número de indivíduos.

Palavras-chave: *Pachira quinata*; recursos genéticos florestais; extração de DNA

Agradecimentos: CNPq (processo 457834/2014-5); Embrapa Roraima

ÓLEO MINERAL COMO ESTRATÉGIA PARA CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DE GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE

Josefa Grasiela Silva Santana¹; Roberta Aparecida de Sales¹; Virginia Silva Carvalho¹; Renato Gobbi Vettorazzi¹; Willian dos Santos Gomes¹; Andressa Leal Generoso¹; Letícia da Silva Araújo¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
*grasi_agronomia@hotmail.com

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) é considerada uma das raízes comestíveis mais importantes do mundo. No Brasil possui grande relevância por estar entre as hortaliças mais cultivadas. A conservação *in vitro* de espécies vegetais pode ser realizada, de maneira geral, a partir da técnica de crescimento lento, para períodos curtos e intermediários, em que o metabolismo das plantas é reduzido por modificações do ambiente e das condições químicas do meio de cultura. O objetivo deste trabalho foi verificar o efeito do óleo mineral sobre o crescimento lento *in vitro* de acessos de batata-doce. O experimento foi conduzido em DIC em esquema fatorial 3x2, composto por três tratamentos contendo meio de cultura [com óleo mineral, com água e controle (apenas meio de cultura)] e dois acessos (UENF 1920 e UENF 1937), pertencentes a coleção *in vitro* de batata-doce da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, com seis repetições. Foram utilizados segmentos nodais como explantes. O meio de cultura foi composto pelos sais minerais do MS, suplementado com 30 g L⁻¹ de sacarose, 100 mg L⁻¹ de mio-inositol, vitaminas de White e 6 g L⁻¹ de ágar (Vetec®). O pH foi ajustado para 5,7 ± 0,1 e o meio foi autoclavado por 20 minutos e 1,1 atm de pressão. Aos 90 dias, avaliou-se a sobrevivência (%), altura da parte aérea (cm) e coloração das folhas. As médias, após a ANOVA, foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade pelo software SISTAT. Houve interação entre os fatores analisados. Ambos acessos (UENF 1920 e UENF 1937) apresentaram 100% de sobrevivência para o tratamento contendo óleo mineral, enquanto a menor taxa de sobrevivência 22% foi obtida no tratamento com água para o acesso UENF 1937. Não houve diferença significativa quanto a coloração das folhas para o acesso UENF 1920 nos três tratamentos, já para o acesso UENF 1937 os tratamentos com água e controle apresentaram maior senescência nas folhas. O acesso UENF 1937 apresentou menor altura de planta em média (0,77 cm) na presença do óleo mineral comparado ao meio de cultura, havendo redução significativa do crescimento das plantas com relação ao controle (12,16 cm). Os resultados observados indicam que o óleo mineral mostrou ser eficiente, por meio da redução do suprimento de oxigênio aos tecidos vegetais, diminuindo o crescimento das plantas de batata-doce. A utilização de óleo mineral na conservação *in vitro* de germoplasma de batata-doce pode ser considerada uma estratégia viável e promissora.

Palavras-chave: crescimento lento; conservação *in vitro*; *Ipomoea batatas*.

PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES MORFOLÓGICOS E PRODUTIVOS DE ACESSOS DE MACAÚBA

Silvia Ferreira de Sá^{1*}; Léo Duc Haa Carson Schwartzaupt da Conceição³;
Âmena Ornelas Brito²; Isabella da Silva Ferreira²; Marcelo Fideles Braga³;
Nilton Tadeu Junqueira³

¹Estudante do Curso de Graduação em Agronomia ICESP/Águas Claras-DF.
²Estudante do Curso de Graduação em Agronomia União Pioneira de Integração Social/Planaltina-DF, ³Pesquisador(a) da Embrapa Cerrados/Planaltina-DF. *E-mail do autor para correspondência: sylviaferreirinha@gmail.com

A Macaúba (*Acrocomia aculeata*), uma palmeira com distribuição ampla nas Américas tropical e subtropical e nativa de diversas regiões brasileiras, sobretudo do cerrado, destaca-se por possuir várias características de interesse comercial, principalmente no aproveitamento dos frutos e na produção de óleo. Este recurso da biodiversidade brasileira apresenta uma grande aplicação desde a indústria de cosmético, alimentação até a produção de biodiesel e também na produção de outros coprodutos de alto valor. Atualmente, o Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAGMC) da Embrapa Cerrados possui mais de 100 acessos totalizando quase 1.200 plantas. O processo de melhoramento genético é altamente dependente da base genética existente, no entanto, são necessárias além da conservação, a caracterização e/ou avaliação do germoplasma, servindo de insumo para o desenvolvimento de cultivares e essenciais para avanços em programas de melhoramento. Deste modo, foram avaliadas características morfológicas e produtivas de acessos do BAGMC e estimados parâmetros genéticos com base em modelos mistos (SELEGEN-REML/BLUP, Modelo 5). Foram avaliados os caracteres altura do estipe, números de cachos e juvenilidade. O delineamento experimental foi em blocos ao caso com três repetições composto por parcelas de 1-4 plantas. A média da altura de estipe foi de 2,79 m, o número de cachos foi de 0,71 cachos/ano e juvenilidade de 86,62 meses. As herdabilidades individuais no sentido restrito, consideradas moderadas, foram 0,39, 0,19 e 0,23, respectivamente. A seleção negativa da altura de estipe e juvenilidade de 30 indivíduos, entre 1023 avaliados, resultou em um ganho genético predito com a redução de 67,53% na altura do estipe e 23,76% da juvenilidade. Para o caráter número de cachos o aumento em ganho predito com a seleção de plantas superiores foi de 182,55%. A redução da altura proporcionará melhorias no manejo da colheita, enquanto o aumento do número de cachos e diminuição da juvenilidade resultarão em acréscimos em produtividade e plantas mais precoce. No entanto, tratam-se de resultados parciais, 50% dos acessos do BAGMC iniciaram a produção dos frutos e os critérios produtividade e rendimentos de óleo terão maior peso na seleção.

Palavras-chave: Modelos Mistos; Recursos Genéticos; *Acrocomia aculeata*.

Agradecimentos: À Embrapa, Finep, Petrobrás, MCTIC e CNPq

PARECENÇA ENTRE ACESSOS TRADICIONAIS DE FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris*) ESTIMADA PELOS MÉTODOS DE Harrison e Sokal & Sneath

Marco Renan Félix¹; Livia Cristina da Silva¹; Mariana Rodrigues Feitosa Ramos¹; Ramilla dos Santos Braga¹; Carolina Ribeiro Diniz Boaventura-Novaes²; Lázaro José Chaves³; Jaison Pereira de Oliveira⁴

¹Alunos da disciplina de Manejo e Conservação de Recursos Genéticos Vegetais do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Escola de Agronomia-UFG. ²Pós-doutoranda PNPD da Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas-Escola de Agronomia-UFG. ³Prof. Titular da Escola de Agronomia-UFG. ⁴Pesquisador –Embrapa Arroz e Feijão. *E-mail do autor para correspondência: agrofelix77@gmail.com.

O Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão possui uma coleção com mais de 15.000 acessos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L), conservada *ex situ*. A caracterização de tal coleção é uma importante fonte de informação para uso atual e futuro. Existem diversos modelos matemáticos que possibilitam a identificação e diferenciação entre acessos. Por isso, este trabalho teve como objetivo, avaliar o coeficiente de parença entre acessos de feijão comum a partir de dados morfológicos, utilizando dois métodos diferentes, um proposto por Harrison e outro proposto por Sokal & Sneath. Para tal, foram avaliados vinte acessos de feijão comum, caracterizados com nove descritores morfológicos. Os dados obtidos foram organizados em uma matriz multibinária, sendo possível comparar os acessos par a par para obtenção do coeficiente de parença. Os dendrogramas foram construídos pelo método de UPGMA. O agrupamento formado foi analisado quanto à consistência, avaliando o valor da correlação cofenética. Os valores de coeficiente de parença obtidos com o método de Harrison, variaram de 0,08 a 1,00, com média de 0,52. Os valores de distâncias obtidas pelo método de Sokal & Sneath, variaram de 0,0 a 0,98 com média de 0,73. No agrupamento, o método de Harrison possibilitou a geração de dois grandes grupos principais, separando acessos por origem geográfica. A correlação cofenética foi igual a 0,71 ($P < 0,001$). Já o método de Sokal & Sneath, embora com um valor de correlação cofenética alto ($r = 0,92$; $P < 0,001$), não indicou a formação de grupos com padrão geográfico. Dessa maneira, foi evidenciado que o método de Harrison foi mais efetivo para separar os acessos de feijoeiro comum.

Palavras-chave: Caracterização; dissimilaridade; coleta de germoplasma

POPULATION GENOMICS OF CASSAVA (*Manihot esculenta*) FOR THE EVOLUTIONARY STUDY OF THE CROP IN BRAZILIAN AMAZONIA

Alessandro Alves-Pereira^{1*}; Charles R. Clement²; Doriane Picanço-Rodrigues³; Elizabeth Ann Veasey⁴; Gabriel Dequigiovanni⁴; Santiago L. F. Ramos³; José Baldin Pinheiro⁴; Maria Imaculada Zucchi⁵;

¹Universidade de Campinas. ²Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. ³Universidade Federal do Amazonas. ⁴Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz, Universidade de São Paulo. ⁵Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Pólo Centro-Sul. *E-mail do autor para correspondência: ale.alves.pereira@gmail.com.

Genomics is of fundamental importance for understanding the evolution and genome structure of plant species. Genomic approaches based on single nucleotide polymorphisms (SNPs) have been widely used for the study of evolution, phylogeography and breeding of many crops. Among Brazilian native crops, cassava (*Manihot esculenta* subsp. *esculenta*) has currently the biggest importance in the world. Cassava was domesticated from populations of *M. esculenta* subsp. *flabellifolia* in the southwestern Amazon basin, and currently two major groups (bitter and sweet cassava) are cultivated around the Tropics in the world. Although many genomic studies have been made for cassava, only a few focused on its evolutionary history. The aim of this study was to evaluate the genomic variation of cassava traditionally cultivated along the major rivers of the Brazilian Amazon basin. We employed RADseq (Restriction site-associated DNA sequencing) for screening 131 bitter, sweet and wild cassava samples, and we identified 5,871 SNP markers. The greatest genomic differentiation was observed between cultivated cassava and the wild relative ($F_{ST} = 0.37$), followed by the divergence observed between bitter and sweet cassava ($F_{ST} = 0.10$), while no clear patterns of genomic differentiation was observed among rivers. However, somewhat contrasting tendencies of structuring among rivers were observed within the groups of bitter and sweet manioc. A total of 658 SNP loci are putatively under selection, and may be associated with genes related to the divergence between cultivated and wild cassava. Additionally, 202 SNP loci may be associated with genomic regions under selection for important characters for the divergence between bitter and sweet cassava. The absence of clear patterns of genomic structure among bitter and sweet cassava from different rivers does not permit direct inferences on dispersal routes of the crop from its center of origin in the southwestern Amazon basin. Nonetheless, the contrasting patterns of genomic differentiation within bitter and sweet cassava may be associated with distinct histories of dispersal of these groups.

Keywords: Amazonia; Cassava; SNPs.

Acknowledgements: FAPESP (2013/00003-0; 2013/11137-7; 2012/08307-5), CNPq (575588/08-0; 473422/2012-3), FAPEAM (3137/2012), and to all smallholder farmers in the communities visited during field work.

POTENCIAL ORNAMENTAL EM ACESSOS DE *CAPSICUM* SPP UTILIZANDO DESCRITORES MORFOLÓGICOS

Lucas da Silva Costa¹; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos¹; Laís dos Santos Neri da Silva¹; Lucas Torres de Sousa Roseno¹; Raimundo Nonato Oliveira Silva².

¹Discente, Iniciação Científica, Universidade Federal do Piauí - Campus Amílcar Ferreira Sobral. E-mail para correspondência: lwkasc@hotmail.com. ²Docente, Universidade Federal do Piauí - *Campus* Amílcar Ferreira Sobral.

O gênero *Capsicum* apresenta ampla diversidade genética e também grande versatilidade de aplicação, sendo utilizado na alimentação, como matéria prima na fabricação de cosméticos, produtos farmacêuticos e também empregado como plantas ornamentais. O gênero *Capsicum* pertence à família *Solanaceae*, que agrega várias espécies ornamentais devido às admiráveis características estéticas que apresentam, tais como altura de planta, posição, formato e coloração dos frutos, dentre outras. No Brasil há poucas cultivares de pimentas ornamentais disponíveis no mercado e para o desenvolvimento de novas cultivares deve-se levar em consideração os genótipos disponíveis e suas respectivas características para atender a demanda do mercado consumidor. O presente trabalho teve como objetivo verificar a diversidade genética entre acessos de *Capsicum* spp. e avaliar esses acessos quanto ao potencial ornamental. O experimento foi realizado na área experimental da Fazenda do Colégio Técnico de Floriano, utilizando-se 15 acessos oriundos de coletas realizadas no município de Floriano-PI e do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAG-UFPI). O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Para a caracterização foram utilizados 14 caracteres qualitativos propostos pelo *Bioversity International*. Foi obtida matriz de dissimilaridade genética utilizando a moda de cada variável por acesso, realizando-se, em seguida a análises de agrupamento utilizando o método de Ward e também método de Tocher modificado. As análises foram realizadas com o auxílio do programa GENES. Foi verificada variabilidade genética sendo formados cinco grupos, considerando a análise de agrupamento Ward, com correlação cofenética de 0,65, demonstrando que o método de agrupamento para gerar o dendrograma foi adequado. O método de agrupamento de otimização Tocher detectou a formação também de cinco grupos. Há acessos com potencial ornamental, com destaques para GEN-14 e GEN-16, com manchas nas pétalas e no caule, diversidade para coloração de frutos imaturos e maduros, formato e posição dos frutos, e formato de folha que atende ao mercado referente a essa finalidade. Estes acessos são indicados para serem utilizados em programas de melhoramento de pimentas ornamentais.

Palavras-Chaves: Análise fenotípica; Diversidade genética; Métodos de agrupamento.

PRODUTIVIDADE DE GENÓTIPOS SELECIONADOS DE PITAYA (*Hylocereus undatus*) NO DISTRITO FEDERAL

Thais Santana Pereira¹; Nilton Tadeu Vilela Junqueira¹; Fábio Gelape Faleiro^{2*}; Mara Cecília M. Grisi³; Erdiglei da Cruz de Araújo¹; Janine Tavares Camargo¹

¹UPIS. ²EMBRAPA. ³UnB. *fabio.faleiro@embrapa.br

As pitayas são consideradas uma novidade promissora no Brasil, mas ainda não existem cultivares lançadas que tenham boa produtividade e atenda as exigências do consumidor brasileiro. Os plantios comerciais atuais não são provenientes de matrizes selecionadas e apresentam grande variação na produção, tamanho e formato de frutos. No presente trabalho, objetivou-se avaliar, na safra de 2014/2015, a produtividade de dois genótipos de pitaya vermelha de polpa branca (*Hylocereus undatus*) selecionados no programa de melhoramento genético realizado na Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados em arranjo fatorial 2x4 (2 genótipos e quatro densidades de mudas por cova/mourão sendo uma, duas, três e quatro mudas clonadas por cova/mourão), com seis repetições. O experimento foi implantado em espaldeiras verticais de 2 metros de altura, em novembro de 2011, no espaçamento de 2,5 m x 2,5 m, sem irrigação. Os genótipos avaliados foram: CPAC-PY- 01 (frutos oblongos) e CPAC-PY- 02 (frutos redondos). Determinaram-se o número de frutos por cova/mourão, o peso dos frutos e a produtividade estimada na safra de 2014/2015, considerando a densidade de 1600 covas/ha. O genótipo CPAC-PY- 02 foi o mais produtivo (12.633,6 kg/ha) na densidade de quatro plantas por cova, contra 10.577,6 kg/ha para o genótipo CPAC-PY- 01 nesta mesma densidade. As diferenças de produtividade obtidas, nas diferentes densidades, foram mais evidentes para o genótipo mais produtivo (CPAC-PY- 02). Verificou-se que os números de frutos por cova/mourão aumentaram na medida em que se aumentaram as densidades de plantas por cova/mourão. O genótipo CPAC-PY- 01, com quatro mudas por cova/mourão, produziu 11 frutos de 601 g/cova e o CPAC-PY- 02, com quatro mudas por cova/mourão, produziu 12 frutos de 658 g/cova/mourão. Não foram constatadas ataques de pragas ou doenças. Estes genótipos apresentaram alta produtividade e frutos grandes, considerando que o cultivo foi realizado em condição de sequeiro e não foi realizada a polinização manual. Com base nesse potencial, novas unidades de validação foram montadas em Santa Catarina, Mato Grosso, Minas Gerais e Pernambuco.

Palavras-chave: peso de frutos, densidade por cova, número de frutos por planta

PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE MATRIZES DE *Passiflora nitida* Kunt 1817 SELECIONADAS A PARTIR DE POPULAÇÕES ORIGINADAS DA AMAZÔNIA E DO CERRADO

Jamile da Silva Oliveira¹; Fábio Gelape Faleiro^{2*}; Nilton Tadeu Vilela Junqueira³; Mara Cecília M. G. Grisi⁴; Ana Maria Costa⁵

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Cerrados. *E-mail do autor para correspondência: fabio.faleiro@embrapa.br.

O gênero *Passiflora* é o mais representativo da família Passifloraceae, possuindo em torno de 500 espécies. Dentre essas, a *Passiflora nitida* apresenta grande potencial comercial e para uso como porta-enxerto, estando amplamente distribuída na Amazônia e Cerrado. Populações de melhoramento genético têm apresentado grande variação quanto ao tamanho dos frutos, rendimento de polpa, produtividade e resistência a enfermidades. Os tipos do Cerrado produzem frutos maiores enquanto os da Amazônia produzem frutos menores. Neste trabalho, objetivou-se avaliar a produção de mudas de matrizes selecionadas de *P. nitida* a partir do enraizamento de estacas. O estudo foi desenvolvido na Embrapa Cerrados e o experimento foi instalado no Delineamento Inteiramente Casualizado com seis tratamentos e três repetições, totalizando 18 parcelas experimentais. Cada parcela foi composta de seis estacas. Foram selecionadas três matrizes de frutos grandes (MS1, MS2, MS3) originadas do Cerrado e três de frutos pequenos (MS4, MS5 e MS6) originadas da Amazônia. O trabalho de seleção e recombinação tem sido feito há 12 anos pelo programa de melhoramento genético realizada na Embrapa. A seleção das matrizes foi baseada na maior produtividade e qualidade dos frutos, sendo que todas as matrizes selecionadas apresentaram produção de frutos de mais de 100% acima da média da atual população de melhoramento. Após a seleção das matrizes, as mesmas foram clonadas, por meio de estacas dos ramos medianos, com comprimento aproximado de 15 cm e três gemas. As folhas foram cortadas ao meio e a extremidade terminal da estaca foi cortada em bisel. As estacas foram colocadas para enraizar em tubetes com capacidade de 290 cm³, preenchidos com substrato Bioplant[®]. Após 40 dias, foram avaliadas a porcentagem de mudas viáveis, obtidas por meio do método de propagação vegetativa por enraizamento de estacas. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 1%. Pela análise de variância, houve efeito altamente significativo dos genótipos, indicando que há diferença na produção de mudas entre as matrizes avaliadas. As matrizes selecionadas de frutos grandes, apresentaram as maiores porcentagens de produção de mudas, com destaque para a matriz MS3 com média de 83% de mudas viáveis. Existe uma variabilidade genética dentro da espécie para a eficiência da produção de mudas pelo método do enraizamento de estacas, sendo que o tipo amazônico mostrou uma maior dificuldade nesse processo.

Palavras-chave: diversidade intraespecífica, espécies silvestres e maracujá-mexericá.

Agradecimentos: Capes.

QUANTIFICAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS SEGREGANTES DE *Caricapapaya* L. COM USO DA METODOLOGIA WARD-MLM

Adriel Lima Nascimento^{1*}; Omar Schmidt²; Geraldo Antonio Ferreguetti³; Willian Krause⁴; Edilson Romais Schmidt⁵; José Augusto Teixeira do Amaral¹

¹PPG em Genética e Melhoramento – CCA/UFES, Alegre-ES/Brasil; ²Pesquisador, Laboratório de Melhoramento de Plantas, PPG em Agricultura Tropical – CEUNES/UFES, São Mateus-ES/Brasil;³Pesquisador – Caliman Agrícola S.A. – Linhares-ES/Brasil; ⁴PPG em Genética e Melhoramento – UNEMAT, Tangará da Serra-MT/Brasil; ⁵Professor Titular– DCAB/CEUNES/UFES, São Mateus-ES/Brasil; *E-mail do autor para correspondência: adriel_aln@outlook.com

O cruzamento entre acessos distintos é fonte explorável de variabilidade genética e por intermédio de análises estatísticas uma população segregante é submetida à seleção de genótipos promissores. A seleção bem sucedida pode ser realizada com base em um número significativo de descritores avaliados simultaneamente. Métodos multivariados têm sido empregados facilitando a seleção, no entanto, deve-se cumprir inicialmente dois pré-requisitos, sendo a estimativa de uma medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os genitores e a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação de grupos. O método multivariado, assumindo o procedimento Ward – Modified Location Model (MLM), consiste em uma metodologia para a quantificação da variabilidade, podendo assim serem utilizadas descritores quantitativos e qualitativos simultaneamente e permite a determinação do número de grupos e as médias dos mesmos com alta precisão. Pelo presente trabalho objetivou-se quantificar a diversidade genética em uma população segregante de mamoeiro F₂ composto de 92 plantas com base em descritores morfoagronômicos. O método Ward-MLM permitiu identificar a variabilidade existente dentro da população segregante F₂ de mamoeiro, possibilitando a formação coerente de três grupos. Os genótipos mais promissores para a seleção quanto a arquitetura de planta são pertencentes ao grupo I, e os descritores que mais contribuem para a diversidade genética são: o comprimento do fruto, comprimento do pecíolo, altura de inserção do primeiro fruto e massa do fruto.

Palavras-chave: Método multivariado; variabilidade; arquitetura de planta.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPES, Caliman Agrícola S.A.

RECURSOS GENÉTICOS DE PIMENTAS EM FLORIANO-PI

Raimundo Nonato Oliveira Silva¹; Lucas da Silva Costa²; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos²; Laís dos Santos Neri da Silva²; Lucas Torres de Sousa Roseno²

¹Docente, Universidade Federal do Piauí - *Campus* Amílcar Ferreira Sobral. ²Discente, Iniciação Científica, Universidade Federal do Piauí - *Campus* Amílcar Ferreira Sobral. E-mail para correspondência: jraio@ufpi.edu.br

Pimentas e pimentões do gênero *Capsicum* possuem grande importância econômica relacionada tanto à indústria farmacêutica e cosmética como alimentícia, possibilitando gerar emprego e renda também aos pequenos agricultores. Além disso, são excelentes fontes de β -caroteno e vitaminas, possuindo também efeitos farmacológicos importantes tais como anti-inflamatório e antioxidante. Apesar dos seus benefícios, a erosão genética de germoplasma de *Capsicum* no município de Floriano-PI está sendo acelerada devido a substituição de cultivos e pressão de seleção realizada pelos pequenos agricultores. Isso pode levar à redução irreparável da diversidade genética de *Capsicum* na região, sendo necessárias atividades de conservação, caracterização e uso sustentável desses recursos genéticos. Dessa forma, objetivou-se realizar prospecção, coleta e análise da diversidade genética de germoplasma de *Capsicum* em Floriano-PI. O material genético foi adquirido em feiras e hortas de Floriano e também do Banco de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí, totalizando 42 genótipos de *Capsicum*. Foram avaliados 15 genótipos utilizando 11 caracteres propostos pelo *Biodiversity International*. O experimento foi conduzido em área do Colégio Técnico de Floriano, utilizando delineamento em blocos casualizados, com três repetições. As análises foram realizadas com o auxílio do programa GENES. Foi verificada diferença significativa entre os genótipos para todas as características utilizadas, conforme análise de variância, a 1% de probabilidade. Considerando agrupamento Scott Knott, a característica Número de Sementes por Fruto formou o maior número de grupos (oito), evidenciando possibilidade de sucesso com essa característica. O genótipo GEN-18 possui a maior medida para essa característica, indicando melhor adaptação às condições edafoclimáticas de Floriano. Os genótipos GEN-18, GEN-21, GEN-28 e GEN-30 destacaram-se com relação à espessura da parede do fruto, sendo indicados para o mercado *in natura* e os genótipos GEN-05, GEN-06, GEN-15 e GEN-26 podem ser utilizados em cruzamentos para obtenção de populações segregantes. Informações relacionadas aos recursos genéticos existentes no município de Floriano são ainda muito escassas, o que dificulta aplicações e uso desses recursos, evidenciando a importância de intensificação de estudos na região.

Palavras-chave: Diversidade genética; *Capsicum*; Erosão genética

RELAÇÃO GENÉTICA ENTRE *CAPSICUM chinense* E *C. baccatum* COM BASE NA MEIOSE DO HÍBRIDO INTERESPECÍFICO

Sara Iolanda Oliveira da Silva¹; Elba Honorato Ribeiro²; Telma Nair Santana Pereira³

¹Mestranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. LMGV/CCTA/UENF. ²Pós-doc Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. LMGV/CCTA/UENF. ³Docente do programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. LMGV/CCTA/UENF. * E-mail do autor para correspondência: sarasilvabio2@gmail.com

Estudos sobre número de cromossomos e nível de ploidia, análises sobre o comportamento cromossômico de híbridos F₁ e aspectos referentes à hibridação interespecífica entre espécies cultivadas e silvestres são importantes, pois podem auxiliar programas de melhoramento em termos de direcionamento de cruzamentos mais promissores e introgressão de genes. Além disso, o sucesso da hibridação, tanto intra quanto interespecífica, em termos genéticos, também é determinada por uma meiose regular, para que resulte na formação de gametas viáveis. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a relação genética *C. baccatum* var. *pendulum* (UENF 1496) e entre *C. chinense* (UENF 1785) com base no comportamento meiótico e na viabilidade polínica. Para a análise meiótica, botões florais foram coletados e fixados por 24 horas em solução de etanol: ácido acético (3:1) sendo posteriormente transferidos para etanol 70% e conservados em freezer. O preparo da lâmina foi realizado conforme protocolo do Laboratório. A meiose do híbrido interespecífico foi irregular sendo detectadas anormalidades, tais como, migração precoce dos cromossomos em metáfases I e II, cromossomos retardatários em anáfase I e divisão assincrônica. A citocinese não foi simétrica, tendo ocorrido alguns produtos pós-meióticos do tipo díade, tríade e presença de micronúcleos. O híbrido estudado apresenta um índice meiótico de 45,80% e a viabilidade polínica foi de apenas 34,85%, demonstrando que as irregularidades meióticas observadas podem comprometer a viabilidade polínica. O conhecimento da fertilidade das espécies envolvidas num programa de hibridação interespecífica é importante para que o melhorista tenha chance de ser bem-sucedido nos cruzamentos a serem realizados. Diante disso, o híbrido apresentou baixa fertilidade provavelmente, devido à presença de irregularidades na meiose, confirmando assim a dificuldade de obtenção de híbridos viáveis entre espécies de *Capsicum* pertencentes a diferentes complexos gênicos.

Palavras-chave: Citogenética; Pimenta.

Agradecimentos: UENF, CAPES.

RESPUESTA DIFERENCIAL EN LA GERMINACIÓN DE POBLACIONES SILVESTRES Y CULTIVADAS DE *Phaseolus vulgaris* L. BAJO ESTRÉS HÍDRICO

Mariano Gastón Gutierrez-Rios¹; Efraín Maita¹; Ángela Gutiérrez¹; Marta Z. Galván²; Oscar N. Vizgarra³; Paul Gepts⁴; Pablo Ortega-Baes¹

¹LABIBO-CONICET, FCN, UNSa, Av. Bolivia 5150, Salta, (4400), Argentina. ²CONICET, EEA, INTA, RN 68 km 172, Cerrillos (4403) Salta, Argentina. ³EEObispo Colombres, Av. William Cross 3150, Las Talitas (T4101XAC), Tucumán, Argentina; ⁴Dept. of Plant Sciences/MS1, Section of Crop & Ecosystem Sciences, UC Davis, 1 Shields Avenue, CA 95616-8780. *Autor para correspondencia: g.gutierrezrios@gmail.com.

El déficit hídrico es uno de los factores más restrictivos en el establecimiento de las plantas cultivadas. Por lo tanto, la búsqueda de caracteres relacionados indirectamente con la tolerancia a dicho déficit constituye una herramienta importante en los programas de mejoramiento genético. En este trabajo se evaluó el efecto de diferentes potenciales osmóticos (PO) sobre la proporción de semillas germinadas (PG) y el tiempo medio de germinación (TMG) de semillas provenientes de diez poblaciones de *Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus* recolectadas en diferentes localidades de la provincia de Salta, abarcando ecorregiones semiáridas (Chaco) y húmedas (Yungas), y de seis variedades cultivadas de *Phaseolus vulgaris* L. Se simuló diferentes niveles de estrés hídrico utilizando soluciones de Polietilenglicol: control; -0,2; -0,4; -0,8; -1,2; -1,6; -2 y -2,4 Mpa. Se consideró como criterio de germinación la emergencia de la radícula (>1mm). Los datos se analizaron mediante modelos lineales generalizados con distribución binomial para PG y normal para TMG. PG y TMG disminuyeron significativamente a PO bajos, observándose diferencias en las respuestas entre los cultivares y las poblaciones silvestres. Estas últimas se mostraron más tolerantes que las cultivadas, destacándose como materiales promisorios para futuros programas de mejoramiento. Los resultados muestran que el TMG es un mejor indicador para futuras evaluaciones de germoplasma de poroto bajo estrés hídrico. Futuros estudios deberían estar orientados a la búsqueda de los procesos fisiológicos involucrados en conferir la tolerancia al estrés de estos materiales.

Palabras-clave: Parientes silvestres; Germoplasma; *Phaseolus*

TEOR E ANÁLISE QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE INFLORESCÊNCIAS DE *Crotontetradenius* BAILL

Juliana Oliveira de Melo^{1*}; Fabiany de Andrade Brito¹; Camila Santos Almeida-Pereira¹; Sara Dayan da Silva Oliveira¹; Maria de Fátima Arrigoni-Blank¹, Taís Santos Sampaio¹, Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *jul.oliveira.melo@gmail.com.

Entre os óleos essenciais com significativa atividade biológica estão os obtidos de partes de plantas de algumas espécies do gênero *Croton*. Entre eles, o óleo essencial de *C. tetradenius*, que é um arbusto aromático, endêmico do nordeste brasileiro, popularmente conhecido como “velame”, “velaminho” e “velame-de-cheiro”. Possui diversos usos na medicina tradicional, tais como alívio de dores de estômago, mal-estar gástrico, vômitos, diarreia e febre. Apesar da diversidade e importância econômica potencial das espécies de *Croton*, a maioria dos estudos disponíveis estão focados na distribuição geográfica dessas plantas, ressaltando a necessidade de pesquisas incluindo taxonomia, ecologia, genética, etnobotânica e estudo fitoquímico. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o teor e a composição química do óleo essencial de inflorescências de *C. tetradenius*. As inflorescências foram secas a 40±1 °C em estufa com circulação de ar forçada durante cinco dias. Os óleos essenciais foram extraídos por hidrodestilação em aparelho do tipo Clevenger adaptado. Cada amostra foi composta por 15g de inflorescências secas e o tempo de destilação foi de 140 minutos, com três repetições. O teor de óleo essencial foi determinado dividindo-se o volume de óleo essencial obtido (mL) pela massa seca (g) e expresso em porcentagem. As análises foram realizadas utilizando um CG/EM/DIC (GCMSQP2010 Ultra, Shimadzu Corporation, Kyoto, Japão) equipado com um amostrador com injeção automática AOC-20i (Shimadzu). Foi calculado um teor de óleo essencial de 3,3% para as inflorescências de *C. tetradenius* sendo maior, quando comparado ao teor de óleo essencial obtido das folhas secas, que é em média 2,5%. Após a análise química foram identificados 100% dos constituintes do óleo essencial totalizando 32 compostos voláteis. Os componentes majoritários do óleo essencial foram: (E)-pinocarveol (12,16%), α -pineno (9,75%), cânfora (9,29%), pinocarvona (9,0%), isoascaridol (8,07%), p-cimeno (7,65%) e 1,8-cineol (5,72%). Sendo assim, os resultados proporcionaram mais uma alternativa para obtenção de óleos essenciais de *C. tetradenius*, já que até o momento só havia sido referenciado a extração de óleos essenciais apenas das folhas.

Palavras-chave: velaminho; metabolismo secundário; (E)-pinocarveol.

Agradecimentos: UFS, CNPq, CAPES, GPMACO.

AValiação DA PROCEDêNCIAS DE CASTANHA DO GURGUÉIA POR CARACTERES BIOMÉTRICOS

Noemi Garcia Cestari¹; Michelle Watanuki¹; William de Medeiros Silva¹; João Édino Rosseto¹; Bruno Ettore Pavan¹.

¹ Unesp, Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Departamento de Fitotecnia, sócio economia e Tecnologia dos alimentos, Av. Brasil, Centro, 56, Ilha Solteira-SP, CEP 15385-000; noemi.cestari@hotmail.com

A castanha-do-gurguéia (*Dipteryx lacunifera ducke*) é uma espécie que se distribui principalmente nos cerrados do Sul e Centro-Sul do Piauí e Maranhão, com seus frutos e castanhas comercializados em feiras livres da região. No entanto, para iniciar a domesticação de uma planta é essencial mensurar as estimativas de parâmetros genéticos. A obtenção de genótipos com características agronômicas de interesse inicia-se com a manipulação dos recursos genéticos vegetais, sendo a variabilidade genética o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento genético. Desta forma este trabalho objetivou comparar quatro procedências da Castanheira do Gurguéia para caracteres biométricos de frutos. O experimento foi conduzido na Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão da UNESP – Campus Ilha Solteira. As procedências avaliadas foram: Bom Jesus; Corrente dos Matões; Palmeira I e Palmeira II. Foram coletados 60 frutos por procedência na safra de 2015 e suas avaliações ocorreram no mesmo ano, em delineamento inteiramente casualizados, os caracteres avaliados foram comprimento, largura, espessura e massa. De posse dos dados procedeu-se à análise de variância e posteriormente as médias foram comparadas pelo teste de Duncan. Estimou-se os seguintes componentes genéticos: herdabilidade, coeficiente de variação genotípico, ambiental e relativo. Obteve as estimativas de correlações genotípicas entre os caracteres avaliados e a partir destas obteve-se o coeficiente de trilha. As avaliações dos caracteres biométricos nas diferentes procedências da castanha-do-Gurguéia evidenciam que há diferença do tamanho dos frutos das diferentes procedências. Os caracteres comprimento e espessura foram que apresentaram maior expressividade devido sua alta herdabilidade, e maiores valores de coeficiente de variação genética. Demonstrando a possibilidade de ganhos com a seleção. As procedências apresentaram frutos com comprimento médio variando de 24,92 a 37,51 mm; largura entre 27,86 a 30,30 mm; espessura de 17,28 a 20,36 mm e massa de 5,91 a 11,40 g, e a procedência Bom Jesus possui frutos de maiores dimensões, podendo propiciar populações de melhoramento que atendam aos padrões de comerciais, sendo que entre as variáveis biométricas largura do fruto foi a que obteve maior correlação genotípica direta com massa, mas o caractere massa do fruto é o mais indicado para a seleção de procedências de Castanha-do-Gurguéia por ser o de maior interesse agronômico e econômico e possuir alta herdabilidade.

Palavras-chave: *Dipteryx lacunifera ducke*; Meio Norte Brasileiro; Pré-Melhoramento

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES PARA A ESPÉCIE *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne.

Ana Carla Farias Pardo^{1*}; Bruno César Rossini²; Marcela Aparecida de Moraes³; **Mario Luiz Teixeira de Moraes**⁴; Celso Luis Marino⁵

¹Graduanda da Faculdade de Engenharia Florestal - UNESP (FCA) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu - São Paulo, Brasil. Departamento de Genética. ²Instituto de Biotecnologia da UNESP - Universidade Estadual Paulista, Botucatu, São Paulo, Brasil. ³Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - UNESP - Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, SP, Brasil. ⁴Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio-Economia da UNESP (FEIS) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu - São Paulo, Brasil. ⁵Departamento de Genética UNESP (IBB) - Universidade Estadual Paulista, Botucatu - São Paulo, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: a_carlafp@hotmail.com.

A espécie *Hymenaea stigonocarpa* Mart. ex Hayne, conhecida popularmente como jatobá do cerrado, pertence a família Leguminosae, subfamília Caesalpinaceae. Possui grande importância econômica devido à madeira apresentar alta qualidade e resistência ao apodrecimento. Ocorre no cerrado e caatinga, porém hoje se encontra apenas em alguns remanescentes florestais. Devido à grande exploração, se faz necessários estudos conservacionistas para a espécie. Este estudo tem como objetivo a validação de locos microssatélites espécie – específicos em *H. stigonocarpa* DNA genômico de indivíduos, provenientes de um banco de germoplasma da UNESP - campus Ilha Solteira, foram extraídos e quantificados em espectrofotômetro e também em gel de agarose. Foram testados 10 conjuntos de primers, desenhados a partir de uma corrida de sequenciamento de nova-geração (Illumina) os quais os 10 amplificaram com sucesso, sendo três polimórficos em gel de agarose. Posteriormente esses locos serão genotipados em sequenciador automático para avaliação de polimorfismo e determinação dos níveis de diversidade genética. Estes marcadores serão utilizados em estudos de melhoramento e programas de conservação, contribuindo para melhor entendimento de fluxo gênico e níveis de endogamia em populações naturais da espécie.

Palavras-chave: Jatobá do Cerrado; marcadores moleculares; SSR

VARIABILIDADE GENÉTICA EM UMA POPULAÇÃO DE *ASTROCARYUM ACULEATUM* DE OCORRÊNCIA NATURAL EM ÁREA DE PASTAGEM

Léia de Jesus Corrêa^{1*}; Lêlisângela Carvalho da Silva¹; Keny Henrique Mariguele²

^{1,1}Universidade Estadual de Roraima, RR. ²Epagri-EEI, Itajaí, SC. *E-mail:leiacorrea91@hotmail.com

O tucumã-do-Amazonas (*Astrocaryum aculeatum* Meyer) é uma espécie oleaginosa da família Arecaceae. Essa palmeira apresenta grande variabilidade no formato e espessura do mesocarpo, endocarpo e amêndoa, sendo, por isso, possível identificar acessos que apresentem caracteres de interesse comercial. Assim, o objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos, para caracteres de frutos, em uma população natural, no município de Caracaraí – RR. Foram selecionadas 50 plantas, das quais 30 frutos, de cada uma, foram avaliados para 13 caracteres morfológicos: Diâmetros longitudinal (DLF) e transversal (DTF) dos frutos em milímetros; diâmetro longitudinal (DLP) e transversal (DTP) dos pirênios em mm; espessuras do epicarpo (EEP), do endocarpo (EM) em mm; massa fresca do fruto (MFF), do epicarpo (MEP), da polpa (MME) e do pirênio (MP) em gramas; rendimento de polpa por fruto (RPF) em porcentagem; e índice de formato de fruto (IFF) e de pirênio (IFP) em mm. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com parcelas de seis frutos e cinco repetições, e estimados os parâmetros genéticos. Houve diferença significativa ($p < 0,01$), entre os genótipos, para todos os caracteres de frutos avaliados. As estimativas de variância fenotípica e genotípica variaram, de 0,0025 e 0,0024 até 177,662 e 176,772 para IFF e MFF, respectivamente. O Coeficiente de variação genética (CVg) variou de 4,66 (IFP) a 26,25% (MME), indicando que os genótipos exibem variabilidade genética. Quanto às estimativas de herdabilidade no sentido amplo, foram de elevada magnitude, para todos os caracteres avaliados, variando de 83,42 até 99,50, para EEP e MFF, respectivamente. O alto coeficiente de herdabilidade indica que os caracteres em estudo sofreram menor variação ambiental, o que favorece à obtenção dos ganhos genéticos estimados com a seleção baseada na média dos indivíduos. Quanto aos resultados obtidos através da razão CVg/CVe observou-se que MFF (6,30) e MME (6,21) exibiram os melhores índices, com conseqüentemente, maior contribuição genética para esses caracteres. As correlações fenotípicas, em geral, foram altas e significativas com exceção das correlações que envolveram a EEP e a EM, que foram baixas ($r=0,46$), exceto para as combinações EEP x MEP ($r=0,64$) e EM x MME ($r=0,71$). MFF apresentou alta correlação com MME ($r=0,90$) e com MP ($r=0,96$). Conclui-se que a população estudada apresenta variabilidade para caracteres de fruto, sendo, portanto promissora para programas de melhoramento genético e domesticação da espécie, visando ao aumento das características de maior interesse econômico.

Palavras-chave: Tucumã-do-Amazonas; parâmetro genético; domesticação

Agradecimento: CNPq.

VARIABILIDADE FENOTÍPICA EM GERMOPLASMA DE FEIJOEIRO-COMUM UTILIZANDO-SE DESCRITORES DE SEMENTES

Jefferson W. da S. Correa¹; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti¹; Antônio André de Alencar¹; Ingrid Gaspar da Costa Gerônimo¹; Maria do Socorro Bezerra Araujo¹; Cláudia Pombo Sudré¹; Rosana Rodrigues¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: jjmigao@gmail.com.

O feijoeiro é cultivado em mais de 127 países, em todos os continentes. No Brasil, pequenos e médios produtores rurais contribuem significativamente para a produção e conservação do germoplasma de feijão-comum que, em geral, são conservados na própria propriedade, cultivados como parte de uma agricultura tradicional. Este trabalho teve como objetivo caracterizar 50 acessos de feijoeiro-comum doados por pequenos produtores rurais de seis municípios do estado do Rio de Janeiro, a saber, Bom Jardim, Santa Maria Madalena, Sumidouro, Teresópolis, Duas Barras e Cordeiro, com base em cinco características morfológicas da semente (comprimento, altura, espessura, cor e brilho da semente). O procedimento WARD-MLM foi utilizado para a análise conjunta das variáveis. Detectou-se ampla variabilidade genética entre os 50 acessos de feijoeiro-comum. Quatro grupos foram formados, de acordo com os critérios do pseudo F e pseudo t². A variável comprimento da semente contribuiu com 80% na formação dos grupos, seguida por altura da semente com 14%. O grupo I reuniu 46% dos genótipos, o grupo III 26%, e os grupos II e IV apresentaram 14 % cada. O grupo I caracterizou-se por ter apenas acessos de tegumento de coloração preta, e sementes pequenas (média 9,8 mm) do tipo “carioca”. Todos os acessos de Cordeiro foram agrupados neste grupo, entre outros municípios em que o cultivo e consumo de feijão preto é menor. No grupo II houve predominância de genótipos com tegumento de coloração de listrada, cinzento acastanhado, vermelho e rosa roxo e castanho avermelhado, e sementes pequenas (média de 9,9 mm), cuja procedência foi dos municípios de Duas Barras e Nova Friburgo, em que os agricultores também cultivam feijões de diferentes variedades de cores. O grupo III foi composto principalmente por genótipos com coloração do tegumento com cores marginais, variando de cinzento acastanhado, castanho avermelhado, e sementes grandes (média de 13,8 mm). Notou-se que a maioria dos feijões reunidos neste grupo foi oriunda do município de Santa Maria Madalena, no qual prevalece o cultivo de variedades coloridas. O grupo IV foi constituído, sobretudo por genótipos de Duas Barras, cujas características observadas foram tegumento de coloração , rosa e vermelha e sementes grandes (média de 11,94) tipo “Manteigão”. As características analisadas indicam que os grupos I e II pertencem ao pool gênico mesoamericano e os grupos III e IV ao pool gênico andino. E podemos concluir que metade do feijão conservado na região serrana do Rio de Janeiro é colorido, ou seja, nem só de feijão preto gostam os fluminenses.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; Agricultura familiar; Variedades Crioulas

Agradecimentos: FAPERJ, CAPES, UENF

VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MILHO COM GRÃOS DO TIPO DOCE

Flavia França Teixeira¹

¹Embrapa Milho e Sorgo - flavia.teixeira@embrapa.br

Cerca de quatro mil variedades são mantidas no banco de germoplasma de milho (BAG) na Embrapa Milho e Sorgo, das quais apenas vinte são do tipo doce. A maior parte dessas variedades é portadora do alelo *su2* e são originárias de programas de melhoramento (PM) e não de coletas, como a maioria dos acessos. Outro aspecto que diferencia os acessos do BAG com grãos do tipo doce dos demais é que esses acessos são os mais solicitados para intercâmbio. Por essa razão, o presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de apresentar dados de caracterização dos acessos do BAG com grãos do tipo doce e informações sobre a variabilidade genética nesse grupo de acessos. Os dados de caracterização (descritores da cultura do milho) foram usados para agregar informações aos acessos com grãos do tipo doce e compará-los aos demais acessos. Esses dados foram empregados para estimar médias e distribuições de frequências. Os resultados mostraram que, para alguns caracteres, os acessos com grãos do tipo doce não variam entre si. Esse resultado era esperado, pois a maioria dos acessos do tipo doce são originários de PM, e não apenas a textura da semente é considerada na seleção de genótipos de milho-doce em PM, mas também outros caracteres são importantes sob o ponto de vista de PM do milho-doce. A maioria dos acessos de milho-doce apresenta espigas cilíndricas com disposição reta dos grãos e grãos nas cores alaranjada ou amarela. As sementes enrugadas são mais leves. Então conforme esperado, as estimativas das médias dos pesos de mil sementes, da espiga e dos grãos por espiga foram: 181g, 96g e 95g, respectivamente, o que é quase metade da média geral dos demais acessos. Os acessos com grãos do tipo doce do BAG tendem a ser mais precoces e apresentarem alturas de planta e de inserção de espigas menores do que os demais acessos do BAG. Já para outros descritores, tais como arquitetura de plantas, diâmetro do colmo, números de folhas totais e acima da espiga, comprimento e diâmetro da espiga e número de fileira de grãos, as médias dos acessos com grãos do tipo doce foram similares às dos demais acessos do BAG. Porém, essas médias estão dispersas em um intervalo mais estreito. Esses resultados mostraram que, apesar do pequeno número de acessos com grãos do tipo doce no BAG e da possibilidade de que estes acessos tenham origem comum, a variabilidade genética presente entre esses acessos pode ser usada no desenvolvimento de novas cultivares. Mesmo assim, o uso de genitores com outros tipos de endosperma poderá ampliar a base genética do milho-doce, embora torne o desenvolvimento de novas cultivares mais extenso.

Palavras-chave: *Zea mays*; milhos especiais; recursos genéticos

Agradecimentos: à Fundação de Amparo à Pesquisa no Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pelo apoio ao desenvolvimento das atividades de pesquisa.

VARIAÇÃO DE TAMANHO DE PÓLEN E OVULO ENTRE DUAS ESPÉCIES DE *PSIDIUM* (*P. Guajava* E *P. Cattleyanum*)

Maria Lorraine F. Oliveira¹; Telma N. S. Pereira¹; Larissa S. Vianna¹; Nádia F. Moreira¹; Rodrigo M. Barbosa¹; Alexandre P. Viana ¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *Email do autor de correspondência: fonsecaloliveira@gmail.com.

O objetivo deste trabalho foi verificar se há *efeito gigas* nos grãos de pólen e óvulos do araçazeiro (*P. cattleyanum* L.) cujo número de cromossomos varia de $2n=3x=33$ a $2n=4x=44$. Para tal, foram medidos e contados o número de grãos de pólen por botão, de grãos de pólen por antera, de anteras e de óvulos por botão floral, tanto na espécie poliploide quanto na goiabeira ($2n=2x=22$). Assim, foram coletados botões florais na antese em solução de etanol 70% e conservados a 4° C. Para medir o tamanho dos grãos de pólen, 15 anteras por botão foram maceradas em uma solução contendo 4 gotas de Triton-X, 3 gotas de azul de metileno a 0,5% e 900 µl de etanol 70%. Foi preparada uma lâmina com 2 gotas dessa solução e 50 grãos de polens por botão foram fotografados em microscópio óptico, e medidos no programa *Cell Sens Standard* 1.8 (*Olympus*). Para a contagem de grãos de pólen a metodologia foi a mesma, entretanto, apenas 1 antera foi macerada por vez e as lâminas foram feitas com 10 µl da suspensão, sendo analisado 5 anteras por botão. Também foi realizada a contagem das anteras e dos óvulos por botão floral; desses, 50 óvulos por botão foram fotografados no microscópio e medidos com o auxílio do programa *Cell Sens Standard* 1.8 (*Olympus*). Foi medido o diâmetro do maior lado, tanto dos óvulos quanto dos pólenes. As variáveis analisadas foram: tamanho do grão de pólen (TGP-µm), tamanho do óvulo (TO-µm), número de grãos de pólen por botão floral (NGPB), número de grãos de pólen por antera (NGPA), número de anteras por botão floral (NAB), e número de óvulos por botão floral (NOB). Para as duas primeiras variáveis, foram analisados 4 botões florais por espécie, contando 50 polens e 50 óvulos por botão, totalizando 200 grãos de polens e 200 óvulos medidos por espécie, entretanto, para as demais variáveis, foram utilizados 12 botões florais por espécie. Foi feita análise de variância e teste Tukey a 5% para cada variável com o auxílio do programa Genes. Todas as variáveis tiveram diferença significativa ($p<0,01$) entre as duas espécies, exceto NAB. Tanto para TGP quanto para TO, a espécie poliplóide (*P. cattleyanum*) apresentou significativamente valores superiores (média 18,15 µm e 419,78 µm, respectivamente), ao da espécie diplóide cujas médias foram 17,19 µm e 318,84 µm, sucessivamente. Entretanto, para as variáveis NGPA, NGPB, NAB, NOB), a goiabeira apresentou as maiores médias. Isso indica que a poliploidia causou o aumento em parâmetros de tamanho (óvulo e pólen), porém não influenciou no número de grãos de polens, óvulos e anteras.

Palavras-chave: diploide; poliploide.

Agradecimentos: Capes, FAPERJ.

**Resumos dos Trabalhos de
Outras Áreas**

INTER-RELAÇÕES CANÔNICAS E *STEPWISE* PARA COMPONENTES BROMATOLÓGICOS E CLIMATOLÓGICOS DO TRIGO DE DUPLO PROPÓSITO

Giordano Gelain Conte¹; Ivan Ricardo Carvalho¹; Alan Junior de Pelegrin¹;
Nathan Löbler dos Santos¹; Velci Queiróz de Souza²; Antônio Costa de
Oliveira¹; Luciano Carlos da Maia¹

¹Universidade Federal de Pelotas, Centro de Genômica e Fitomelhoramento;
²Universidade Federal do Pampa; *gioogc@gmail.com

A irregularidade da produção de forragens em estações frias resulta na identificação de espécies forrageiras que mantenham a qualidade do alimento destinado a produção pecuária. A utilização de cereais de inverno, como o trigo com duplo propósito, torna-se uma alternativa eficaz ao agropecuarista. Este trabalho teve por objetivo avaliar as inter-relações canônicas e *Stepwise* entre os componentes bromatológicos e climatológicos do trigo de duplo propósito. O experimento foi conduzido na safra agrícola de 2014 em Frederico Westphalen-RS. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso contendo cinco tratamentos (genótipos de trigo de duplo propósito, BRS-Tarumã, BRS-Umbu, BRS-Figueira, BRS-277 e BRS-Guatambu) dispostos em três repetições. A unidade experimental foi composta por 10 linhas de semeadura espaçadas por 0,17m entre linhas e densidade de 300 sementes/m². Os genótipos foram submetidos a três cortes, quando as plantas atingiram 0,3m de altura. Procedeu-se a análise de variância a 5% de probabilidade, posteriormente efetuou-se a correlação canônica onde o grupo I corresponde: (lipídeos (LIP), fibra em detergente neutro (FDN) e proteína bruta (PTN)) e o grupo II corresponde: componentes climáticos (precipitação, temperatura máxima e mínima, radiação solar e umidade relativa máxima e mínima), conjuntamente procedeu-se a regressão múltipla por *Stepwise*. A correlação canônica revelou significância para o primeiro par canônico, onde o incremento de LIP na forragem é decorrente do aumento da temperatura máxima e mínima, precipitação e radiação solar, em contrapartida, reduzir a amplitude da umidade relativa. Porém, os componentes PTN e FDN foram determinados através da redução da temperatura máxima e mínima, precipitação e radiação, em contrapartida, incremento das umidades relativas. A análise *Stepwise* indicou que a menor amplitude entre a umidade máxima e mínima determinam o teor de LIP. No entanto, a FDN é determinada pela menor amplitude térmica, e aumento da precipitação bem como da radiação solar. Para o componente PTN não foi obtido uma equação preditiva significativa. Desta forma, conclui-se os componentes bromatológicos do trigo duplo propósito são diretamente influenciados pelas variáveis climatológicas onde cada elemento contribuí diferencialmente a magnitude do caráter dependente.

Palavras-chave: nome científico; biometria; melhoramento genético de plantas

A NEW MEASURE FOR THE ASSESSMENT OF GENETIC DIVERSITY

Jacqueline Siqueira Glasenapp¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki¹; Ana Paula Oliveira Nogueira².

¹Universidade Federal de Uberlândia, Inst. Ciências Agrárias, Uberlândia, MG.

²Universidade Federal de Uberlândia, Inst. Genética e Bioquímica, Uberlândia, MG.

*siqueiragaia@gmail.com

Genetic diversity is the ultimate resource for improvement of crops. Nei's *genetic diversity* (H_e) is measure that summarizes the genetic variation in the allele's level. It obeys $H_e = 1 - \sum p_{ij}^2$ where p_{ij} is the frequency of the i -th allele of the j -th locus. However, this measure does not consider variations of allele frequencies that affect the expected proportion of heterozygotes. The objective of this work is providing a measure which better reflects the genetic diversity by considering those variations. Shannon's definition of *entropy*, $H = -\sum p_i \log_2 p_i$, is a suitable measure of genetic diversity that nowadays is being applied to studies of many cultivars. Both, H_e and H are functions of the space of possible outcomes. These reach their maximum values in equiprobable cases, i.e. where $P(x_i) = 1/n$ for all $i = 1, \dots, n$. They attain minimum values, in fact zero, when $P(x_i) = 1$ for some i and $P(x'_i) = 0$, for all $i' \neq i$. In this work, we have proposed a new measure for the assessment of genetic diversity based on Shannon's equation. That has the advantage of including only genetic parameters in its calculus with no need for computing *log* functions. We suppose one locus and two alleles with frequencies $f(A) = p$, $f(a) = q$ where $p + q = 1$; as expected the number of heterozygotes obeys $2pq$. By taking the logarithm of H_e we found this is equal to the *auto-information* proposed by Hartley in 1928. Since H is also the *average information*, it follows that $\sqrt{(H_e - H)^2} = \sigma$. This result shows that the difference between H_e and H is equal to the standard deviation. That confirms H as a genetic diversity measure, regarding that changes in allele frequencies per generation are equal to the binomial variance $\sigma^2 = pq$. Hence, we defined a new concept of genetic diversity $H_G = \sigma + 2pq$, which is equal to the standard deviation of allele frequencies plus the expected heterozygosity in one generation. We have compared both distributions, H and H_G , by using *Kullback-Leibler divergence* $D(p||q) = \sum p \log_2 \frac{p}{q}$ and we have found that H_G follows H once the greatest distance between these was 0.0178. We have concluded that both entropy and heterozygosity are measures that share a dependence upon the binomial variance. It emphasizes that a purely genetic term, heterozygosity, relates to a Shannon information quantity 'the entropy'. Therefore, H_G is an accurate measure for prediction of oscillation of the genotypic frequencies of further generations, since the standard deviation of allele frequencies is taking in consideration in its calculus.

Keywords: Shannon information; Nei's genetic diversity; Kullback-Leibler divergence.

Acknowledgments: CAPES; CNPq.

MARCADORES MOLECULARES PARA SELEÇÃO DE RESISTÊNCIA GENÉTICA À *Pseudocercospora griseola* E *Colletotrichum lindemuthianum* em feijoeiro comum

Caléo Almeida¹; Gabriel Bonfante¹, Lucas Rossi Lazaretti Novo¹, Alisson Fernando Chiorato², Luciana Lasry Benchimol-Reis^{1*}

¹Instituto Agronômico, Centro de Recursos Genéticos, ²Instituto Agronômico, Centro de Grãos e Fibras, Campinas, SP. *llasry@iac.sp.gov.br.

A mancha-angular, causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* (Sacc.) Crous & U. Braun, e antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* Sacc & Magnus, são doenças do feijoeiro que resultam na redução na produção e na qualidade dos grãos produzidos. Estas doenças mostram padrão quantitativo de resistência genética e vários QTLs devem ser introgrididos para produzir uma resistência duradoura. Os marcadores moleculares podem ser utilizados como uma ferramenta para a seleção precoce de genótipos resistentes. O objetivo deste trabalho foi o de realizar a avaliação molecular da resistência à mancha angular (RC1 AND277 x IAC-Milênio, Andino x Mesoamericano) e antracnose (IAC-Formoso x Pérola). Microsatélites e SCARs já associados com alelos de resistência à estas doenças foram genotipados. Para mancha angular, marcador SSR GATS11b, localizado no *core* do QTL ALS10.1^{UC}, apresentou alelos andinos em heterozigose. O PvM22 também co-localizado no Pv10, apresentou o mesmo perfil dos marcadores GATS11b e IAC137, já que se encontra na mesma região do *core* do QTL ALS10.1^{UC}. Esta é uma região muito conservada, com comportamento em "bloco" e distorção de segregação mendeliana, comum em cruzamentos entre *pools* gênicos diferentes de feijão comum. Os marcadores SSR-IAC 134, que flanqueavam o QTL ALS2.1^{UC}, apresentaram perfil atípico em relação aos outros SSRs amplificados, uma vez que não apresentaram heterozigotos e a maioria dos genótipos apresentou alelos IAC-Milênio fixados para este loco. Três SCARs também foram amplificados: o SH13 (associado ao gene *Phg-1*) e o SAA19 mostraram superioridade de alelos andinos, e o SAB16 teve superioridade de alelos mesoamericanos, sendo que os dois últimos estão associados ao gene *Phg-3*. Para antracnose, Em relação aos marcadores genotipados na população RC1 FP, os microsatélites SSR-IAC18a, SSR-IAC234, FJ-44, SSR-IAC 65, PvM97, SSR-IAC 36, Pvattt01 e SSR-IAC 276 foram monomórficos. Alguns locos, como o SSR BMD185 apresentou 50% de alelos Pérola, e nenhum alelo Formoso em homozigose. O mesmo perfil ocorreu para o SSR-IAC 55, onde houve uma prevalência de 82,14% de alelos Pérola, e ausência de homozigose para os alelos Formoso. Os locos de maior heterozigose foram o SSR-IAC245 (53,57%), SSR-143 (57,14%) e Drough (53,57%). Uma nova seleção molecular será realizada em F3RC2 nas duas populações para evidenciar a perda ou fixação dos mesmos alelos. Marcadores moleculares são uma ferramenta poderosa para selecionar cultivares em fase precoce de retrocruzamentos visando um ganho de resistência à mancha angular. Em F3RC2, as linhagens serão avaliadas fenotipicamente para comprovação da resistência aferida pelo padrão molecular.

Palavras-chave: Mancha-angular, antracnose, *Phaseolus vulgaris* L.

Agradecimentos: FAPESP e PIBIC/CNPq

ANÁLISE DE CORRELAÇÃO SIMPLES DE PEARSON ENTRE CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE FRUTOS DE ABOBORA

Pedro Yuri Cavasin^{1*}; Cleverson Freitas de Almeida¹; Leandro Augusto Andrade Fumes¹; Gustavo Fabri Bastos¹; Derly José Henriques da Silva¹

¹Universidade Federal de Viçosa (UFV)

*E-mail: pedrocavasin91@gmail.com

O fruto da aboboreira (*Cucurbita moschata* Duchesne) é importante para atividades humanas, em especial na alimentação. Os frutos possuem elevada composição de fibras alimentares, vitaminas e minerais, além do seu elevado teor proteico. O Brasil possui ampla variabilidade genética de abóbora e grande parte dessa variabilidade está conservada em bancos de germoplasma, os quais foram criados com o objetivo de mensurar essa diversidade, documentar, preservar e promover o intercâmbio de plantas. O objetivo deste trabalho foi determinar os valores de correlação simples de Pearson entre características morfoagronômicas de frutos de abobora. O experimento foi conduzido na unidade experimental “Horta Velha” (20°45’14” S, 42°52’53” W, altitude de 649 metros) do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG, no período de agosto a dezembro de 2016. Foram avaliadas 194 plantas de *C. moschata*, sendo utilizado um fruto por planta da geração segregante, resultado do cruzamento dos genitores “BGH 7319” e “Tronco Verde”. As medições foram realizadas com auxílio de régua milimetrada. As variáveis mensuradas foram: espessura média de casca e da polpa, diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, comprimento dos frutos e diâmetro dos frutos. Foi realizada uma análise de correlação simples de Pearson, quantificando a intensidade da associação linear entre as variáveis. Os dados foram analisados com o auxílio do programa estatístico Genes. Todas as características apresentaram correlações simples significativas pelo Teste t, com exceção do diâmetro longitudinal e transversal da cavidade interna. A maior correlação encontrada foi 0,86 ($p < 0,01$), entre as variáveis diâmetro transversal da cavidade interna e diâmetro de fruto e 0,85 ($p < 0,01$) entre espessura média de polpa e diâmetro de fruto. A correlação entre espessura média de polpa e diâmetro longitudinal da cavidade interna foi negativa (-0,33). Portanto acredita-se que as características diâmetro transversal da cavidade interna, quanto espessura média de polpa estão altamente associados com diâmetro de fruto, facilitando sua manipulação simultânea. Devido aos baixos valores de correlação encontrados para as demais características demonstra-se maiores dificuldades para aumentar ou reduzir tais características simultaneamente.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*; pré-melhoramento; germoplasma

Agradecimentos: CNPq, CAPES e FAPEMIG e UFV.

ARQUITETURA DE RAIZ DE SOJA SUBMETIDA A ESTRESSE HÍDRICO

Anunciene Barbosa Duarte^{1*}; Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento²; Rodrigo Magalhães Viana²; Fernando Santos Ferreira²; Higor Silva Nogueira²; João Marcos Soares Ferreira²; Felipe Lopes da Silva³

¹Engenheira agrônoma, Mestranda em Fitotecnia pela Universidade Federal de Viçosa. ²Estudantes de graduação em Agronomia pela universidade Federal de Viçosa. ³Engenheiro agrônomo, Professor do departamento de Fitotecnia da Universidade federal de Viçosa. *cieneduarte@live.com

Apesar do seu incremento produtivo, a soja é uma espécie considerada sensível ao estresse hídrico, principalmente na fase inicial de desenvolvimento, o que pode comprometer a produção de forma significativa. Neste sentido, os programas de melhoramento têm buscado o desenvolvimento de variedades tolerantes e o conhecimento detalhado da arquitetura do sistema radicular, visto sua importância para a estabilização das plantas e o fato de serem os principais órgãos responsáveis pela absorção de água e nutrientes. Assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar a arquitetura de raízes de plantas de soja em condições de estresse hídrico na fase de desenvolvimento inicial. O estudo foi conduzido na Universidade Federal de Viçosa (UFV), no Departamento de Fitotecnia. Foram utilizadas sementes de sete genótipos de soja, sendo um tipo como padrão tolerante e outro como padrão de sensibilidade ao estresse hídrico. Foi realizado o teste de germinação e após isto foi retirada de forma aleatória uma planta normal de cada tratamento e colocada em papel Germitest umedecido com solução nutritiva e solução nutritiva + PEG 6000 (-0,2 kPa) visando a imposição do estresse. Os papéis foram embalados em sacos plásticos transparentes e dispostos em BODs por 15 dias, sendo umedecidos a cada 5 dias. As avaliações inerentes à arquitetura do sistema radicular foram realizadas e processadas no software WinRHIZOPro 2009, sendo elas: comprimento total da raiz, volume da raiz, diâmetro médio e ângulo de inserção das raízes laterais. O delineamento experimental empregado foi o inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2x7, sendo o fator um a presença ou ausência de estresse e o fator dois 7 genótipos, 5 repetições. Os resultados encontrados foram submetidos a análise de variância pelo teste F. Para a variável comprimento verificou-se diferença estatística para o fator estresse, não havendo diferença para o fator genótipo. Para a variável volume de raiz, observou-se interação entre os dois fatores analisados, sendo que o genótipo 5 apresentou resultado superior aos demais (7,14 cm³), perdendo apenas para os genótipos padrões. Para a variável ângulo, houve diferença significativa apenas para os genótipos 4, 7 e 8, não havendo diferença no fator estresse, mostrando-se inferior. Para a variável diâmetro, houve diferença estatística para os genótipos 2, 4, 5, 6 e 7, havendo diferença também para o fator estresse, sendo que na presença de estresse os genótipos 8 e 9 mostraram-se superiores aos demais (1,17mm e 1,16mm, respectivamente).

Palavras-chave: seca; melhoramento; tolerância.

Agradecimentos: Os autores agradem à FAPEMIG pelo apoio financeiro.

CARACTERIZAÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA PELO COMPRIMENTO E O DIÂMETRO DO HIPOCÓTILO

Lorraine Cristina Polloni^{1*}; Isabel Cristina de Sá Miranda¹; Isabella de Castro Silveira¹; Géssyca Ferreira Gomes¹; Larissa Fontoura Reis Rezende¹; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki²; Ana Paula Oliveira Nogueira¹.

¹Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Genética e Bioquímica (INGEB-UFU). ²Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Ciências Agrárias (ICIAG-UFU). *E-mail do autor para correspondência: lorrainepolloni@gmail.com

Entre os requisitos para a obtenção do certificado de proteção de cultivares estão os testes de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade. A diferenciação de cultivares de soja é realizada por 37 descritores entre os obrigatórios e os adicionais, porém estes já não são suficientes para distinguir as cultivares de soja. Este fato demonstra a necessidade de ampliar a lista de descritores utilizados para facilitar a distinção das cultivares. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o diâmetro e o comprimento do hipocótilo de 20 genótipos de soja para fins de diferenciação. O trabalho foi realizado na casa de vegetação da Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude), da Universidade Federal de Uberlândia. Os tratamentos foram dispostos no delineamento de blocos completos casualizados, com 3 repetições, sendo que cada unidade experimental foi constituída por um vaso com 3 plantas. Para cada genótipo, foi utilizado uma amostra aleatória de sementes constituída de diferentes tamanhos. Foram avaliados 2 caracteres, o diâmetro e o comprimento do hipocótilo no estágio V2 da planta, com o auxílio de um paquímetro. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o aplicativo computacional em Genética e Estatística, denominado Programa Genes. Constatou-se a variabilidade genética para o comprimento e para o diâmetro do hipocótilo ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F. A razão CVg/CVe foi superior à unidade para ambos os caracteres estudados, indicando que a condição é favorável à seleção genética. Os coeficientes de determinação genotípico (H^2) para os dois caracteres avaliados foram de 77,86 e 89,9% respectivamente ao diâmetro e o comprimento do hipocótilo, demonstrando predominância de causa genética em relação a variabilidade fenotípica. Pelo teste Scott-Knott foi possível observar que os dois caracteres permitiram a formação de grupos distintos, possibilitando a diferenciação dos genótipos. Portanto, o comprimento e diâmetro do hipocótilo demonstraram ser potenciais descritores adicionais para a distinção de cultivares de soja.

Palavras-chave: *Glycine max (L.) Merrill*; Melhoramento; Proteção de cultivares.

Agradecimentos: FAPEMIG; CNPq; UFU; Programa de Melhoramento e de Estudos Genéticos em Soja (PMEGS).

CLASSIFICAÇÃO DO COEFICIENTE DE VARIAÇÃO EXPERIMENTAL PARA CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS NAS PRINCIPAIS CULTURAS AGRÍCOLAS

Igor Ferreira Coelho¹; Leonardo Lopes Bhering²; Paulo Eduardo Teodoro³

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Universidade Federal de Viçosa. ³Universidade Federal do Mato Grosso do Sul. *E-mail do autor para correspondência: coigor.agronomia@gmail.com.

Após analisar dados estatísticos, o pesquisador deve utilizar todas as informações disponíveis para concluir sobre suas hipóteses estabelecidas. Além da utilização da média, tem-se tornado cada vez mais comum o uso de medidas de dispersão ou de variabilidade, como o coeficiente de variação, para inferir sobre a precisão experimental a partir de comparações com experimentos em condições distintas. O objetivo deste trabalho foi estabelecer os níveis de precisão experimental para alguns caracteres da cultura do milho, soja e sorgo. Foram utilizadas, portanto, informações referentes a várias publicações científicas das culturas em questão. Como parte da pesquisa, foi realizada análise descritiva dos Coeficientes de Variação (CVs) para diferentes características, em cada cultura, e classificou-se os CVs. Posteriormente, foram estabelecidos os níveis de precisão experimental de acordo com a metodologia de Garcia (1989). Valores menores que o CV médio menos desvio padrão (S) foram considerados baixos [$X < (CV - S)$]; valores entre o CV médio \pm S foram considerados médios [$CV - S \leq X < CV + S$]; valores entre o CV médio + S e o CV médio mais 2S foram considerados altos [$CV + S \leq X \leq CV + 2S$]; valores maiores que o CV médio mais 2S foram considerados muito altos [$X > CV + 2S$]. Como resultado da análise das publicações científicas de Milho, Soja e Sorgo, classificou-se e contabilizou o coeficiente de variação para cada característica de importância agrônômica dessas culturas. Em Milho avaliou-se Altura da Espiga, tendo 2 CVs baixos, 7 CVs médios e 3 CVs altos; Altura de Planta, que apresentou 2 CVs baixos, 11 CVs médios, 1 CV alto e 1 CV muito alto; e Produtividade com 2 CVs baixos, 10 CVs médios, 1 CV alto e 1 CV muito alto. Já para Soja a característica Número de Vagens e Número de Sementes apresentaram, cada, 1 CV baixo, 4 CVs médios e 1 CV alto; Produtividade teve 1 CV baixo, 6 CVs médios e 2 CVs altos; Altura de Planta apresentou 1 CV baixo, 6 CVs médios e 1 CV alto. E para a cultura de Sorgo a característica de altura de plantou apresentou 13 CVs médios, 1 CV alto e 1 CVs muito alto; Peso de grãos teve 1 CV baixo, 10 CVs médios e 1 CV alto; e Florescimento apresentou 2 CVs baixos, 8 CVs médios e 1 CV alto. Os resultados gerados neste trabalho podem ser utilizados como referência para os pesquisadores, permitindo-os verificar a precisão experimental de seus experimentos de acordo com as diferentes classes estabelecidas para o coeficiente de variação.

Palavras-chave: Genética quantitativa, biometria e estatística

Agradecimentos: UFV, CNPq e FAPEMIG.

CONTROLE E REGULAÇÃO DO TEOR DE SAL EM *Passiflora tarminiana* ATRAVÉS DE ESTRATÉGIAS DE ADAPTAÇÃO

Alejandro Hurtado Salazar¹; Danielle Fabíola Pereira da Silva²; Cláudio Horst Bruckner³

¹Universidad de Caldas, Manizales, Colombia. ²UFG/ Regional Jataí, Jataí-Goiás.

³UFV/ Viçosa-MG. *E-mail do autor para correspondência: alhuza@gmail.com, daniellefpsilva@gmail.com, bruckner@ufv.br

Passiflora tarminiana é uma glicofita trepadeira, nativa da região andina. Embora seja exposta à condição salina e ao estresse hídrico moderado, essa planta cresce, normalmente, sem sintomas de toxicidade. A excreção de sal, os parâmetros de crescimento e as concentrações de íons excretados foram examinados em plantas cultivadas durante sete meses, submetidas a diversos níveis de salinidade [(NaCl) 2,5; 4,0; e 5,5 dS m⁻¹ (25, 40 e 55 mM)] e de estresse hídrico moderado (33% e 66% de umidade no substrato). Avaliaram-se cristais de sal e estruturas da epiderme foliar. O experimento foi conduzido na unidade de produção hidropônica em Manizales, Caldas, na Colômbia, localizada a 2.130 m de altitude, com temperatura média externa de 18 °C, precipitação média anual de 2.000 mm e umidade relativa média de 78%. Avaliou-se o acesso comercial *Passiflora tarminiana* Coppens & V.E. Barney c. O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado em arranjo de parcelas subdivididas, onde a parcela constitui em percentual de saturação de água (100% e 33%), a subparcela em níveis de saturação de sal (CE: 2,5; 4,0; e 5,5 dS m⁻¹), com cinco repetições, e unidade experimental composta por uma planta. Observou-se excreção de sais na superfície adaxial em folhas de *P. tarminiana*, possivelmente devido as glândulas especiais excretoras de sal. Além dessas glândulas, foram observadas também outras estruturas da epiderme como papilas e tricomas, as quais provavelmente estão envolvidas na tolerância de *P. tarminiana* à salinidade.

Palavras chave: Fisiologia do estresse; *Passiflora* spp.; salinidade.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, Projeto Mais Ciência 2017, GO.

CORRELAÇÃO ENTRE GENÓTIPOS DE MILHO COM PROPÓSITO FORRAGEIRO

Pedro Henrique Willemann Andreoli^{1*}; Alã Vito Moleta¹; Camila Bastos Ribeiro Rezende²; Jaqueline Aparecida Kerniski¹; Vitor Seiti Sagae¹; Marcos Ventura Faria³

¹Graduando, Agronomia – UNICENTRO, Bolsista PIBIC-CNPq, Guarapuava-PR; ²Pós-Doutoranda PPGA/UNICENTRO, Guarapuava-PR; ³Professor Associado do Departamento de Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR.
*pedrohwandreoli@gmail.com

Dentre os alimentos volumosos utilizados no sistema de produção animal, a forragem de milho tem sido uma alternativa de sucesso. Em programas de melhoramento o estudo das correlações existentes entre as variáveis pode auxiliar na seleção de genótipos superiores. O coeficiente de correlação de Pearson é uma medida do grau de relação linear existente entre duas variáveis quantitativas. O objetivo do trabalho foi avaliar a correlação existente entre as variáveis, altura de espiga (AE), produtividade de grãos (PG), fibra em detergente ácido (FDA), fibra em detergente neutro (FDN), altura de planta (AP), produtividade de massa verde (PMV) e de massa seca (PMS) da forragem. Foram avaliadas linhagens de milho com propósito forrageiro em cruzamentos *topcrosses*. Avaliou-se 66 tratamentos, provenientes do cruzamento de 30 linhagens (obtidas a partir do híbrido comercial SG6015) com o testador híbrido simples AG8025, mais cinco testemunhas (P30B39 YH, AG9045 PRO2, PL6880, LG6030 e AG8025). Os genótipos foram avaliados no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, no *Campus* CEDETEG, em Guarapuava-PR. A semeadura foi realizada na segunda semana de setembro de 2016. O delineamento experimental foi em blocos com os tratamentos casualizados com 3 repetições. O corte da forragem foi realizado quando os grãos atingiram o estágio de 2/3 da linha de leite. A correlação positiva de maior magnitude foi evidenciada entre altura de planta (AP) e produtividade de grãos (PG), seguida de produtividade de massa verde (PMV) e produtividade de massa seca por hectare (PMS). O fato de AP correlacionar com PG, ocorre devido apresentar em conjunto maiores valores de PMS e PMV, decorrente de maior acúmulo de concentração de fotoassimilados. A participação de grãos se mostrou inversamente correlacionada aos teores de FDA e FDN devido a participação do amido presente nos grãos nos teores de fibra. Observou-se também correlação entre produtividade e os caracteres avaliados: altura de planta, massa seca e massa verde. Pode-se concluir que a altura de espiga não é influenciada por nenhuma características avaliada e o aumento de FDA e FDN está diretamente influenciado pelo aumento da produtividade de grãos. A utilização da análise de correlações auxilia para inferir na seleção dos melhores genótipos superiores.

Palavras-chave: *Zea mays*; *Topcrosses*.

Agradecimentos: CNPq e Fundação Araucária.

CRESCIMENTO DE MUDAS DE MARACUJAZEIRO DA CULTIVAR UENF RIO DOURADO EM FUNÇÃO DE TIPOS DE SUBSTRATOS COMERCIAIS

Weliton Ferreira dos Santos¹; Joana Inácia Cardoso da Conceição da Silva¹; Jôsie Cloviane de Oliveira Freitas ¹; Alexandre Pio Viana²; Fernando Lima Higino³; Gisele Carneiro da Silva Teixeira¹; Eliamar Rodrigues da Silva¹

¹Universidade Estadual de Goiás – UEG/ Câmpus Posse. ²Universidade Estadual do norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF. ³Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano/ Câmpus Rio Verde. *E-mail do autor para correspondência: santosweliton49199@gmail.com.

O Brasil é um dos maiores produtores de maracujá. A cultivar UENF Rio Dourado é uma população melhorada por meio de seleção recorrente, a qual apresentou um alto potencial produtivo para a região Norte Fluminense-RJ (Viana et al., 2016). A qualidade na obtenção de mudas é primordial para altas produtividades (Mendonça et al., 2006). Desta forma, o presente trabalho teve como objetivo testar substratos comerciais na obtenção de mudas de maracujazeiro de alta qualidade. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com dois tratamentos e dezoito repetições. As sementes da variedade UENF Rio Dourado foram colocadas para germinar no dia 02/01/2017, em dois tipos de substratos, Bioflora[®] (Composição: Casca de Pinus e Eucalipto, Serragem de madeira, Carvão vegetal, Rocha calcária, Superfosfato simples, Nitrato de Amônio e Casca de arroz) e Carolina padrão[®] (Composição: Turfa de Sphagno, Vermiculita expandida, Calcário dolomítico, Gesso agrícola e NPK). A taxa de emergência foi observada diariamente, contando-se o número de plantas emergidas. Aos 123 dias após as sementes serem colocadas para germinar foram mensuradas as seguintes variáveis: diâmetro do coleto, número de folhas e altura das plantas. Os dados obtidos foram submetidos à ANOVA e as médias foram comparadas utilizando-se o teste Tukey. Foram observadas taxas de emergência de 90 e 74%, respectivamente, para o substrato Carolina Padrão[®] e Bioflora[®]. Houve diferença significativa ($p < 0,05$) para as variáveis altura de planta e número de folhas, com o substrato Carolina padrão[®] apresentando as maiores médias para estas variáveis. Isto se deve provavelmente a composição deste substrato. Não foi verificada diferença significativa entre os tratamentos para a variável diâmetro do coleto. Os resultados demonstram que as mudas cultivadas no substrato Carolina Padrão[®] apresentaram um maior crescimento de parte aérea, tendo conseqüentemente uma melhor qualidade.

Palavras-chave: *Passiflora*; Fruticultura; Cultivar.

DETERMINAÇÃO DO NÚMERO CROMOSSÔMICO EM TRÊS POPULAÇÕES DE *Linum usitatissimum* L.

Ilson Ghellar Júnior¹; Douglas Bonin Taborda¹; Karine Cristina Kryck²; Carine Simioni³; Nair Dahmer^{4*}

¹Aluno da Faculdade de Agronomia – Sociedade Educacional Três de Maio - SETREM. Ilsonghellar@yahoo.com.br ²Doutoranda do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia - UFRGS. ³Professora Adjunto do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia - UFRGS. ⁴Professora da Faculdade de Agronomia - Sociedade Educacional Três de Maio - SETREM. [*nairdahmer@setrem.com.br](mailto:nairdahmer@setrem.com.br).

Linum usitatissimum L (gênero *Linum*, família Linaceae) conhecido popularmente como linho, linhaça ou linheiro é uma planta de cultivo anual, utilizada desde o início da civilização para consumo humano e animal, sendo considerada uma das culturas mais antigas com diversos usos. No Brasil o linho é um grande atrativo devido principalmente às características nutricionais, por ser rico em ácidos graxos, compostos fenólicos, proteínas e elevada quantidade de fibras. A cultura está sendo um diferencial de renda na região noroeste do RS substituindo alguns cereais de inverno, que nos últimos anos não têm trazido o resultado esperado. Os estudos sobre melhoramento do linho ainda são escassos. Dados citogenéticos são restritos a outros países. A citogenética nos fornece informações, como por exemplo, o número cromossômico, dado imprescindível para caracterização do germoplasma e para o sucesso do programa de melhoramento. Diante da grande importância desta cultura, objetivou-se neste trabalho, determinar o número cromossômico e verificar a possível ocorrência de variabilidade intra e interespecífica em três populações de *L. usitatissimum* que fazem parte do programa de melhoramento de linho em andamento na Faculdade de Agronomia da Sociedade Educacional Três de Maio – SETREM. As avaliações foram realizadas no laboratório de Microbiologia da SETREM e no laboratório de Citogenética do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Para determinação do número cromossômico, as sementes foram germinadas em placas de Petri sob filtro em temperatura ambiente (em torno de 22°C). Com cerca de 1cm, foram pré-tratadas com paradiclorobenzeno (PDB) por 24 horas na geladeira (8°C), fixadas em 3:1 (etanol-ácido: acético) por 24 horas e mantidas na geladeira até a confecção das lâminas. As lâminas foram preparadas com hidrólise das raízes em HCL 1N a 60°C por 8 min, coloração por Feulgen e esmagamento em carmim propiônico 1%. No mínimo dez células, com bom espalhamento cromossômico e em estágio equivalente de contração foram analisadas por planta. As melhores células foram fotografadas. O número cromossômico para as três populações analisadas foi 2n=30 cromossomos. Não foi observado variabilidade intraespecífica e nem interespecífica nas populações avaliadas. Os dados são preliminares mas são fundamentais para o avanço do programa de melhoramento com a espécie. Em continuação deste trabalho análise cariotípica está sendo realizada, visto que os dados para esta espécie são raros.

Palavras-chave: linho; número cromossômico; melhoramento

IDEÓTIPO DE CAPIM-ELEFANTE NA SELEÇÃO DE ACESSOS PARA PRODUÇÃO DE ETANOL CELULÓSICO

Juarez C. Machado^{1*}; Edson E. R. de Assis¹; Pedro C. S. Carneiro² e João Romero do A. S. C. Rocha²

¹Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG, 36038-330, Brasil

²Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 36570-900, Brasil

*E-mail: juarez.machado@embrapa.br

A produção de etanol celulósico a partir do capim-elefante tem sido alvo de pesquisas devido ao seu baixo conteúdo de lignina e a alta produção de biomassa por hectare por ano. Para que se obtenha maior conversão em etanol é necessário que a biomassa apresente altos teores de celulose, alta digestibilidade *in vitro* e elevada relação celulose/lignina na biomassa; baixos teores de lignina e nitrogênio, além de elevada produção de biomassa seca e de seus componentes (biomassa verde e porcentagem de matéria seca) e alto vigor fenotípico. Nesse sentido, a seleção e recombinação de acessos superiores que promovam ganhos genéticos para múltiplas características, simultaneamente, é imperativo. Com este objetivo, os dados de 10 características (altura de plantas, vigor fenotípico, biomassa verde, biomassa seca, porcentagem de biomassa seca, celulose, lignina, relação celulose/lignina, digestibilidade *in vitro* da biomassa seca e nitrogênio) relacionadas ao uso bioenergético da biomassa do capim-elefante foram obtidos de 100 acessos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa (BAGCE), implantados em delineamento látice com duas repetições. Adotou-se o índice multicaracterístico FAI-BLUP para a seleção de genótipos superiores quanto a produção de etanol celulósico. Este índice considera o ideótipo para uso específico, neste trabalho, para produção de etanol celulósico. O índice FAI-BLUP foi capaz de representar 80% de toda a variabilidade presente no BAGCE por meio de três fatores finais. O primeiro fator reúne as características morfo-agronômicas (altura de plantas, vigor fenotípico, biomassa verde e biomassa seca) o segundo, as características de qualidade da biomassa (celulose, lignina, relação celulose/lignina, digestibilidade *in vitro* da biomassa seca e nitrogênio) e o terceiro fator uma única característica - porcentagem de biomassa seca. Apenas para a característica teor de nitrogênio não foi possível prever ganho genético em sentido desejável. Isso se deve a alta correlação genética (positiva) existente entre nitrogênio e digestibilidade *in vitro* da biomassa seca e entre nitrogênio e celulose/lignina. A ligação gênica é a causa provável dessas correlações genéticas de alta magnitude. Desta forma, por meio de repetidos ciclos de seleção e recombinação será possível quebrar a ligação gênica e obter ganhos genéticos em sentido desejado para todas as características sob seleção. Os acessos com alta performance para a produção de etanol celulósico foram: 21, 44, 72, 11, 1, 70, 37, 57, 47, 51, 75, 5, 55, 59 e 95.

Palavras-chave: *Cenchrus purpureus*; etanol de segunda geração; biomassa

Agradecimentos: CAPES, CNPq e Fapemig.

INFLUÊNCIA DE DIFERENTES SUBSTRATOS NO DESENVOLVIMENTO DE PLÂNTULAS DE CANELA-SASSAFRÁS *Ocotea odorifera* (VEIL. ROHWER)

Emily Tiedt¹; Johny Vargas²; Sandra Cabel³

¹Pontifícia Universidade Católica do Paraná. ²Pontifícia Universidade Católica do Paraná. ³Pontifícia Universidade Católica do Paraná. *emily.tiedt@hotmail.com

A canela-sassafrás, *Ocotea odorifera* (Vell. Rohwer), é uma espécie arbórea que desperta grande interesse pelo seu valor agregado na madeira e nos subprodutos oriundos de toda sua estrutura. Porém, em decorrência do extrativismo mal planejado, a espécie foi incluída na lista oficial das espécies ameaçadas de extinção em 1992 (Portaria IBAMA nº 6-N, de 15 de janeiro de 1992). Além disso, a canela-sassafrás possui fatores de reprodução e dispersão que dificultam sua regeneração natural, como produção irregular de sementes, grande distanciamento entre árvores isoladas, diminuição cada vez maior dos agentes polinizadores, predação dos frutos e sementes por pássaros e insetos, podridão de sementes por fungos e baixo vigor das sementes (AUER E GRAÇA, 1995). Devido a essas adversidades, visando amenizar sua extinção e auxiliar na conservação e preservação genética da espécie, foram adotadas técnicas de propagação vegetativa, dentre elas a estaquia de plântulas de regeneração natural. O objetivo deste estudo foi testar a influência de duas diferentes composições de substratos no desenvolvimento de plântulas oriundas de regeneração natural, para que, após seu estabelecimento, seja possível realizar a propagação vegetativa com estacas de canela-sassafrás. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Gralha Azul, localizada na cidade de Fazenda Rio Grande no Paraná, em casa de vegetação durante 130 dias. Os tratamentos foram designados como T0 e T1, em que T0 foi aplicado substrato com uma camada de serrapilheira que cobria o colo da muda e T1 somente o substrato. O substrato utilizado foi o produto comercial Mecplant®. Após o monitoramento mensal para controle de pragas e inconformidades, foi avaliada a taxa de sobrevivência e desenvolvimento do caule. Para identificar se houve diferença significativa entre os tratamentos aplicados, foi realizada análise estatística utilizando o teste t de Student. O tratamento com substrato e serrapilheira (T0) teve índice de sobrevivência igual a 48%, enquanto o tratamento que recebeu somente substrato (T1) teve índice igual a 28%. Para a avaliação do desenvolvimento em altura, foi identificado que não houve diferença significativa entre os tratamentos. Com isso, é possível concluir que, no período de 130 dias, o substrato associado à serrapilheira garante maior sobrevivência das mudas de regeneração natural de canela sassafrás.

Palavras-chave: Regeneração natural, Melhoramento Florestal, Lauraceae.

ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE FUNGOS CAUSADORES DE ANTRACNOSE EM FRUTOS DE PIMENTA E PIMENTÃO

Luciane Tavares de Vargas^{1*}; Geovane Porath Barboza¹; Débora Pereira¹;
Tainara Laise da Silva Blatt¹; Rosane dos Santos Grignet¹; Adriana Fiorini²;
Adilson Ricken Schuelter¹

¹União Dinâmica das Faculdades Cataratas (UDC), Foz do Iguaçu - PR, Brasil;

²Universidade Federal do Paraná, Palotina - PR, Brasil.

*E-mail do autor para correspondência: luciane_@hotmail.com

O gênero *Colletotrichum* spp, que causa a doença denominada antracnose, é de ocorrência ampla no Brasil, e sua importância tem crescido em frutos de hortaliças como as de pimenta e o pimentão. Devido à relevância da doença para agricultura é premente realizar estudos que permita identificar as espécies de *Colletotrichum* predominantes encontradas em frutos de *Capsicum* comercializados no Oeste do Paraná, visando realizar estudos sobre o controle genético para resistência. Assim, o presente trabalho teve como objetivo realizar o isolamento do fitopatógeno em frutos de pimenta e pimentão, e a caracterização morfológica e molecular dos isolados que causam sintomas da doença. Frutos de pimenta e pimentão coletados em diferentes municípios do Oeste do Paraná foram devidamente identificados, acondicionados em sacos de papel, e levados até laboratório para a realização do isolamento do fungo. No laboratório, segmentos dos frutos com sintomas foram excisados, e submetidos na sequência ao processo de desinfestação, que consistiu no seguinte: emprego de álcool 70% por 30 segundos; seguida pela aplicação de uma solução de hipoclorito de sódio por 1 minuto; e lavagem com água destilada por três vezes. Após a desinfestação, os segmentos de frutos com sintomas foram incubados em meio de cultura BDA a 25°C por sete dias. Após o período de incubação, detectou-se que o processo de desinfestação foi eficiente, sendo possível obter cinco isolados, sendo quatro de pimenta e um de pimentão. Pela avaliação dos isolados, constatou-se a ocorrência de variação na coloração e na capacidade de crescimento em meio de cultura BDA entre as diferentes espécies do gênero *Colletotrichum*. Enfim, esses resultados evidenciam a existência de variabilidade genética entre os isolados do fitopatógeno, e que serão úteis para estudos sobre o controle genético para resistência.

Palavras chave: *Colletotrichum* spp, Pós-colheita, Frutos.

PROCESSAMENTO E ANÁLISE DE IMAGENS PARA DIAGNÓSTICO DA FERRUGEM ALARANJADA EM *Coffea arabica*

Alexandre Gomes Ferraz¹; Vinícius Quintão Carneiro¹; Dênia Pires de Almeida¹; Eveline Teixeira Caixeta²; Cosme Damião Cruz¹; Carla Aparecida de Oliveira Castro¹;

¹Universidade Federal de Viçosa; ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; E-mail: alexandre.g.ferraz@gmail.com.

Há uma crescente demanda por técnicas que auxiliem a área do melhoramento genético afim de aumentar a acurácia e precisão das avaliações experimentais, assim como, tornar as atividades dos programas de melhoramento mais automatizadas. Uma alternativa interessante é a fenotipagem de alta qualidade e em larga escala, tema abordado em área denominada por fenômica. Estas técnicas podem facilitar e/ou reduzir custos financeiros e de tempo aos programas de melhoramento. Porém ainda são poucas as aplicações disponíveis nesta área para realizar análises desta natureza. A ferrugem alaranjada do cafeeiro é uma doença de grande importância no melhoramento desta cultura e a avaliação desta por ser visual apresenta elevada presença de erros. A avaliação por imagens digitais é alternativa viável para solução deste problema. Assim, o objetivo deste propor a utilização de técnicas de processamento de imagens para auxiliar na identificação e quantificação de ferrugem alaranjada em *Coffea arabica*. Foram desenvolvidos procedimentos de segmentação e extração de características em imagens de folhas em cafeeiro. Para as avaliações inocularam-se os uredósporos de *Hemileia vastatrix* em discos foliares de genótipos de *Coffea arabica*. A avaliação visual foi realizada conforme a escala de notas proposta por TAMAYO et al. (1995). As imagens, para sua posterior análise, foram obtidas através de câmera digital de cada gerbox. Utilizou-se os métodos de limiarização (Otsu) e o de *K-means* para segmentação da imagem. Os processos de segmentação, por limiarização (Otsu) ou pelo método de *K-means*, foram igualmente eficazes para a separação dos discos foliares do fundo das imagens. Para o processo de limiarização, as camadas *b* e *S* das escalas de cor Lab e HSV, respectivamente, foram as mais úteis para serem utilizadas na segmentação das imagens contendo os discos foliares. Para separação das áreas afetadas, a segmentação por meio do método de agrupamento de *K-means* permitiu separar toda a região de sintomas de ferrugem alaranjada nos discos foliares. Assim, foi possível obter o percentual da área total que foi afetado pela ferrugem alaranjada do cafeeiro. Evidenciada a eficácia destas técnicas na identificação e diagnóstico da ferrugem alaranjada do cafeeiro estes procedimentos foram implementados no software FENOM. O uso de imagens no auxílio da avaliação de doenças apresentou grande potencial aos programas de melhoramento, principalmente em substituição à avaliação visual.

Palavras chaves: Fenômica; análise de imagem; *Hemileia vastatrix*.

Agradecimentos: FAPEMIG, CNPq, Capes e Universidade Federal de Viçosa

REAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO A DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE ALUMÍNIO EM SOLUÇÃO NUTRITIVA

Tiago Willian Silva¹; José dos Santos Neto^{1*}; Vânia Moda-Cirino¹

¹Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Área de Melhoramento e Genética Vegetal, Londrina-PR, Brasil. *E-mail do autor para correspondência: js.neto@iapar.br.

O feijão é uma das culturas mais importante nos países em desenvolvimento, uma vez que é a principal fonte de proteína vegetal. O estresse abiótico representa um dos fatores de maior importância na redução da produtividade, em especial a toxidez por alumínio, que afeta o desenvolvimento radicular, prejudica a absorção de nutrientes e torna as plantas mais sensíveis aos períodos de seca. O presente trabalho teve como objetivo avaliar cultivares de feijão submetidas a diferentes concentrações de alumínio em solução nutritiva. O experimento foi conduzido em condições de casa de vegetação do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), localizado no município de Londrina – PR, durante os meses de maio a agosto de 2016. O delineamento foi de blocos ao acaso com quatro repetições e os tratamentos dispostos em um esquema fatorial (3x5) com três genótipos (IPR Garça, BRSMG Realce, IAC Formoso) e cinco concentrações de alumínio: 0; 2,5; 5; 7,5; 10 ppm. As cultivares foram semeadas em bandejas com substrato e após dez dias transplantadas para vasos com capacidade de 3,35 L contendo solução nutritiva. O pH da solução foi mantido a 4,0 e a condutividade elétrica inicial a 0,3 dS cm⁻². A solução foi arejada continuamente e trocada quando a condutividade elétrica atingiu 40% do valor inicial. Ao final do ciclo de cada cultivar foram mensuradas as seguintes variáveis: comprimento de raiz (CR), volume de raiz (VR), massa de grãos por planta (MG), massa seca da parte aérea (MSPA), massa seca da raiz (MSR) e índice de colheita (IC). Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância, teste de comparação de médias (tukey $p \leq 0,05$) entre cultivares dentro de cada concentração e análise de regressão ($p \leq 0,05$) para as concentrações dentro de cada cultivar, utilizando-se o maior coeficiente de determinação como critério para a escolha do modelo com melhor ajuste aos resultados. Para todas as variáveis analisadas houve interação entre genótipos e concentrações de alumínio. A cultivar IAC Formoso apresentou maior tolerância a toxidez por alumínio, diferindo-se significativamente das demais cultivares para as variáveis MG, MSPA e MSR na concentração de 2,5 ppm. Para as variáveis CR, VR, MG, MSPA e MSR não foi observado diferença significativa entre os genótipos a partir da concentração de 5 ppm. As análises de regressão evidenciaram que a partir da concentração de 5 ppm as cultivares demonstraram comportamento semelhante, dificultando assim a diferenciação entre genótipos. Para a seleção de screening de genótipos tolerantes a toxidez por alumínio em solução nutritiva recomenda-se utilizar uma concentração de alumínio entre 2,5 e 5 ppm.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; estresse abiótico

SELEÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO DOS GRUPOS COMERCIAIS CARIOCA E PRETO VIA MODELOS MISTOS

Jessica Delfini^{1*}; Leandro Simões Azeredo Gonçalves¹; Vânia Moda-Cirino³

¹Universidade Estadual de Londrina – UEL, Departamento de Agronomia, Londrina - PR, Brasil. ²Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Área de Melhoramento e Genética Vegetal, Londrina-PR/Brasil. *E-mail: jessica_delfini@hotmail.com

O Brasil destaca-se no cenário agrícola internacional como o principal produtor e consumidor de feijão da espécie *Phaseolus vulgaris* L., e o Estado do Paraná mantém-se na liderança nacional, respondendo por 23% da produção de feijão brasileira. Ao longo dos anos é possível observar um grande progresso na produção de grãos, bem como na qualidade tecnológica e nutricional da cultura. Essa expressiva melhoria se dá graças aos programas de melhoramento de feijão. Este trabalho teve por objetivo avaliar parâmetros genéticos e o potencial agronômico de cultivares de feijão dos grupos comerciais carioca e preto via REML/BLUP. Para tanto, foram avaliados 20 cultivares dos grupos carioca e 19 e cultivares do grupo preto, em quatro ambientes no estado do Paraná, dois na safra das águas de 2014/2015, em Ponta Grossa e Guarapuava, e dois na safra da seca de 2015, em Ponta Grossa e Santa Tereza do Oeste. A caracterização morfoagronômica foi realizada por meio de 23 descritores relacionados aos estádios vegetativos e reprodutivos da planta. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com 3 repetições e parcela experimental constituída por 4 linhas de 4 metros de comprimento com espaçamento de 0,5 m. Com base na análise de deviance foi observado uma ampla variabilidade entre os descritores para os grupos preto e carioca. A acurácia seletiva foi superior a 0,70 para a maioria das variáveis, indicando uma boa precisão experimental. A herdabilidade variou de 0,05 a 0,72 para ambos os ensaios, sendo observado baixos valores para produtividade (0,12 para os dois grupos comerciais). De acordo com o método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), no qual refere-se a uma medida simultânea da produtividade, estabilidade e adaptabilidade, as cultivares que se destacaram no grupo comercial carioca foram IPR Bem-te-vi, FT-65, BRS Notável e Bola Cheia, com a produtividade variando de 2971,44 a 2783,37 kg/ha. Entre as cultivares do grupo preto as que tiveram melhor desempenho foram IPR Nhambu, IPR Uirapuru, BRS Esteio e IAC Una variando de 2971,44 a 2783,37 kg/ha. Esses valores de rendimento de grãos são referentes ao valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade. Nos dois experimentos a produtividade das cultivares em destaque foram superiores a média geral, 2558,52 e 2409,03 kg/ha para os grupos carioca e preto, respectivamente. Essas cultivares mostraram-se produtivas e amplamente adaptadas para as regiões oeste, centro, e centro-sul paranaense.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; REML/BLUP; adaptabilidade e estabilidade

Agradecimentos: IAPAR e Capes

SELEÇÃO DE CULTIVARES DE MORANGUEIROS COM BASE EM CARACTERÍSTICAS DE PÓS-COLHEITA PARA USO COMO GENITORES EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO

Katielle R. V. Córdova^{1*}; Juliano T. Vilela de Resende²; Gisele K. Contini¹;
Giovana Carla Spassin²

¹Universidade Estadual do Centro Oeste – UNICENTRO, Departamento de Engenharia de Alimentos. ²Universidade Estadual do Centro Oeste – UNICENTRO, Departamento de Agronomia, Núcleo de Pesquisas em Hortaliças. *E-mail do autor para correspondência: katielle@unicentro.br.

Os estudos de melhoramento genético do morangueiro visam obter cultivares mais adaptadas às condições locais e melhor qualidade de fruto. Assim, busca-se ideótipos produtivos, com frutos grandes, adocicados, firmes, com período de colheita estendido e uma boa conservação pós-colheita. O objetivo desse trabalho foi avaliar características físicas e químicas de cultivares de morangueiros a fim de dar suporte ao programa de melhoramento genético da Unicentro, mediante caracterização dos possíveis genitores. O experimento e as análises foram conduzidos no Setor de Olericultura, no Núcleo de Pesquisa em Hortaliças, da Unicentro. Amostras de oito cultivares comerciais de morangueiro cultivados em sistema convencional foram utilizadas. Nos ensaios de campo utilizou-se o delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições em cada parcela. Os frutos foram avaliados quanto ao teor de umidade, proteínas, lipídios, carboidratos, fibras, cinzas e valor energético. A análise de cor foi mensurada pelo sistema CIEL*a*b, em colorímetro com iluminante D65 e ângulo 10°, previamente calibrado. Os parâmetros analisados foram: luminosidade e coordenadas cromáticas. Foram calculados: variação da coloração, cromaticidade e ângulo de tonalidade. Os testes foram repetidos semanalmente até completarem doze semanas do período experimental. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey. As cultivares apresentaram diferença estatística ($p < 0,05$) nas características avaliadas exceto no teor de fibras. A cultivar Palomar apresentou-se mais úmida e a Camarosa a de maior °Brix. Proteínas, lipídios, fibras e cinzas estão presentes em pouca quantidade nos frutos, sendo os lipídios o menor de todos. Dentre as cultivares analisadas a cultivar Monterrey apresentou-se mais avermelhada e a San Andreas a menos avermelhada. A cultivar Portolas apresentou o maior índice de luminosidade, se destacando por ser a mais clara dentre as amostras. Todas as cultivares apresentaram potencial de comercialização para os quesitos avaliados, porém considerando os atributos físico-químicos, as cultivares Camarosa e Monterey foram as mais promissoras para utilização como genitores em programas de melhoramento para obtenção de cultivares de dia curto. Palomar e Portola apresentaram atributos importantes para utiliza-las como genitores em programas de melhoramento genético para obtenção de cultivares de dia neutro.

Palavras-chave: *Fragaria ananassa*; colorimetria; qualidade.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Jacaranda mimosaeifolia*

Mariana Fauerharmel¹; Kelen H. Lencina¹; Lucas T. de Souza²; Dilson A. Bisognin^{3*}

¹PPGEF, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), CEP 97105-900, Camobi, Santa Maria, RS. ²UFSM, Engenharia Florestal. ³UFSM, Departamento de Fitotecnia. *E-mail do autor para correspondência: dilson.bisognin@ufsm.br

O *Jacaranda mimosaeifolia* (Bignoneaceae) é uma espécie arbórea e nativa da região norte da Argentina, sendo cultivada no Brasil para arborização urbana e marcenaria. As mudas desta espécie podem ser produzidas por propagação vegetativa, a qual proporciona mudas uniformes e selecionadas com base em características desejadas. Assim, o objetivo deste estudo foi selecionar genótipos de *J. mimosaeifolia* com base no número de miniestacas enraizadas para a propagação por miniestaquia. O experimento foi conduzido no Núcleo de Melhoramento e Propagação Vegetativa de Plantas, na UFSM. O material vegetal utilizado constituiu-se de miniestacas de *J. mimosaeifolia* oriundas de minijardim clonal composto por 43 minicepas. Miniestacas de 1,5 a 2,0 cm de comprimento e um par de folhas com quatro pares de folíolos, foram cultivadas em tubetes de polietileno com capacidade para 110 cm³, preenchidos com mistura de substrato comercial a base de casca de pinus e vermiculita (2:1v/v). As miniestacas foram mantidas em casa de vegetação climatizada com umidade relativa do ar em torno de 65%, temperatura média de 27°C e irrigação manual duas vezes ao dia. O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado com número de repetições variando de 5 a 21. Aos 30 dias de cultivo foi avaliado o número de miniestacas enraizadas, por melhor representar a taxa de multiplicação. Com base neste parâmetro, os genótipos de *J. mimosaeifolia* foram agrupados pelo método da K-médias e a validação do agrupamento foi realizada por meio da análise de variância e os grupos comparados pelo teste de Tukey a nível de 5% de probabilidade de erro. O método não hierárquico das K-médias proporcionou a formação de cinco grupos de genótipos de jacarandá. O grupo 1 reuniu as plantas com maior número médio de miniestacas enraizadas (15,6), enquanto o grupo 5 apresentou o menor número de miniestacas enraizadas (3,9). O número de plantas por grupo variou de 3 a 16. A anova mostrou diferenças significativas entre os grupos formados, entretanto o teste de Tukey mostrou a formação de dois agrupamentos, o primeiro composto entre os grupos 1, 2 e 3, com as maiores médias de miniestacas enraizadas, e o segundo pelos grupos 4 e 5. Nesse caso, o primeiro agrupamento reuniu 17 genótipos com média de 15,1 miniestacas enraizadas, o que representa um ganho genético de 136,8%. Conclui-se que a seleção de genótipos de *J. mimosaeifolia* pode ser realizada com base nos grupos que apresentam o maior número de miniestacas enraizadas, para maximizar a produção de mudas por miniestaquia.

Palavras-chave: propagação vegetativa; agrupamento.

SELEÇÃO DE PORTA-ENXERTO DE *Actinidia deliciosa* RESISTENTE À MURCHA-DE-CERATOCYSTIS

Lucas Veiga Ayres Pimenta¹; Leonardo Lopes Bhering²; Lucio Mauro da Silva Guimarães³; Acelino Couto Alfenas³

¹Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento; ²Departamento de Biologia; e ³Departamento de Fitopatologia; Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG. *E-mail do autor correspondente: lucasfip@yahoo.com.br

O kiwi (*Actinidia deliciosa*) é um fruto nativo do Leste Asiático mundialmente comercializado. A cultura foi introduzida no Brasil em 1971 por pesquisadores do Instituto Agrônomo de Campinas. Mesmo tendo potencial para a produção de kiwi, o Brasil possui uma representatividade ínfima na produção mundial. Uma das razões para a limitada produção da kiwicultura brasileira é a ocorrência da murcha-de-Ceratocystis, causada pelo fungo *Ceratocystis fimbriata*. O primeiro relato desta doença em kiwi, ocorreu em 2010, no município de Farroupilha, RS. A enfermidade é caracterizada pela perda de turgescência e brilho das folhas, desfolha e a morte da planta. Nos tecidos internos do caule, observam-se lesões radiais de coloração castanho-avermelhada. Devido à utilização de enxertos e porta-enxertos altamente suscetíveis, a mortalidade das plantas tem variado de 10 a 30% por ano. Portanto, a identificação de fontes de resistência à murcha-de-ceratocystis é de suma importância para a sobrevivência da kiwicultura no Brasil. Como se trata de um fungo do solo, acredita-se que o uso de porta-enxertos resistente seja um importante método para o controle da doença. Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar porta-enxertos resistentes em plantas meios-irmãos de “Bruno”. Para isso, isolados monoascospóricos do fungo, obtidos de plantas infectadas de kiwi nos estados do Rio Grande do Sul e Santa Catarina foram inoculados na cultivar Monty, visando à seleção de isolados mais agressivos a serem utilizados para a seleção de genótipos resistentes. Na seleção de genótipos de “Bruno”, inocularam-se 618 plantas seminais, com dois meses de idade, produzidas em sacolas de 2L, contendo substrato (Carolina)®. Para inoculação, realizou-se um ferimento na base do caule das mudas depositando-se, em seguida, 200 µL de suspensão de inóculo, preparada a partir da mistura equitativa dos isolados selecionados, na concentração de 1×10^7 esporos por mL⁻¹. Após a inoculação, as plantas foram mantidas em casa de vegetação com temperatura média de 28°C. A avaliação da resistência foi realizada 45 dias após a inoculação, observando-se a presença e, ou ausência dos sintomas de murcha e escurecimento do lenho, a partir do ponto de inoculação. Das plantas avaliadas, 24 não apresentaram sintomas e foram classificadas como resistentes. As plantas resistentes serão propagadas vegetativamente, reavaliadas com outros isolados e posteriormente testadas em áreas de ocorrência da doença.

Palavras-chave: *Ceratocystis fimbriata*; Resistência Genética; Kiwi.

Agradecimentos: Ao CNPq, Fepagro, à Clonar Resistência a Doenças Florestais.

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO CARIOCA COM RESISTÊNCIA MÚLTIPLA A VIROSES EM CAMPO

Rodrigo de Souza Silva^{1,2}; Josias Correa de Faria²; Marcelo Sfeir de Aguiar²; Helton Santos Pereira²; Leonardo Cunha Melo²; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza^{2*}

¹Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO; ²Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. *E-mail: thiago.souza@embrapa.br

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de grãos de feijão-comum. Apesar do progresso genético obtido nas últimas décadas, o feijão ainda apresenta rendimento de grãos abaixo do seu potencial produtivo. O grande número de doenças que acometem a cultura é um dos fatores que comprometem a qualidade e o rendimento de grãos. Entre estas doenças, destacam-se as viroses, como o mosaico dourado (*Bean golden mosaic virus* – BGMV), o mosaico comum (*Bean common mosaic virus* – BCMV) e o mosqueado suave do caupi (*Cowpea mild mottle virus* – CPMMV). O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar progênies de feijão carioca, portadoras do transgene que confere resistência ao mosaico dourado (RMD), com resistência múltipla a viroses em campo (BGMV, BCMV e CPMMV). Foram avaliadas 39 progênies RMD, sendo 10 derivadas da população BRS Estilo × CNFCT 16206, nas gerações F_{4:6}RC₄ e F_{5:7}RC₃, e 29 derivadas da população BRS Sublime × F₁RC₃ (BRS Estilo × CNFCT 16206), nas gerações F_{3:6} e F_{4:6}. O experimento foi instalado na Embrapa Arroz e Feijão, na época das águas de 2016, em DBC, com três repetições, e parcelas de três linhas de 4,0 m, com 10 sementes por metro, espaçadas em 0,45 m. As testemunhas utilizadas foram as cultivares BRS Estilo, BRS FC402 e BRS FC401 RMD. A severidade das viroses foi avaliada utilizando escala de notas de 1 a 9 (1 = parcelas sem sintomas e 9 = parcelas com 80 a 100% de plantas infectadas). Foram realizadas análises de estatística descritiva, em que a normalidade dos dados foi verificada por meio do teste de Shapiro-Wilk ($p > 0,05$), análise de variância (ANOVA) e de comparação de médias pelo método de Scott-Knott ($p < 0,05$). Verificou-se a homogeneidade de variância por meio de gráfico *boxplot* ($p < 0,05$). Todas as linhagens RMD e cultivares testemunhas, como esperado, foram resistentes ao BCMV. Apenas as testemunhas convencionais apresentaram sintomas de BGMV, os quais suplantam os sintomas de CPMMV em campo. Com isso, a severidade do mosqueado suave do caupi foi avaliada apenas nas progênies RMD, sendo verificada variabilidade genética para essa característica. Todas as progênies RMD foram resistentes ao BGMV e ao BCMV, sendo que 21 destas apresentaram grau médio de severidade ao CPMMV $\leq 3,0$, sendo, com isso, consideradas como resistentes. Há potencial de extração de linhagens elite de feijão RMD com resistência múltipla a BGMV, BCMV e CPMMV a partir das progênies selecionadas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; tecnologia RMD; resistência a doenças.

SELEÇÃO DE VARIÁVEIS DE SEMENTES DE MARACUJAZEIRO AZEDO ATRAVÉS DA ANÁLISE DIGITAL DE IMAGEM

Amanda Fernanda Nunes Ferreira^{1*}; Leandro Rafael Fachi¹; Henrique Duarte Vieira²; Marcelo Luiz Souza Silva¹; Alexandre Pio Viana², Willian Krause¹

¹Universidade do Estado do Mato Grosso. Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de plantas. ²Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de plantas. E-mail do autor para correspondência: *amanda.afnf@gmail.com

A análise digital de imagem de sementes vem sendo utilizada para várias técnicas como a identificação de cultivares, determinação de sementes de diferentes cores, danos mecânicos e de classificação de diferentes tamanhos de sementes. Entretanto, ainda não se tem informações sobre a utilização da análise digital de imagens para mensuração de características da semente como tamanho, forma, textura e cor aplicadas na seleção de variáveis no maracujazeiro. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo selecionar variáveis de sementes através análise digital de imagens a fim de serem aplicadas no melhoramento genético do maracujazeiro azedo. Foram analisadas 35 FIC de maracujazeiro, provenientes do programa de melhoramento da Universidade do estado de Mato Grosso (Unemat), município de Tangará da Serra - MT. De cada FIC, foram utilizadas 50 sementes. Foram avaliadas 136 variáveis de sementes, sendo 49 de cor, 44 de geometria e 43 de textura através do sistema de análise de sementes (SAS). O SAS fornece uma planilha com valores médios de cada FIC para as variáveis analisadas. Foi empregada a análise de componentes principais utilizando a distância euclidiana média padronizada, uma vez que as FIC se encontram estabelecidas sem obedecer a nenhum delineamento experimental. As variáveis descartadas foram as que apresentaram o maior coeficiente em cada componente com autovalor menor que 0,70, de acordo com as pressuposições de Jolliffe (1972, 1973) e Mardia et al. (1979). Das 136 variáveis avaliadas houve polimorfismo somente para 34 variáveis relacionadas a cor, 34 a geometria e 27 a textura, totalizando 95 variáveis. Após análise, foram selecionadas 17 variáveis, sendo cinco de cor, seis de geometria e seis de textura. Houve descarte de 82,11% em relação as variáveis utilizadas. Essas 17 variáveis selecionadas podem ser utilizadas nos estudos de divergência genética entre as famílias de maracujazeiro.

Palavras-chave: fenotipagem de sementes; *Passiflora edulis* Sims.; componentes principais.

Agradecimentos: A Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Mato Grosso (FAPEMAT) pelo financiamento do projeto de pesquisa e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado.

SELEÇÃO PRECOCE PARA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO EM PLÂNTULAS DE CANA-DE-AÇÚCAR

Adílson Härter^{1*}; William Rodrigues Antunes¹; William Felipe Osterkamp¹; Luize Mascarenhas¹; Lucas Silva Lemoes¹; Elis Daiani Timm Simon¹; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva²

¹ Universidade Federal de Pelotas. ² Embrapa Clima temperado.
*adilsonharter@gmail.com

As mudanças climáticas e a expansão dos cultivos para novas fronteiras agrícolas impactam diretamente nos critérios de seleção para obtenção de novas cultivares, visando a tolerância a estresses abióticos. Estratégias de seleção precoce podem acelerar a obtenção de novos clones adaptados a estas condições. Neste sentido, este trabalho visa identificar a variabilidade e o nível de tolerância ao déficit hídrico dentro e entre famílias de cana-de-açúcar na fase de plântulas. Foram utilizadas sementes botânicas de oito famílias de cana-de-açúcar, conforme segue, RB036012 x RB863129 (A), RB036091 x RB036152 (B), IAC936033 x RB036145 (C), RB036091 (1) x ? (D), RB946905 x ? (E), RB036152 x ? (F), RB036091 x ? (G) e RB036075 x ? (H). As sementes foram semeadas em bandejas com substrato comercial TurfaFertil® e mantidas em casa de vegetação a 28°C, na estação experimental da Embrapa Clima Temperado. Aos 20 dias após a emergência (DAE), as plântulas de cada família foram individualizadas em tubetes de polietileno, preenchidos com 95,0 gramas de substrato. Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, sendo a unidade experimental representada por uma bandeja com 54 tubetes, totalizando 162 plântulas por família. Após o transplante, as populações foram conduzidas em câmara de crescimento, modelo fitotron com fotoperíodo de 14 horas, temperatura máxima diária de 28,5°C e temperatura mínima noturna de 19,5°C. Aos 60 DAE, todos os tubetes foram saturados com imersão em lâmina de água por cinco minutos, uniformizando o teor de umidade do substrato, seguindo para suspensão da irrigação. A avaliação da tolerância ao déficit hídrico ao nível de indivíduo, foi realizada a partir de uma escala de notas, variando de 1 (tolerante) a 5 (sensível). Aos 14 dias sem irrigação (DSI) determinou-se o número de indivíduos por classe de nota dentro de cada família. As avaliações diárias foram realizadas até os 18 DSI. Procedeu-se análise de variância pelo teste F, seguido da comparação de médias pelo teste de Tukey entre e dentro de cada família, estudando-se o número de plântulas por classe de nota e a tolerância média, em DSI. Houve diferença para todas as classes de notas entre as famílias, exceto para nota 2. As famílias C e F apresentaram maior número de plantas tolerantes (nota 1) aos 14 DSI. No entanto, as famílias B e C apresentaram menor número de plântulas sensíveis (nota 5). Na análise dentro de famílias, a família F apresentou maior proporção de plântulas tolerantes, enquanto a família H foi a mais sensível. A família C apresentou a maior tolerância média, com 17,8 DSI, enquanto que as famílias E e H apresentaram menor tolerância (14,5 DSI). A metodologia testada permite a seleção para tolerância ao déficit hídrico na fase de plântulas, visto que este trabalho está em andamento visando avaliar a correlação com a fase adulta, para validação desta metodologia de seleção.

Palavras-chave: Estresse abiótico; metodologia de seleção; melhoramento.

TAMANHO MÍNIMO AMOSTRAL PARA EVENTOS TRANSGÊNICOS EM EUCALIPTO

Geraldo Gouveia^{1*}; Bruno Pavan¹; Gabriela Bassa²; José Conti²; Edimar Scarpinati²

¹Unesp – Ilha Solteira. ²Aborgen Tecnologia Florestal. *E-mail do autor para correspondência: geraldocgouveia@hotmail.com.

Nos últimos anos a produção de eucalipto aumentou consideravelmente no Brasil, com destaque para os estados de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e São Paulo. A cultura por ser altamente adaptada as características edafoclimáticas do país, pode ser cultivada em praticamente todo o território brasileiro sendo a sua madeira amplamente utilizada principalmente para a produção de celulose, na indústria de base florestal. Entretanto, para a produção de árvores em quantidade e qualidade superior, é de suma importância a utilização de cultivares melhorados geneticamente, como os clones transgênicos, desta forma, o aprimoramento de técnicas estatísticas empregadas no melhoramento genético do eucalipto é de grande valia, tendo em vista que por meio de tais técnicas, uma área amostral pode ter seu tamanho reduzido, dessa forma diminuindo custos. O objetivo do trabalho foi estimar o tamanho mínimo amostral de famílias transgênicas de eucalipto. Os dados foram coletados de clones de eucalipto localizados na cidade de Guatapar-SP e fornecidos pela empresa Arborgen, sendo utilizado o delineamento em blocos casualizados com cinco plantas por parcela e quatro repeties. Primeiramente foram realizadas 10 simulaes com a retirada de uma, duas, trs e quatro plantas por parcela. Foi realizado o mtodo da anlise visual, representando, graficamente os coeficientes da variao experimental obtidos na anlise de varincia, em funo do tamanho da parcela experimental. Posteriormente, por meio do grfico obtido, foi realizada a anlise visual, calculando-se o valor em que o aumento no nmero de plantas na parcela no ocasionasse mudana importante na estimativa do parmetro, dessa forma, o nmero mnimo de plantas para representar o desempenho dos transgnicos de eucalipto, foi determinado visualmente, de forma subjetiva, com o ponto a partir do qual a estimativa do parmetro se tornou estvel. Foi verificado por meio dos grficos que o nico tamanho amostral que no apresentou distores foi aquele em que se retirou uma planta por parcela, sendo que os tamanhos amostrais menores ocasionaram disperso nas estimativas das simulaes crescentes, ou seja, os desvios padres das simulaes foram maiores conforme se diminua o tamanho amostral. Dessa forma recomenda-se tamanhos amostrais em torno de quatro plantas por parcela com quatro repeties ou 16 plantas por evento transgnico.

Palavras-chave: Eucalyptus; estatstica; celulose

Agradecimentos: agradecimento  CAPES pela concesso da bolsa de doutorado.

TESTE DE GERMINAÇÃO E VIGOR DE SEMENTES DE *Adenantha pavonina* L.

Luciana Gomes Soares^{1*}; Francisca Wilca de França Souza²; Líliliana Cardoso da Silva²; Michelle Gonçalves de Carvalho²; Cristine Agrine Pereira dos Santos²; Dreice Nascimento Gonçalves¹

¹Universidade Federal de Viçosa. ²Universidade Federal da Paraíba. *E-mail do autor correspondente: luci.gomes.soares@gmail.com.

Adenantha pavonina L., popularmente conhecida como tento-vermelho, carolina, olho-de-dragão ou olho-de-pombo, é uma espécie pertencente à família Fabaceae, originária da Índia Malásia, encontrada em todo o litoral brasileiro. Sua utilização estende-se desde fins ornamentais, arborização de ruas e praças, para sombreamento, artesanato e medicamentos, sendo suas sementes e madeira utilizadas como fitoterápicos. A árvore pode chegar 15-20 metros de altura, possui um crescimento rápido, sendo um bom dossel para plantas herbáceas, arbustivas e trepadeiras que não toleram altas intensidades luminosas. Neste contexto, o objetivo desse trabalho foi avaliar o índice de germinação e o vigor de sementes de *Adenantha pavonina* L., para a produção de mudas. As sementes foram coletadas na zona urbana do município de Areia- PB e destinadas ao Viveiro de Mudas do Laboratório de Ecologia Vegetal na Universidade Federal da Paraíba, Campus II. Cerca de 200 sementes foram separadas e escarificadas com lixa no local oposto ao hilo, sendo posteriormente deixadas em água para 'embebição' por 12 horas, para a quebra da dormência. Destas, 100 sementes foram plantadas em bandeja de plástico (como sementeira) contendo areia, seguido de acondicionamento em campo a temperatura ambiente, sob sombrite para evitar alta irradiância. Após a germinação, as plântulas foram transplantadas para sacos de polietileno preenchidos com substratos vegetal, e posto em local sombreado. Foram avaliados quanto ao índice de germinação, diâmetro do caule, altura do caule e quantidade de folíolos. Observou-se que 12 dias após a semeadura, o potencial de germinação foi de 71% e o índice de pega das plântulas foi de 96%. Após 25 dias, as mudas obtiveram 1,7 mm e 7,84 cm para o diâmetro e altura do caule, respectivamente. Portanto, as sementes de *Adenantha pavonina* L., apresentaram índice de germinação de 71%. O percentual de pega das mudas foi considerado satisfatório, podendo ser destinadas à produção de mudas florestais na região.

Palavras-chave: produção de mudas; viveiro; dormência.

TRIAGEM DE MARCADORES NA SELEÇÃO GENÔMICA

Leonardo Lopes Bhering¹

¹Universidade Federal de Viçosa- UFV. *E-mail: leonardo.bhering@ufv.br

A precisão de seleção teve sua maior descoberta com o advento dos marcadores moleculares. A seleção genômica apresenta uma nova alternativa à seleção assistida por marcadores tradicionais que tem potencial para realmente melhorar o ganho por seleção em um programa de melhoramento por unidade de tempo e, portanto, a eficiência de reprodução. A seleção de marcadores pode melhorar a precisão de predição estimada por modelos de seleção genômica e diminuir o custo com a genotipagem. O objetivo deste trabalho foi comparar a acurácia na seleção genômica usando todos os marcadores disponíveis e usando apenas os marcadores mais importantes para a predição genômica. Para tal fim foram usados dois cenários, um com dados simulados e outro com dados reais. Para os dados simulados foram utilizadas amostras de 100, 200, 500, e 1.000 indivíduos, simulados com 10 Grupos de ligação, genoma de 100cM e considerando 100 marcadores por grupo de ligação. Características com herdabilidades de 20, 50 e 80 com 1.000 marcadores moleculares em populações F2 e RILs foram simuladas. A simulação foi feita no software Genes. Os dados reais foram obtidos de populações F2 de milho com 441 indivíduos e RILs com 294 indivíduos. Ambos, F2 e RILs foram genotipados com 261 marcadores SSR. 11 características foram avaliadas. Todos os dados foram analisados utilizando o método RRBLUP e a cross-validação 10-fold no software Rbio. Para comparação dos resultados foram calculados a variância residual e acurácia considerando todos os marcadores existentes ou apenas uma fração dos mesmos. Para todas os tamanhos populacionais considerados nas diferentes herdabilidades para os dados simulados foi observado que a variância residual diminui e a acurácia aumenta utilizando marcadores selecionados comparando com os valores de 1000 marcadores, sendo 100/20(0.906/0.225; 0.038/0.640), 100/50(0.206/6.53x10⁻⁴; 0.226/0.981), 100/80(3.8x10⁻²/1.54x10⁻⁷; 0.550/0.994), 200/20(0.912/0.593; 0.173/0.413), 200/50(0.197/0.043; 0.373/0.816), 200/80(0.046/0.872x10⁻⁴; 0.739/0.980), 500/20(0.953/0.739; 0.180/0.356), 500/50(0.229/0.137; 0.454/0.657), 500/80(0.053/0.029; 0.769/0.872), 1000/20(0.918/0.784; 0.177/0.288), 1000/50(0.220/0.188; 0.479/0.570), 1000/80(0.051/0.040; 0.784/0.843), sendo respectivamente tamanho da população/herdabilidade (variância residual 1000 marcadores/ variância residual com seleção de marcadores; acurácia 1000 marcadores/acurácia com seleção de marcadores). Este também foi o resultado encontrado para os dados reais, ou seja, a seleção de marcadores faz com que aconteça uma diminuição da variância residual e aumento da acurácia. Estes resultados permitem afirmar que a seleção de marcas é uma estratégia adequada a ser aplicada na seleção genômica, pois possibilita um aumento acurácia e diminuição da variância residual do modelo preditivo, melhorando a predição e o tempo computacional para realização das análises.

Palavras-chave: análise de dados; melhoramento de plantas; genome wide selection

Agradecimentos: FAPEMIG, CNPq, CAPES e FUNARBE

USO DA COLORIMETRIA COMO FERRAMENTA PARA A CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES DE MANDIOCA

Marcelo Augusto Pastório^{1*}; Humberto Godoy Androcioli²; Wilmar Ferreira Lima²; Maria Brígida dos Santos Scholz²; Ayres de Oliveira Menezes Jr³

¹Doutorando em Agronomia, Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Marechal Cândido Rondon, PR. ²Instituto Agronômico do Paraná, Londrina, PR. ³Universidade Estadual de Londrina, Londrina, PR. *E-mail do autor correspondente: marcelo.pastorio@hotmail.com.

A cultura da mandioca apresenta grande importância alimentar, principalmente nas regiões tropicais dos países subdesenvolvidos, na qual é fonte primordial de fibras e carboidratos. Perdas de produção por fatores bióticos e abióticos são constantes e o melhoramento de plantas é fundamental para a minimização destas. A coloração de folhas e outras estruturas são descritores físicos de grande utilidade nos programas de melhoramento, e podem ser utilizados para a diferenciação de cultivares reduzindo e ou eliminando a mistura varietal que muitas vezes pode ocorrer em campos de cruzamento de plantas. O objetivo do trabalho foi avaliar a coloração de folhas do broto de variedades de mandioca empregando um colorímetro portátil. As amostras foram coletadas no Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR) em Londrina, PR. Este experimento estava em delineamento de blocos casualizados, com 10 tratamentos (variedades) e 25 repetições de folhas do broto das variedades. As medições de cor foram realizadas com colorímetro da marca Konica Minolta®, modelo Chroma Meter CR-400, sistema de cor CIELAB e escala $L^*a^*b^*$. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro, por meio do software estatístico SISVAR. A variedade BAG 06, do IAPAR apresentou os maiores valores de $L^*(39,23)$, o que representa maior luminosidade em relação às demais, a mesma variedade obteve o maior valor de $b^*(25,86)$ demonstrando ser, aquela em que a cor amarela está mais presente. Os valores de $a^*(-17,59)$ mostram que esta variedade apresenta a maior coloração verde. A cultivar IPR Upira do IAPAR, apresentou o menor valor de $L^*(30,10)$, dentre todas as variedades avaliadas sendo a de menor luminosidade. Esta variedade também apresentou o menor valor de $a^*(-2,72)$, ainda de coloração verde, porém está próxima a coloração avermelhada. A variedade IAC 14 do Instituto Agronômico de Campinas e a IPR Upira apresentaram a menor coloração amarelada com menores valores de $b^*(12,00$ e $11,23)$, respectivamente) sem diferenças significativas entre si. Os parâmetros de coloração $L^* a^* b^*$ possibilitaram a diferenciação de variedades de mandioca, e seu uso pode vir a ser empregado em programas de melhoramento de plantas, auxiliando na caracterização física dos materiais.

Palavras-chave: Melhoramento de plantas; Chroma Meter; $L^* a^* b^*$

Agradecimentos: A CAPES, pelo financiamento da bolsa de MSc do primeiro autor. Ao IAPAR pelo fornecimento da estrutura para condução dos experimentos.

UTILIZACAO DE REDE DE BASE RADIAL NA PREDICAO DO VALOR GENETICO

Isabela de Castro Sant'Anna¹; Gabi Nunes Silva¹; Vinicius Quintão Carneiro¹;
Moyses Nascimento¹; Cosme Damiao Cruz¹

¹Universidade Federal de Viçosa. isabelacsantanna@gmail.com.

Um dos atrativos da genética molecular em benefício do melhoramento de plantas é a possibilidade de utilização direta das informações de DNA na seleção. Todavia, para maior eficiência, nos estudos genéticos que envolvem os caracteres quantitativos regulados por vários genes com pequena magnitude de efeitos, as estratégias de seleção no melhoramento genético devem ser aprimoradas de forma a obter as estimativas de predição mais acuradas. Desta forma, o objetivo deste trabalho é avaliar a eficiência da seleção genômica ampla (GWS) e das redes de base radial na predição do valor genético em população de hibridação. Para isso, foi simulada uma população F_1 oriunda da hibridação de genitores divergentes, com 500 indivíduos, genotipados com 1000 marcadores do tipo SNP. Foram simulados dois cenários considerando que o valor genotípico era estabelecido por um modelo aditivo incluindo, ou não, interações epistáticas. As características fenotípicas foram determinadas pela ação de alelos de 50 locos, com pesos da importância do loco, sobre a variabilidade genotípica total do caráter, estabelecidos a partir de uma distribuição binomial e grau médio de dominância nulo. Dois cenários foram criados para a simulação de efeitos genéticos e fenotípicos: 1) herdabilidade (h^2) de 30% e modelo aditivo; 2) $h^2 = 30\%$ e modelo epistático. Para avaliar a capacidade de predição, o modelo (RRBLUP) e a rede de base radial (RBF) foram treinados utilizando 80% dos indivíduos da população e procedimento de validação cruzada com cinco repetições. O quadrado da correlação entre o valor genômico predito (EGBV) e valor fenotípico foi utilizado para medir a confiabilidade. No cenário 1 o R^2 de validação foi de 9% para rede de base radial (RBF) e 9% para RRBLUP, e no cenário 2 a capacidade preditiva foi de 11% e 5% respectivamente. Adicionalmente, ao analisarmos o erro quadrático médio a diferença é do desempenho das técnicas é ainda maior. Para o cenário 1 de 97 (RRBLUP) e 13 (RBF) e no cenário 2 de 574 (RRBLUP) e 30 (RBF). Os resultados obtidos mostram que a utilização de rede de base radial permite capturar as interações epistáticas levando a melhora na acurácia da predição do valor genético e principalmente a uma redução do erro quadrático médio que indica maior confiabilidade dos resultados.

Palavras-chave: acurácia, inteligência artificial, epistasia

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fapemig.

VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES HÍBRIDAS DE *COFFEA CANEPHORA*

Maria Amélia Gava Ferrão¹; Aymbiré Francisco Almeida da Fonseca¹; Romário Gava Ferrão²; Paulo Sérgio Volpi²; Abraão Carlos Verdin Filho²; Elaine Manelli Riva Souza²; Marcone Comério²; Marciano Kaulz²

¹Embrapa Café/Incaper. ²Incaper. *maria.ferrao@embrapa.br.

Coffea canephora e as demais espécies diplóides conhecidas do gênero *Coffea* apresentam autoincompatibilidade do tipo gametofítica. O Espírito Santo se destaca como o maior produtor brasileiro desta cultura, conhecida no Estado como café Conilon. A propagação da cultura pode ser feita via sexuada e assexuada, por meio de sementes e estaquia, respectivamente, considerando as questões relacionadas à incompatibilidade entre os materiais genéticos similares. Este trabalho objetivou estudar a variabilidade genética e o desempenho agrônomico de 101 progênies híbridas, juntamente com seis genitores do programa de melhoramento genético do Incaper em parceria com a Embrapa Café. As progênies foram inicialmente selecionadas em ensaios de avaliação de híbridos, composto por diferentes plantas/cruzamentos. As melhores progênies, avaliadas por pelo menos quatro colheitas, foram clonadas, multiplicadas em viveiro pelo processo de estaquia, na Fazenda de Marilândia e, posteriormente, levadas a campo, em experimento implantado no delineamento de blocos casualizados com três repetições e oito plantas/parcela. Considerou-se neste trabalho a avaliação de 13 caracteres agrônomicos do ano de 2016, ressaltando que, no referido ano, o déficit hídrico foi extremo no Estado, com precipitações inferiores a 25mm nos meses de fevereiro-abril, associadas a temperaturas muito elevadas, com médias superiores a 35°C. A produtividade média dos pais variou de 31,8 a 61,1 sc/ha, enquanto das progênies de 18,3 a 92,1sc/ha, sendo que 34 progênies destacaram-se com médias superiores ao melhor pai e, destas, 19 apresentaram médias estatisticamente diferentes, tendo a maioria (10) o clone 83 como um dos genitores. A estimativa de herdabilidade das características produtividade e maturação dos frutos foi superior a 84%. Na análise de divergência genética, com as 13 características, verificou-se por meio do método de agrupamento de Tocher a formação de 25 grupos, estando nos mais dissimilares as progênies oriundas dos cruzamentos 83x02, 23x02, 23x83, 07x23, 83x07, 24x83, 02x23. Os resultados conjuntos mostraram importante variabilidade genética para diferentes características e condição favorável para a seleção. Contudo, na definição das progênies a serem agrupadas para formação de uma nova cultivar híbrida clonal, deve-se atentar para a questão da autoincompatibilidade da espécie, sendo necessário selecionar materiais geneticamente diferentes e compatíveis para garantir eficiência na polinização, adequada frutificação e produção.

Palavras-chave: Conilon; Espírito Santo

Agradecimentos: Consorcio Pesquisa Café, CNPq e Fapes pelo apoio de recursos financeiros.