

# IV SimGeM

(IV Simpósio Internacional em Genética, Melhoramento e Conservação de Plantas)

Plant Science  
Symposia Series



## Melhoramento 4.0: Revolução e Sustentabilidade

### Livro de Resumos

Alana Cristina de Souza  
Alessandra Gonçalves Pinheiro  
Beatriz Gusmão Costa  
Débora Regina da Silva Santos  
Dthenifer Cordeiro Santanas  
Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos  
Joana Oliveira Zeist  
João Pedro Caetano  
Juliana Borges Pereira Brito Freitas  
Karina Eliane Quege  
Laila Tiago Chaga  
Luciana de Sousa Lopes  
Luís Gabriel da Silva Alvarenga  
Marco Antonio Marcelino Bahia  
Nayana Valéria Costa  
Sabrina Silva Pereira  
Sylluana Ribeiro Corrêa  
Thamylla Rodrigues Coelho  
Wagner Nunes Ribeiro  
(organizadores)

**Cegraf UFG**



**UFG** Universidade Federal de Goiás

Reitora

*Angelita Pereira de Lima*

Vice-Reitor

*Jesiel Freitas Carvalho*

Diretora do Cegraf UFG

*Maria Lucia Kons*

---

### Conselho Editorial

João Pedro Caetano

Laila Tiago Chaga

Luis Gabriel da Silva Alvarenga

Thamylla Rodrigues Coelho

Wagner Nunes Ribeiro

---

Patrocínio



Realização



Apoio



# IV SimGeM

(IV Simpósio Internacional em Genética, Melhoramento e Conservação de Plantas)

Plant Sciences  
Symposia Series



## Melhoramento 4.0: Revolução e Sustentabilidade

### Livro de Resumos

Alana Cristina de Souza  
Alessandra Gonçalves Pinheiro  
Beatriz Gusmão Costa  
Débora Regina da Silva Santos  
Dthenifer Cordeiro Santanas  
Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos  
Joana Oliveira Zeist  
João Pedro Caetano  
Juliana Borges Pereira Brito Freitas  
Karina Eliane Quege  
Laíla Tiago Chaga  
Luciana de Sousa Lopes  
Luis Gabriel da Silva Alvarenga  
Marco Antonio Marcelino Bahia  
Nayana Valéria Costa  
Sabrina Silva Pereira  
Sylluana Ribeiro Corrêa  
Thamylla Rodrigues Coelho  
Wagner Nunes Ribeiro  
(organizadores)

**Cegraf UFG**  
**2022**

© IV SIMGEM, 2022

© Alana Cristina de Souza, Alessandra Gonçalves Pinheiro, Beatriz Gusmão Costa, Débora Regina da Silva Santos, Dthenifer Cordeiro Santanas, Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos, Joana Oliveira Zeist, João Pedro Caetano, Juliana Borges Pereira Brito Freitas, Karina Eliane Quege, Laila Tiago Chaga, Luciana de Sousa Lopes, Luis Gabriel da Silva Alvarenga, Marco Antonio Marcelino Bahia, Nayana Valéria Costa, Sabrina Silva Pereira, Sylluana Ribeiro Corrêa, Thamylla Rodrigues Coelho, Wagner Nunes Ribeiro (org.)

© Cegraf UFG, 2022

Projeto Gráfico

*Julyana Aleixo Fragoso*

## Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

**GPT/BC/UFG**

S612 Simpósio de genética, melhoramento e conservação de plantas - SimGeM (4. : 2022).

Simpósio de genética, melhoramento e conservação de plantas : melhoramento 4.0 : revolução e sustentabilidade : livro de resumos [Ebook]. / organizadores, Alana Cristina de Souza ... [et. al.]. - Dados eletrônicos (1 arquivo : PDF). – Goiânia : Cegraf UFG, 2022.

ISBN (E-book): 978-85-495-0610-8

1. Agronomia - Congressos. 2. Genética vegetal. 3. Plantas - Conservação. 4. Melhoramento genético. I. Souza, Alana Cristina de.

CDU:631.528

Bibliotecário responsável: Enderson Medeiros / CRB1: 2276

## Sumário

1. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE SOJA ..... 11
2. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA ALTURA DE PLANTAS POR MEIO DA LÓGICA FUZZY .....13
3. ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJOEIRO CULTIVADOS NA SAFRA DE INVERNO EM AQUIDAUANA-MS .....15
4. A MACHINE-LEARNING BASED APPROACH FOR HIGH-THROUGHPUT PHENOTYPING OF SOYBEAN SEEDS.....17
5. ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) DA UNIFORMIDADE DE COR DO GRÃO EM FEIJÃO-COMUM .....19
6. ANÁLISE DE CO-SEGREGAÇÃO GENÉTICA DE GENES RELACIONADOS À RESISTÊNCIA A FERRUGEM DO FEIJOEIRO NA CULTIVAR MX235 .....21
7. ANÁLISE DO PERFIL METABÓLICO PRIMÁRIO EM TRÊS ESPÉCIES DE *Psidium* (Myrtaceae) SOB CONTAMINAÇÃO DE CÁDMIO E NÍQUEL..... 23
8. ANÁLISE FISIOLÓGICA PARA SCREENING DE GENÓTIPOS DE MILHO TOLERANTES AO DÉFICIT HÍDRICO EM ESTÁGIO JUVENIL EM REGIÃO SEMIÁRIDA..... 25
9. ANÁLISE GENÉTICA DE PLANTIOS MONO E MULTICLONAIS DE *Eucalyptus spp* ..... 27
10. ANÁLISE MULTIVARIADA DE CLONES DE BANANEIRA: DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS SOB CORRELAÇÕES CANÔNICAS ..... 29

11.	APRENDIZAGEM DE MÁQUINAS NA PREDIÇÃO DE PRODUTIVIDADE DO MILHO UTILIZANDO VARIÁVEIS ESPECTRAIS E MANEJOS DE IRRIGAÇÃO .....	31
12.	AVALIAÇÃO DA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO EM POPULAÇÕES INTERVARIETAIS DE MILHO EM FASE JUVENIL DE DESENVOLVIMENTO AVALIADOS EM AMBIENTE CONTROLADO.....	33
13.	AVALIAÇÃO DE MANCHA PARDA, MANCHA DE GRÃOS E CARACTERES AGRONÔMICOS DE DUPLO HAPLOIDES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS .....	35
14.	AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA DOS FRUTOS DE ACESSOS DE <i>Physalis</i> L. ....	37
15.	CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE FRUTOS DE LINHAGENS DE ABÓBORA.....	39
16.	CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE FRUTOS E PSEUDOFRUTOS DE CAJU ARBÓREO DO CERRADO ( <i>Anacardium othonianum</i> Rizz.) .....	41
17.	CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE UVAS ‘BRS TAINÁ’ EM DIFERENTES PORTA-ENXERTOS NO PRIMEIRO CICLO PRODUTIVO .....	43
18.	CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE ALHO SELECIONADOS EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO .....	45
19.	CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE VARIEDADES DE MANDIOCA ( <i>Manihot esculenta</i> crantz) LOCALIZADAS NOS MUNICÍPIOS DE CAPITÃO POÇO E GARRAÇÃO DO NORTE .....	47
20.	COMPATIBILIDADE DE ENXERTIA DE GENÓTIPOS INTRA E INTERESPECÍFICOS COMO PORTA-ENXERTOS PARA O TOMATEIRO .....	49
21.	COMPETIÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA NO NOROESTE DE MATO GROSSO, NA SAFRA 2021/2022. ....	51

22.	CONHECER PARA PRESERVAR: UM ESTUDO SOBRE O CONSUMO DE PLANTAS MEDICINAIS, USADAS POR PACIENTES EM TRATAMENTO QUIMIOTERÁPICO .....	53
23.	CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS NA PRODUTIVIDADE DE CLONES DE BANANEIRA.....	55
24.	CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES FISIÓLOGOS E DE RENDIMENTO NA CULTURA DO TRIGO .....	57
25.	CORRELAÇÃO LINEAR E PARCIAL ENTRE CARACTERES RELACIONADOS AO RENDIMENTO DE PALMITO EM PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA.....	59
26.	CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS ENTRE PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI NO SUDOESTE DA AMAZÔNIA .....	61
27.	CURVA DE MATURAÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE CANA-DE-AÇÚCAR .....	63
28.	DESEMPENHO DE HÍBRIDOS TESTCROSSES DE MILHO EM COIMBRA, MG. SAFRA 2021/2022.....	65
29.	DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES AMBIENTÔMICOS PARA MELHORAMENTO DE ARROZ NO ESTADO DE GOIÁS. ....	67
30.	DETERMINAÇÃO DO MELHOR PERÍODO PARA REALIZAÇÃO DE CRUZAMENTOS ARTIFICIAIS EM SOJA.....	69
31.	DETERMINAÇÃO DO PONTO DE COLHEITA ADEQUADO E PERÍODO DE INDUSTRIALIZAÇÃO DE VARIEDADES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA O SUL GOIANO .....	71
32.	EFEITO DO MANEJO DO SOLO E INOCULAÇÃO COM <i>Azospirillum brasilense</i> NO DESEMPENHO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE MILHO .....	73

33.	EFICIÊNCIA DOS BLUP´s TEMPORAIS DE ÍNDICES DE VEGETAÇÃO EM DETECTAR GENÓTIPOS POTENCIAIS ANTES DA MATURIDADE FISIOLÓGICA EM REGIÃO SEMIÁRIDA .....	75
34.	ESTABELECIMENTO IN VITRO DE <i>Hyptis pycnocephala</i> (LAMIACEAE) E ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL .....	77
35.	ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE GRÃOS .....	79
36.	ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA VIA EIXOS CANÔNICOS PARA A DISTINÇÃO DE CLONES DO SUBRUPO PRATA .....	81
37.	ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI NO SUDOESTE DA AMAZÔNIA .....	83
38.	ESTIMATIVA DO POTENCIAL GENÉTICO PRODUTIVO DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO.....	85
39.	ESTIMATIVA GENOTÍPICA EM DIFERENTES CLONES DE BANANEIRA COM ALTA HERDABILIDADE MÉDIA .....	87
40.	ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PIMENTAS COM POTENCIAL ORNAMENTAL MEDIANTE MODELOS LINEARES MISTOS .....	89
41.	ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMENTO E TEOR DE ÓLEOS ESSENCIAIS DE <i>Croton grewioides</i> BAILL.....	91
42.	FRAÇÃO DO DNA REPETITIVO EM ESPÉCIES DE <i>Piper</i> L. ....	93
43.	GANHOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI DO ACRE .....	95
44.	GENES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS NA FAMÍLIA SOLANACEAE.....	97
45.	GENÔMICA ESTRUTURAL E FUNCIONAL DA ERVA-BALEEIRA ( <i>Varronia curassavica</i> Jacq.) .....	99

46.	GYT BIPLLOT PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SORGO PARA A REGIÃO DO SEMIÁRIDO .....	101
47.	GWAS IN A NEOTROPICAL OIL PALM REVEALS REGIONS ASSOCIATED WITH ADAPTIVE OIL PRODUCTION PHENOTYPES .....	103
48.	IDENTIFICAÇÃO DE ELEMENTOS REPETITIVOS EM ISOLADOS BRASILEIROS DE <i>Magnaporthe oryzae</i> DE ARROZ.....	105
49.	IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTENTE AO ISOLADO Ss529 <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> EM FEIJÃO COMUM .....	107
50.	LEVANTAMENTO CIENCIOMÉTRICO: MELHORAMENTO GENÉTICO NA CULTURA DA SOJA .....	109
51.	MARCADORES SSR PLASTIDIAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE PECÃ VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO.....	111
52.	PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO .....	113
53.	POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO VERMELHO NO CAMPO DAS VERTENTES DE MINAS GERAIS .....	115
54.	POTENCIAL GERMINATIVO DE SEMENTES DE RABANETE EM DIFERENTES ANOS SAFRA .....	117
55.	PRODUÇÃO DE MUDAS DE DIFERENTES ESPÉCIES DE EUCALYPTUS E CORYMBIA A PARTIR DE SEMENTES .....	119
56.	PRODUÇÃO DO TOMATEIRO ENXERTADO COM DIFERENTES COMBINAÇÕES DE HÍBRIDOS, ACESSOS SILVESTRES E INTERESPECÍFICOS VISANDO TOLERÂNCIA A SALINIDADE .....	121
57.	PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR PELO FUNGO MICORRÍZICO <i>Waitea circinata</i> .....	123

58.	PROSPECÇÃO DE GENES PUTATIVOS E DE RESISTÊNCIA A PRAGAS E DOENÇAS NA FAMÍLIA CUCURBITACEAE .....	125
59.	REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEBOLA À PODRIDÃO BACTERIANA DE BULBOS EM CONDIÇÕES DE CAMPO .....	127
60.	REAÇÃO DOS GENÓTIPOS ELITE DE CANA-DE-AÇÚCAR DA RIDESA UFG AS FERRUGENS MARROM E ALARANJADA .....	128
61.	RESISTÊNCIA A PRAGAS DE SOLO DE CULTIVARES COMERCIAIS DE BATATA-DOCE DE POLPA LARANJA E AMARELA NA REGIÃO OESTE PAULISTA.....	130
62.	RESPOSTAS DE CULTIVARES DE SOJA AO DÉFICIT HÍDRICO INDUZIDO POR PEG.....	132
63.	SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA RESISTÊNCIA AO VÍRUS DO MOSAICO.....	134
64.	SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO F <sub>2</sub> TOLERANTES A ALTAS TEMPERATURAS DO AR .....	136
65.	SELEÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA EFICIENTES NO USO DE ÁGUA POR MEIO DE ANÁLISES MULTIVARIADAS .....	138
66.	SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE CLONES DE ABACAXIZEIRO POR ÍNDICES DE SELEÇÃO .....	140
67.	USO DE VANT's COMO NOVA TECNOLOGIA DE FENOTIPAGEM DE ALTO RENDIMENTO NA CULTURA DO MILHO EM REGIÃO SEMIÁRIDA .....	142
68.	VARIABILIDADE DE ACESSOS DE <i>Vigna unguiculata</i> (L.) Walp. DA AGRICULTURA FAMILIAR DA REGIÃO DE PEDRO AFONSO/TO .....	144
69.	VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DA MURCHA DE <i>Ceratocystis</i> EM TECA DOS ESTADOS DE MATO GROSSO E PARÁ .....	146

# ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE SOJA

**Maiara Cecilia Panho<sup>1\*</sup>; Caroline Patrícia Menegazzi<sup>2</sup>; Thiago Camilo<sup>3</sup>; Paulo Henrique Kurylo<sup>3</sup>;  
Nathália Montemezzo<sup>4</sup>; Giovani Benin<sup>5</sup>**

1 Doutoranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil. \*maiarapanho@gmail.com

2 Mestranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

3 Graduandos em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

4 Graduanda em Agronomia. Instituto Federal do Paraná. Palmas-PR, Brasil.

5 Professor do curso de Agronomia e do programa de pós-graduação em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

Cultivares amplamente adaptadas e com alta estabilidade produtiva, são o foco de seleção de muitos programas de melhoramento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Contudo, devido a presença da interação genótipo x ambiente (GxA), a seleção destes cultivares é dificultada, especialmente em regiões onde a variação ambiental é alta. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja, a fim de recomendar cultivares superiores para macrorregião sojícola 1. Um conjunto de 22 cultivares de soja foram avaliadas durante as safras 2017/18 e 2018/19 nas localidades de Coxilha, Cachoeira do Sul, Girua, Manoel Viana, Tapera e Tupaciretã. Essas localidades pertencem a macrorregião sojícola 1, do estado do Rio Grande do Sul. A empresa GDM genética do Brasil S.A, coordenou os ensaios e é detentora dos dados originais, que foram cedidos para serem utilizados no presente estudo. As cultivares constituem o ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) da empresa. Os experimentos foram conduzidos em blocos ao acaso com 3 repetições, onde

cada unidade experimental foi composta por quatro linhas de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas. O rendimento de grãos (RC, kg ha<sup>-1</sup>), foi avaliado no estádio de maturação completa (R8), através da colheita as duas linhas centrais de cada parcela (área útil de 5 m<sup>2</sup>), com correção de umidade para 13%. Os dados de rendimento de grãos foram submetidos a análise de variância ano a ano e conjunta. Posteriormente, foram realizadas análise de adaptabilidade e estabilidade através da metodologia GGE biplot, realizada ano a ano e no conjunto dos anos. Todas as análises foram realizadas no software R. Foram observados efeitos significativos para a interação principal: cultivares (C) x locais (L) x ano (A), bem como para as interações simples: CxL, CxA e LxA ( $p \leq 0,01$ ). Através da análise de média vs. estabilidade foi possível observar desempenho diferenciado no conjunto de cultivares e ambientes avaliados. Para safra 2017/18, a cultivar BMXZeusIPRO apresentou a maior média produtiva, seguido pelas cultivares BMXLançaIPRO, NEO610IPRO e NEO530IPRO, contudo, apresentaram baixa estabilidade. As cultivares mais estáveis foram BMXFibraIPRO, BMXRai0IPRO e DM5958IPRO. Para safra 2018/19, a cultivar NEO610IPRO apresentou maior média produtiva, contudo apresentou baixa estabilidade. Já as cultivares BMXLançaIPRO, BMXRai0IPRO e BMXDeltaIPRO apresentaram altas médias produtivas associada a alta estabilidade. Na análise conjunta, a maior média produtiva foi obtida pela cultivar BMXÍconeIPRO, seguida pela NEO660IPRO e DM57152IPRO, que também apresentaram as maiores estabilidades. Para ser considerada uma “cultivar ideal”, esta deve apresentar alto teto produtivo associada a boa estabilidade entre safras. Desta forma, as cultivares BMXLançaIPRO e BMXRai0IPRO apresentaram desempenho superior, sendo mais bem adaptadas para região de estudo, além de apresentar boa estabilidade produtiva.

Palavras-chave: GGE biplot; seleção de cultivares; interação genótipo x ambiente.  
Agradecimentos: GDM Genética do Brasil S.A.

# ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA ALTURA DE PLANTAS POR MEIO DA LÓGICA FUZZY

Douglas de Oliveira Maciel<sup>1\*</sup>; Lucas Gauer Pereira<sup>1</sup>; Vanessa Pereira Carvalho<sup>2</sup>;  
Antônio Vitor Resende Silva<sup>2</sup>; Patrícia Guimarães Santos Melo<sup>3</sup>

1 Mestrandos em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. \*douglas.o.maciel@gmail.com

2 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

A seleção de linhagens para características de interesse agrônomo é feita com avaliações em diferentes ambientes. Como os ambientes são diversificados e avaliam-se várias linhagens, espera-se a ocorrência da interação genótipos por ambientes, e que a mesma tenha papel importante na manifestação do fenótipo. Para conhecer seus efeitos, estudos de adaptabilidade e estabilidade são necessários. A avaliação é baseada em parâmetros fornecidos por metodologias e requer experiência do melhorista, dificultando-a conforme se aumenta o número de genótipos avaliados. A lógica *fuzzy* destaca-se por permitir a automação da tomada de decisão, e ainda classificar o quanto um genótipo pertence a cada conjunto definido pelo pesquisador. O objetivo deste trabalho foi avaliar os genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade por meio da lógica *fuzzy*, utilizando dados de altura de plantas de arroz de terras altas do programa de melhoramento da UFG e parceiros. Oito linhagens do programa de melhoramento da UFG, dez provenientes da UFLA e duas cultivares comerciais foram avaliadas em ensaios de VCU's em seis locais no estado de Goiás em quatro anos

agrícolas 2017-18 a 2020-21. Os ensaios variaram entre os locais ao longo dos anos, totalizando treze ambientes. O delineamento foi o de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas de quatro linhas de quatro metros espaçadas por 0,45 metros. A área útil considerada foi três metros das linhas centrais. Na análise de adaptabilidade e estabilidade utilizou-se um controlador fuzzy baseado no método de Eberhart e Russell (1966). As variáveis de entrada do controlador são os parâmetros de média, coeficiente de regressão e coeficiente de determinação providos da metodologia de Eberhart e Russell (1966). Foi definido que genótipos com média entre 90 cm e 100 cm são desejáveis, pois essa estatura favorece a competição com plantas daninhas e desfavorece o acamamento. O controlador classifica as linhagens em valores de 0% a 100% em quatro conjuntos, quanto à adaptabilidade e à estabilidade (geral, pouco adaptado, ambientes favoráveis e ambientes desfavoráveis). O controlador classificou nove linhagens, como de adaptabilidade geral, sendo as de maiores destaques CMG ERF 221-16 e a cultivar BRS Sertaneja, com 85% e 79% de pertinência conseqüentemente. Nenhuma linhagem foi classificada como de adaptabilidade a ambientes favoráveis, sendo a de maior grau de pertinência neste conjunto a linhagem CMG 2085 com 39%. Duas linhagens foram classificadas pertencentes ao conjunto adaptadas a ambientes desfavoráveis, CSD 10004 e CMG ERF 221-7 com 98% e 64% respectivamente. Os resultados indicam que a linhagem CMG ERF 221-16 apresenta adaptabilidade geral para o estado de Goiás.

Palavras-chave: inteligência computacional; lógica difusa; recomendação de cultivares.

Agradecimentos: CAPES, UNIRV, EMBRAPA, UFC, UFLA.

# ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJOEIRO CULTIVADOS NA SAFRA DE INVERNO EM AQUIDAUANA-MS

Ana Caroline Mello Arevalo<sup>1</sup>; Maiele Leandro da Silva<sup>2</sup>; Stefanie Braga Duarte Arguelho<sup>3</sup>; Dthenifer Cordeiro Santana<sup>3</sup>; Marcos Jefferson Kraeski<sup>4</sup>; Nathalia Dias Peres<sup>4</sup>

1 Mestrandas em Agronomia. Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. Aquidauana-MS, Brasil. \*amelloarevalo@gmail.com

2 Professora da graduação e pós-graduação em Agronomia. Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. Aquidauana-MS, Brasil.

3 Doutoranda em Sistema de Produção. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho". Ilha Solteira-SP, Brasil.

4 Doutorandos em Agronomia. Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul. Aquidauana-MS, Brasil.

O conhecimento dos componentes da interação genótipo x ambiente é de grande relevância para o melhoramento genético, podendo ser inferidos por meio das análises de adaptabilidade e estabilidade. Objetivou-se com o estudo avaliar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens avançadas de feijão comum, do grupo comercial carioca, cultivadas durante dois anos agrícolas (2018 e 2019) na safra de inverno, no município de Aquidauana-MS, ecótono Cerrado-Pantanal. O delineamento experimental empregado foi em blocos ao acaso com três repetições. As dezesseis linhagens utilizadas foram: CNFC 16183, CNFC 16484, CNFC 16495, CNFC 16496, CNFC 16497, CNFC 16522, CNFC 16548, CNFC 16558, CNFC 16561, CNFC 16562, CNFC 16563, CNFC 16564, CNFC 16566, CNFC 16567, CNFC 16611 e CNFC 16636, oriundas do banco de germoplasma da Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão. Avaliou-se as seguintes variáveis agrônômicas: altura de planta, altura de inserção da primeira vagem,

número de ramos, número de vagens por planta, número de grãos por vagem, massa de cem grãos e produtividade de grãos. Para efeito da análise e interpretação, cada ano agrícola foi considerado como um ambiente, sendo 2018 o ambiente 1 e 2019 o ambiente 2. Os dados foram submetidos as análises de variância e em sequência decorreu-se a análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método proposto por Lin e Binns. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do Programa Computacional em Genética e Estatística - GENES. Os ambientes apresentaram diferença significativa à 1% de probabilidade e interação entre os genótipos x ambientes. Pela metodologia de Lin e Binns, o menor valor de  $Pi$  geral, ambientes favoráveis e desfavoráveis foi expresso pela linhagem CNFC 16611, que também foi o genótipo mais produtivo. Além disso, a linhagem CNFC 16564 apresentou o segundo menor  $Pi$  geral, ambientes favoráveis e desfavoráveis, tendo a terceira maior produtividade. Mediante aos resultados, a CNFC 16611 obteve destaque dentre os dezesseis genótipos para essa análise, pois foi a mais produtiva e estável, e com isso é possível indicar a referida linhagem para o cultivo na região de Aquidauana-MS.

Palavras-chave: interação genótipo x ambiente; Lin e Binns; melhoramento genético de feijoeiro; *Phaseolus Vulgaris* L.

Agradecimentos: Embrapa – Centro Nacional de Pesquisa Arroz e Feijão e Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul, Unidade Universitária de Aquidauana-MS.

# A MACHINE-LEARNING BASED APPROACH FOR HIGH-THROUGHPUT PHENOTYPING OF SOYBEAN SEEDS

Melissa Cristina de Carvalho Miranda<sup>1\*</sup>; Alexandre Hild Aono<sup>2</sup>; Anete Pereira de Souza<sup>3</sup>;  
José Baldin Pinheiro<sup>4</sup>

1 PhD candidate in Genetics and Plant Breeding. Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo. Piracicaba-SP, Brazil. \*melissamiranda94@usp.br

2 PhD candidate in Genetics and Molecular Biology. University of Campinas. Campinas-SP, Brazil.

3 Professor in the Department of Plant Biology, Biology Institute. University of Campinas. Campinas-SP, Brazil.

4 Professor in the Department of Genetics, Luiz de Queiroz College of Agriculture, University of São Paulo. Piracicaba-SP, Brazil.

Soybean is one of the most important sources of protein and vegetable oil worldwide. Given its crescent demand, the increase in yield has only been possible due to investments in research and production technology, specially in breeding programs. One of the main factors influencing soybean yield is the seed morphology, however its analyses are hampered by the lack of computational approaches with not only accurate results, but with a high flexibility to user needs. The present work provides a methodological framework for seed segmentation in soybean images; seed morphological evaluation; and image-based prediction of the hundred-seed weight trait. In total, we evaluated 275 soybean genotypes (256 inbred lines, 16 parental lines and 3 checks) in a Federer augmented block experimental design (two environments with two replicates each). In addition to the hundred-seed weight measurement, we collected RGB images of seeds of each plot considering: 100 seeds sparsely distributed, and densely distributed into

the equipment. For image segmentation, we created an image processing pipeline, which enabled a full morphological seed evaluation (length, width, length/width rate, area, perimeter, and circularity). For validating the methodology in other crops, we tested the pipeline created using seed images from *Phaseolus vulgaris*, *Zea mays* and *Cicer arietinum*, which also have seeds as the main product. For predicting the hundred-seed weight, we compared different machine learning algorithms using as input the morphological characteristics obtained, and also features from state-of-the-art convolutional neural network (CNN) architectures. The image segmentation methodology developed was efficient. Even with eventual errors, all images had more than 98% of the seeds correctly identified, showing that even in non-ideal seed dispersions, the methodology is capable of isolating seeds. In addition to supplying a highly accurate decision support system for soybean breeders, we verified the morphological phenotyping adaptability on other plant species, fully assessing the pipeline generalization. We consider the adoption of this methodology highly advantageous, as the method is entirely based on widely used morphological operations, which results in an easy implementation and low computational costs. We verified that differences in the morphological characteristics were detected by the high-throughput phenotyping approach employed, which could not be identified through classical evaluation strategies. In general, estimates of heritability in the broad sense were high, ranging from 77% to 95%, for hundred-seed weight and length/width ratio, respectively. Using these morphological measures, we could estimate machine learning models for predicting the hundred-seed weight, achieving satisfactory predictive accuracy (R Pearson correlation coefficient of  $\sim 0.70$ ). The same results were observed for CNN obtained features, showing the efficiency of the morphological measurements as feature extractors. The work developed has the potential to help future research and the industry to develop automated phenotyping tools, incorporating the proposed analytical workflows.

Keywords: Convolutional Neural Networks; Soybean Yield, Seed Morphology; Image Processing; Image Segmentation.

Acknowledgments: CNPQ and Fapesp.

# ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA (GWAS) DA UNIFORMIDADE DE COR DO GRÃO EM FEIJÃO-COMUM

Érica Munique da Silva<sup>1</sup>; Lucas Matias Gomes<sup>1</sup>; Paula Pereira Torga<sup>2</sup>; Rosana Pereira Vianello<sup>2</sup>; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza<sup>2</sup>; Marcela Pedroso Mendes Resende<sup>3</sup>

1 Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. \*ericamunique47@gmail.com

2 Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

3 Professor da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia -GO, Brasil.

Os grãos de feijão-comum (*Phaseolus Vulgaris*) possuem elevado valor nutricional, sendo a leguminosa mais consumida do mundo e uma das principais fontes proteicas na alimentação da população brasileira. Os grãos são classificados em categorias de mercado, definidas por um conjunto de fenótipos relacionados ao tamanho, forma e cor dos grãos. A identificação de regiões genômicas associadas a esses padrões comerciais podem acelerar o processo de desenvolvimento de novas cultivares. Este trabalho objetivou identificar regiões genômicas relacionadas a uniformidade de cor do grão do feijão. Um conjunto de 316 acessos de feijão-comum de origem Mesoamericana, pertencentes a coleção nuclear de feijão da Embrapa Arroz e Feijão, foram genotipados com 11870 SNPs derivados das tecnologias *DARtseq* e *Capture-Seq*. A avaliação fenotípica dos genótipos ocorreu em casa de vegetação, em que as sementes foram classificadas de acordo com a uniformidade em relação a coloração do tegumento das sementes, sendo atribuída nota 1 para coloração uniforme e nota 2 para coloração desuniforme. A análise de associação foi realizada utilizando

o software estatístico R, por meio do algoritmo *Bayesian-information and Linkage-disequilibrium Iteratively Nested Keyway* (BLINK), implementado no pacote GAPIT (*Genomic Association and Prediction Integrated Tool*). Foram identificados 14 SNPs associados a uniformidade da cor do grão. As regiões flanqueadoras dos SNPs significativos foram alinhadas no genoma do feijão (*Phytzome*), revelando 20 genes. Três dos genes identificados estão relacionados a transcrição do fator MYB113 e MYB que desempenham um papel importante na regulação da biossíntese e acumulação de antocianinas. Dez genes com função flavona/flavonol 7-O-beta-D-glicosídeo malonil-transferase relacionada com a síntese de pigmentos foram identificados. Também foi identificado um gene relacionado a Zinc Finger protein, proteína abundante nos genomas eucariotos que tem como função reconhecimento de DNA, empacotamento de RNA, ativação transcricional entre outras. Os genes identificados contribuem para uma melhor compreensão da complexa herança das características de cor no feijão comum e abrem a oportunidade para futuros trabalhos de validação.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L; mapeamento associativo; coleção nuclear.

Agradecimento: CAPES.

# ANÁLISE DE CO-SEGREGAÇÃO GENÉTICA DE GENES RELACIONADOS À RESISTÊNCIA A FERRUGEM DO FEIJOEIRO NA CULTIVAR MX235

Laécio Neves Cardoso Junior<sup>1\*</sup>; Marcelo Henrique dos Santos<sup>2</sup>; Vanessa R. Souza de Arruda<sup>2</sup>; Pollyana Regina da Rocha Silva<sup>3</sup>; Victor C. Florindo Rocha<sup>1</sup>; Thiago Alexandre Santana Gillio<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Graduandos em Agronomia. Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres - MT, Brasil. \*junioroiceal@hotmail.com

<sup>2</sup>Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres - MT, Brasil.

<sup>3</sup>Engenheira Agrônoma. Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres - MT, Brasil.

<sup>4</sup>Professor da Escola de Agronomia. Universidade do Estado de Mato Grosso. Cáceres - MT, Brasil.

A ferrugem do feijão, causada pelo fungo *Uromyces appendiculatus*, é uma doença devastadora do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) nas Américas e na África. A cultivar de feijão comum mesoamericano México 235 (Mx235) é conhecida por ter um amplo espectro de resistência a esse patógeno hipervirulento. A resistência à ferrugem em Mx235 é proveniente dos genes Ur-3 e Ur-Mx235, que conferem resistência a muitas raças desse patógeno altamente variável da ferrugem do feijão superando outros genes de resistência à ferrugem. O objetivo deste trabalho foi avaliar a segregação de dois genes da cultivar Mx235 a fim de determinar o comportamento dos mesmos. Usamos análise de co-segregação e genotipagem de alto rendimento de 240 famílias F<sub>2</sub> do cruzamento entre Pinto 114 (suscetível) × México 235 (resistente) cruzadas separadamente com 4 raças (41, 53, 49, 69) do patógeno causador da ferrugem. A segregação do gene Ur -3 para resistência a raça 41 da ferrugem foi: 178 RR: 69 rr (P = 0,28), e para a raça 53 os valores observados foram de 176 RR: 67 rr (P = 0,35), já a segregação

do gene Ur-mx235 para resistência a raça 49 foi de 199 RR: 50rr (P = 0,07), para a raça 67 a segregação foi de 203 RR: 50rr (P = 0,05). Os resultados da segregação se enquadram na proporção 3 RR:1 rr esperada, confirmando que os genes Ur -3 e Ur-Mx 234 em México 235 são dominantes e conferem resistência às principais raças do patógeno causador da ferrugem, sendo o aglomerado entre esses dois genes uma alternativa economicamente viável para obtenção de cultivares de feijão resistentes e produtivas.

Palavras-chave: fitopatologia; inoculação; variabilidade patogênica.

Agradecimento: CNPQ.

# ANÁLISE DO PERFIL METABÓLICO PRIMÁRIO EM TRÊS ESPÉCIES DE *Psidium* (Myrtaceae) SOB CONTAMINAÇÃO DE CÁDMIO E NÍQUEL

Gabriella Silva de Aguiar<sup>\*</sup>; Jônatas Gomes dos Santos<sup>1</sup>; Mariana Neves Catrinck<sup>2</sup>;  
Caio Cezar Guedes Corrêa<sup>3</sup>; Marcia Flores da Silva Ferreira<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre-ES, Brasil. \*gabriella.aguiar23@gmail.com

<sup>2</sup> Bolsista de Desenvolvimento Científico Regional do CNPq - Nível C.

<sup>3</sup> Bolsista de Desenvolvimento Científico Regional do CNPq - Nível C.

<sup>4</sup> Professora da Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre-ES, Brasil.

As atividades industriais e agropecuárias podem provocar grandes impactos ambientais, entre eles aumento da contaminação dos solos e rios por metais pesados, como cádmio e níquel. A presença de espécies do gênero *Psidium* é relatado nesses ambientes contaminados. A ocorrência de *Psidium* pode sugerir a tolerância a esses metais, abrindo possibilidades para utilização dessas espécies como fitorremediadoras. Estudos prospectivos na regulação do metabolismo primário em espécies do gênero são relevantes no entendimento desse mecanismo no potencial fitorremediador de metais pesados. O objetivo do estudo foi a análise do perfil metabólico primário de espécies de *Psidium* na presença de cádmio e níquel. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, na Universidade Federal do Espírito Santo em Alegre-ES. Foram avaliadas 90 plantas de três espécies de *Psidium*, com dois tratamentos, cádmio a 18 mg dm<sup>-3</sup> e níquel 70 mg dm<sup>-3</sup> via solo, separadamente em vasos de 9 dm<sup>3</sup> num delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3x2 com 10 repetições. A análise do perfil metabólico primário das espécies *P.cattleyanum*, *P. myrtoides* e *P. gaudichaudianum* foi realizada a partir de folhas totalmente expandidas,

coletadas no terceiro entrenó. A extração de metabólitos foi realizada no sistema bifásico composto por clorofórmio:metanol:água na proporção de 2:1:1 (v/v), separados e analisados por Cromatografia Gasosa acoplada a Espectrômetro de Massas. O processamento dos dados e anotação funcional foram realizados no software R, com o pacote R Target Search. A partir da análise comparativa nos tratamentos em cada espécie, valores positivos e negativos (*Up* e *Down*), foram obtidos de metabólitos diferencialmente acumulados (DAMs). *Psidium myrtoides* apresentou o menor número de DAMs. Tanto o cádmio como o níquel levaram a redução de leucina (-1,29) e (-1,81) respectivamente, em relação ao controle. Também houve menor acúmulo de trealose (-0,68) e o aumento de ácido glutárico (0,62) por níquel. *Psidium gaudichaudianum* apresentou DAMs *down*-acumulados, com semelhanças na presença de ambos os tratamentos em relação ao controle. O níquel alterou a concentração relativa de outros oito metabólitos em *P. gaudichaudianum*. Na espécie *P. cattleyanum* sob a presença de cádmio, o ácido glicólico foi *down*-acumulado (-0,69) e proteínas foram *up*-acumuladas. Na presença de níquel, o ácido glicólico obteve o mesmo comportamento com (1,23) de *up*-acumulado, sobretudo os demais DAMs foram *down*-acumulados. Os dados obtidos por meio da análise do perfil metabólico das espécies de *Psidium*, leva a um conhecimento inicial na regulação do metabolismo primário frente aos de mecanismos de tolerância ao estresse. Entender o papel dos DAMs é um ponto chave para identificar os biomarcadores dessas espécies quanto aos metais pesados estudados, para posteriormente utilizar essas informações na relação desse material genético com espécies próximas ou alterar as vias metabólicas relacionadas ao estresse, em outras espécies de interesse.

Palavras-chave: fitorremediação; metabólitos; metais pesados.

Agradecimentos: Capes, Fapes, Vale e CNPq

# ANÁLISE FISIOLÓGICA PARA SCREENING DE GENÓTIPOS DE MILHO TOLERANTES AO DÉFICIT HÍDRICO EM ESTÁGIO JUVENIL EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Jacilene Francisca Souza Santos<sup>1\*</sup>; Henrique Rocha Azevedo Santos<sup>2</sup>; Barbara Nascimento Santos<sup>2</sup>; Jessica dos Santos Oliveira<sup>2</sup>; Maiana Reis Pimenta<sup>3</sup>; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira<sup>3</sup>

1 Mestranda em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão-SE, Brasil. \*jacilenesantos\_14@hotmail.com

2 Graduandos em Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.

3 Professor (a) do Departamento de Engenharia Agrônoma do Sertão da Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.

A necessidade de obtenção de genótipos de milho tolerantes à intempéries abióticas, mostra a importância dos programas de melhoramento voltados para o desenvolvimento de cultivares adaptados a regiões com clima dinâmico, como é o caso do Agreste e Sertão sergipano. O objetivo deste trabalho foi realizar screening de híbridos intervarietais de milho tolerantes ao déficit hídrico em fase juvenil por meio de análise fisiológica. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, localizada na fazenda experimental da Embrapa Semiárido, situada no município de Nossa Senhora da Glória-SE. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições e 60 tratamentos sendo: 45 híbridos intervarietais, 10 híbridos parentais e 5 testemunhas, contendo 3 vasos por parcela. A irrigação de forma manual, até o estágio vegetativo de V3. O estresse hídrico aplicado foi de 8 dias, momento em que se procedeu a coleta do material para as análises no laboratório. Assim, avaliou-se o teor relativo de água (TRA) e o extravasamento de eletrólitos (EE) para todos

os genótipos, por meio de discos foliares. Observou-se, por meio do teste Scott-Knott ( $p < 0,05$ ), que houve diferenças significativas ao comparar o TRA e EE entre os genótipos utilizados, quando estabelecido o déficit hídrico. Os resultados mostram que o déficit hídrico aplicado no estágio juvenil considerado, foi significativo ao causar danos celulares, indicando que os genótipos G19 e G20 apresentaram menor TRA, evidenciando a sensibilidade desses genótipos quanto perda de água nas folhas sob estresse hídrico. Aliado a isso, observou-se um aumento do EE com o rompimento das membranas celulares, na qual é um indicativo de fuga eletrólitos dos compartimentos celulares. Esse trabalho apontou, a sensibilidade desses híbridos ao déficit hídrico em ambiente protegido. Além de mostrar que dos 45 híbridos intervarietais, 25 deles, sendo: IAC 8046 x H4, IAC 8046 x IAC AIRAM, IAC 8046 x H8, IAC 8046 x POPTOL 2, IAC 8046 x H7, POPTOL 2 x H9, POPTOL 2 x H4, IAC 8046 x H6, G21, POPTOL 2 x H3, IAC 8046 x H9, G24, POPTOL 2 x H9, H4 x IAC AIRAM, G22, G28, G26, IAC AIRAM x H7, G30, POPTOL 2 x H10, POPTOL 2 x H6, G44, IAC AIRAM x H8, IAC 8046 x H3 foram mais tolerantes ao déficit hídrico aplicado e entre os híbrido parentais, somente o IAC AIRAM demonstrou tolerância. O método aplicado foi adequado em diferenciar genótipos tolerantes ao déficit hídrico em fase juvenil de desenvolvimento em ambiente protegido. Contudo, sabe-se que com a perda de água nas plantas, mecanismos fotossintéticos podem ser sensivelmente afetados, reduzindo o desenvolvimento vegetativo. Sugere-se avaliar esses genótipos em condições de sequeiro com o ciclo completo de desenvolvimento para a estimativa da produtividade de grãos.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; melhoramento de plantas; seca; fisiologia vegetal.

Agradecimentos: Universidade Federal de Sergipe - UFS, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Semiárido, Grupo de Estudos em Melhoramento Vegetal do Semiárido - GEMS.

# ANÁLISE GENÉTICA DE PLANTIOS MONO E MULTICLONAIS DE *EUCALYPTUS spp.*

Kethlin de Carvalho Santos Romão<sup>1\*</sup>; Andrei Caíque Pires Nunes<sup>2</sup>; Osmarino Pires dos Santos<sup>3</sup>; Brígida Maria dos Reis Teixeira Valente<sup>4</sup>

1 Mestranda em Biosistemas. Universidade Federal do Sul da Bahia. Itabuna-BA, Brasil. \*kethlinromao@gmail.com

2 Professor do Centro de Formação em Ciências Agroflorestais. Universidade Federal do Sul da Bahia. Itabuna-BA, Brasil.

3 Empresa CMPC Celulose Riograndense Guaíba, RS, Brasil.

4 Eldorado Brasil Celulose S.A., Três Lagoas, Mato Grosso do Sul, Brasil.

Escolher o tipo de plantio que garante a segurança, produção e sustentabilidade de plantios florestais comerciais é a finalidade do melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi comparar o desempenho de clones em plantios monoclonais e compostos clonais de *Eucalyptus spp.* aos dois anos de idade. Foram testados 33 clones estabelecidos em experimentos, no formato *single-tree-plot* (STP) ou composto clonal, contendo 24 repetições por clone e em *square-plot* (SP) com parcelas de 16 plantas e três repetições por clone. Estes experimentos foram distribuídos em quatro locais da empresa CMPC Celulose Riograndense (L1, L2, L3 e L4). Os caracteres avaliados foram: diâmetro a altura do peito (DAP, cm), altura total (m), incremento médio anual em volume (IMA, m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) e sobrevivência (%). Foram realizadas duas análises de modelos mistos no *software* R, via pacote *lme4*: uma análise conjunta incorporando todos os locais e uma análise individual para cada local. O modelo da análise conjunta é descrito como a variável resposta em função de efeitos fixos de local e tipo de experimento e efeitos aleatórios de clones, blocos, parcelas, interação local×clone, interação tipo de experimento×clone e a interação tripla entre

tipo de experimento×local×clone. O modelo para análise individual de cada local é dado pela variável resposta em função de efeitos fixos de tipo de experimento, blocos e efeitos aleatórios de clone, parcelas e interação tipo de experimento×clone. Foram feitos testes F para efeitos fixos e teste de razão de verossimilhança (TRV) para efeitos aleatórios. A alta correlação na interação genótipo×tipo em todas as análises demonstra que o tipo de plantio não altera o ordenamento dos genótipos. Pela análise conjunta a 5% de significância, não houve diferença significativa para esta interação, evidenciando que os clones terão a mesma produtividade em plantios mono e multiclonal aos dois anos de idade. O coeficiente da interação genótipo×ambiente foi superior a 0,1 para todos os caracteres e significativo pelo teste TRV, demonstrando que os genótipos devem ser analisados em cada local separadamente. A acurácia de todos os caracteres foi elevada (acima de 0,8) para todos os locais estudados. Na análise genética do caráter IMA por local, houve um destaque para o valor da herdabilidade do L2 (0,43), indicando a superioridade desse local em comparação aos demais, na capacidade de induzir maior diferenciação dos genótipos. A herdabilidade variou de moderada a alta em todos os locais para todas as variáveis. Conclui-se que os plantios em STP e SP não proporcionaram diferenças significativas quanto ao ordenamento e desempenho dos clones, sendo necessária a utilização de outros critérios, como a susceptibilidade às pragas e intempéries ambientais, para a escolha do melhor tipo de plantio. Devido à forte interação genótipo×ambiente, é necessário escolher diferentes clones para diferentes locais.

Palavras-chave: *single-tree-plot*; *square-plot*; composto clonal; modelos mistos.

Agradecimentos: CNPq, CMPC Celulose Riograndense.

# ANÁLISE MULTIVARIADA DE CLONES DE BANANEIRA: DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS SOB CORRELAÇÕES CANÔNICAS

Luiza Thaiany da Silva<sup>1</sup>; Fátima de Souza Gomes<sup>2</sup>; Fabrícia Cardoso Oliveira<sup>2</sup>;  
Allyson Gabriel Santos de Paula<sup>1</sup>; Sílvia Nietzsche<sup>3</sup>; Samy Pimenta<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Graduandos em Agronomia. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil. \*luizathaiandyasilva@gmail.com

<sup>2</sup> Mestrandas em Produção Vegetal no Semiárido. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

<sup>3</sup> Professora da Universidade Federal de Minas Gerais. Janaúba-MG, Brasil.

<sup>4</sup> Professor da Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

Determinar a relação existente entre os descritores morfológicos e produtivos em bananeiras implica em estudos e a aplicação de análises estatísticas capazes de explicarem essas associações. Portanto, o objetivo deste estudo foi verificar as correlações intergrupos morfológicos e produtivos em diferentes clones de bananeira. O estudo foi conduzido em uma área comercial localizada na colonização Paraguaçu, em Nova Porteirinha-MG. O estudo foi conduzido em uma área comercial localizada na colonização Paraguaçu, em Nova Porteirinha-MG. O delineamento experimental utilizado foi o delineamento em blocos ao acaso, sendo quatro repetições e parcelas úteis contendo seis clones de cada um dos seis tratamentos avaliados: 'Grande Naine', 'BRS Princesa' e quatro variedades do subgrupo 'Prata'. As correlações canônicas foram estimadas entre o grupo de descritores constituído pelos descritores morfológicos (grupo I): Índice de clorofila nas folhas (SPAD) e o ciclo de colheita-dias (CC) e o grupo II composto pelo comprimento médio do cacho (LC), diâmetro médio do cacho (DC),

comprimento médio de penca (CP), diâmetro médio de penca (DP) e o número de pencas (NP). Nesta análise o grupo I representava o conjunto de variáveis independentes e o grupo II representando as variáveis dependentes. Previamente foram realizados testes de correlações simples lineares de Pearson entre os descritores para identificar coeficientes com elevado grau, evitando erroneamente a multicolinearidade entre os descritores avaliados. Para a análise de correlação de Pearson e canônica utilizou-se o *software* estatístico *R Development Core Team*<sup>®</sup> versão 4.1.3. O primeiro par canônico foi significativo a 0,001% entre os grupos I e II, demonstrando que os grupos analisados não são independentes resultando em correlação de 0,87. Explicando em 93,39% da variação total contida no conjunto de dados originais. Com base nos coeficientes do primeiro par canônico fica evidenciado a relação simultânea existente entre os clones com menores ciclos (0,56) e altos índices de clorofila (0,88) com maiores DP (0,76) e DC (0,64). Ou seja, os clones de bananeira mais produtivos apresentam os menores ciclos e altos índices de clorofila nas folhas. As análises de correlações canônicas permitem afirmar que os grupos não são independentes e que os descritores produtivos DP e DC são favorecidas e são influenciados por CC e SPAD, podendo assim serem utilizados como critérios para obtenção de maiores produtividades.

Palavras-chave: *Musa* spp.; análise biométrica; intergrupos; par canônico.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (PIBITI/CNPq/UNIMONTES) e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

# APRENDIZAGEM DE MÁQUINAS NA PREDIÇÃO DE PRODUTIVIDADE DO MILHO UTILIZANDO VARIÁVEIS ESPECTRAIS E MANEJOS DE IRRIGAÇÃO

Dthenifer Cordeiro Santana<sup>1\*</sup>; Larissa Pereira Ribeiro Teodoro<sup>2</sup>; Paulo Eduardo Teodoro<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Doutorandos em Sistemas de Produção, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Ilha Solteira- SP, Brasil. \*dthenifer.santana@unesp.br

<sup>2</sup> Professor (a) da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Chapadão do Sul – MS, Brasil.

Predição da produtividade de milho utilizando informações espectrais, de temperatura e manejos de irrigação por meio de algoritmos de aprendizagem de máquinas fornece informações de maneira rápida, precisa e não destrutiva sobre a produtividade da cultura. Esse tipo de pesquisa pode agilizar avaliações realizadas em programas de melhoramento genético de diversas culturas. A utilização de dados obtidos por sensores multiespectrais, aliado a manejo de irrigação na cultura do milho, permite maior exploração do comportamento da água e sua relação com alterações nas bandas espectrais apresentadas pela cultura, e assim podendo identificar genótipos eficientes no uso da água de forma rápida e não destrutiva. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar, por meio de estatística multivariada e técnicas de aprendizado de máquina, a relação entre o manejo de irrigação e as bandas espectrais na predição da produtividade do milho. O delineamento experimental aplicado foi em blocos casualizados, contendo quatro tratamentos (controle e três níveis de irrigação adicionais) e dezoito repetições amostrais. A medição dos comprimentos de onda espectrais foi realizada com o Sensefly eBee RTK, com controle de voo autônomo. O eBee foi equipado com o sensor multiespectral Parrot Sequoia adquirindo

refletância nos comprimentos de onda de verde (550 nm  $\pm$  40 nm), vermelho (660 nm  $\pm$  40 nm), Rededge (735 nm  $\pm$  10 nm) e NIR (790 nm  $\pm$  40 nm). O comprimento azul (496 nm), foi obtido por imagem RGB adicional. Os dados foram submetidos a correlações de Pearson ( $r$ ) entre os caracteres avaliados representados por um gráfico de correlações e dispersão. Posteriormente foi realizada a análise de variáveis canônicas para verificar a inter-relação entre as variáveis avaliadas. Os dados foram submetidos as análises de aprendizagem de máquina, sendo testados três diferentes configurações de entrada (input) conjunto de dados: usando apenas os manejos de irrigação (IR), usando os manejos de irrigação e as bandas espectrais (SB +IR) e utilizando manejos de irrigação, bandas espectrais e temperatura (IR+SB+Temp). Como variável de saída (output) dos modelos foi utilizada a variável produtividade. Os modelos de aprendizagem de máquina utilizados foram: Redes neurais artificiais (ANN), Árvores de decisão J48 (J48), Regressão logística (LR), REPTree (DT), Floresta aleatória (RF) e Máquina de vetor suporte (SVM). Floresta aleatória demonstra maior acurácia na predição da produtividade de grãos em milho, sobretudo quando associado aos inputs SB+IR e SB+IR+Temp, otimizando assim a seleção de materiais genéticos produtivos, principalmente quando submetidos a irrigação.

Palavras-chave: *Zea Mays*; bandas espectrais; floresta aleatória; inteligência computacional.

Agradecimento: CAPES.

# AVALIAÇÃO DA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO EM POPULAÇÕES INTERVARIETAIS DE MILHO EM FASE JUVENIL DE DESENVOLVIMENTO AVALIADOS EM AMBIENTE CONTROLADO

Henrique Rocha Azevedo Santos<sup>1</sup>; Jacilene Francisca Souza Santos<sup>1</sup>; Darliton Alex Silva Feitosa<sup>1</sup>;  
Barbara Nascimento Santos<sup>1</sup>; Jéssica dos Santos Oliveira<sup>1</sup>; José Jairo Florentino Cordeiro Junior<sup>2</sup>;  
Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira<sup>2</sup>

1 Graduandos em Engenharia Agrônômica. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil. \*rique999@outlook.com

2 Professor Doutor, curso de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – SE.

O milho (*Zea Mays* L.) está entre as principais culturas, cultivada na região do semiárido sergipano, tendo sua importância econômica para pequenos e grandes produtores. Porém a safra é considerada de risco pela dinâmica pluvial da região, fazendo-se necessário a síntese de novos cultivares adaptados aos estresses abióticos, característico da região. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a tolerância hídrica de cruzamentos dialélicos de híbridos de milho em fase juvenil em ambiente controlado. Os genótipos foram cultivados usando vasos em casa de vegetação, um total de 60 genótipos em 540 vasos, sendo 180 vasos por repetição, tendo um total de 3 repetições, cada 3 vasos correspondiam à uma parcela, sendo 60 parcelas por repetição, totalizando 180 parcelas. Foi realizado análise morfológica visual em escala de notas para aferir a tolerância ao déficit hídrico. A irrigação foi suspensa quando 50% das plantas se encontravam no estágio de V3 e, após 15 dias sob estresse, foi iniciada a avaliação em escala de notas, realizada de maneira visual, sendo avaliados com notas de 1 a 4, 1 correspondente a “sem sinal de estresse”, 2 “folhas parcialmente enrola-

das”, 3 “folhas enroladas e enrugadas” e 4 “colapso total”, foram avaliadas todas as plantas de cada parcela. Os dados foram submetidos a análise de variância (anova\_dbc) no software R, na qual os resultados revelaram que os fatores genótipo, dia, repetição e tolerância ao déficit hídrico foram significativos, ou seja, ao menos um desses fatores difere de todos os outros. A interação entre os fatores não foi significativa, mas, a interpretação dos dados ressalta que há diferença altamente relevante entre o desenvolvimento de cada variável, sendo elas genótipo, dia, planta e tolerância ao déficit hídrico, havendo destaque observado para o genótipo IAC 8046 x GNZ 17, sendo o de menor demanda de água, o genótipo POPTOL 2 x KWS 9555 e o genótipo GNZ 19 x KWS 9696 com tolerância ao déficit hídrico, sendo esses os cruzamentos, e, respectivamente, os que podem nos fornecer uma população intervarietal de milho tolerante ao déficit hídrico e, consequentemente, ao clima do semiárido sergipano.

Palavras-chave: déficit hídrico; genótipo; semiárido; *Zea mays* L.

Agradecimentos: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), EMBRAPA Semiárido, Universidade Federal de Sergipe, FAPITEC-SE.

# AVALIAÇÃO DE MANCHA PARDA, MANCHA DE GRÃOS E CARACTERES AGRONÔMICOS DE DUPLO HAPLOIDES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Felipe Gonçalves de Carvalho<sup>1\*</sup>; João Abrão Batista Gundim<sup>1</sup>; Amanda Abdallah Chaibub<sup>2</sup>;  
Leila Garcês de Araújo<sup>3</sup>, Patrícia Guimarães Santos Melo<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil

\*felipe.goncalves@discente.ufg.br

<sup>2</sup> Pós-Doutoranda no Programa de Genética e Melhoramento de Plantas. Laboratório de Genética de Microrganismos, Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

<sup>3</sup> Professora do Departamento de Genética do Instituto de Ciências Biológicas. Laboratório de Genética de Microrganismos, Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

<sup>4</sup> Professora do Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas. Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

A ocorrência de doenças na cultura do arroz é uma das principais limitações na produção do cereal, principalmente em condições de terras altas. Dentre as doenças destacam-se a brusone, mancha parda e mancha de grãos. As estratégias de controle são a resistência genética, controle cultural, biológico e químico. Em estudos anteriores foram obtidos duplo haploides de arroz por meio da cultura de anteras do cruzamento entre BRS Primavera e a linhagem CNA-923. Esta linhagem é altamente resistente à brusone. Tal tecnologia se mostra vantajosa no melhoramento de plantas por possibilitar a fixação de caracteres desejáveis na segunda geração. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a severidade de doenças e caracteres agronômicos da geração R5 dos duplo-haploides (DH) de arroz, obtidos por meio da cultura de anteras, em condições de campo. O ensaio foi realizado no campo experimental da escola de Agronomia da UFG em

delineamento de blocos casualizados, com parcelas de 2 linhas de 3 metros com espaçamento de 40 cm e 3 repetições. Os tratamentos foram compostos por 11 DH e a BRS Primavera como testemunha. As doenças ocorreram de forma natural em campo. As avaliações de severidade de mancha parda na folha bandeira e mancha de grãos foram realizadas aos 102 dias após o plantio com plantas nos estágios R7-R8 utilizando escalas do IRRI. Também foram avaliados a produtividade (kg/ha), peso de 1000 grãos (g), número de grãos por panícula, florescimento e ciclo. A cultivar Primavera apresenta resistência moderada às doenças avaliadas, por isso não foi usada como testemunha. Para mancha parda na folha bandeira, dez duplo haploides foram medianamente resistentes, com 1-3% da área foliar afetada, destacando o DH 11 com menos de 1%. Nove tratamentos apresentaram porcentagem da área da panícula afetada abaixo de 5%, enquanto que o restante apresentou menos de 11% de severidade. A produtividade (kg/ha) de 10 dos 11 duplo haploides não diferiu estatisticamente da BRS Primavera, com destaque para DH1 e DH18 que produziram 2.558,33 kg/ha e 2.277,74 kg/ha, respectivamente. Estes DH também apresentaram peso de 1000 grãos, de 22,4 g e 22,5 g e não diferiram da cultivar Primavera. Para número de grãos por panícula, os DH 1 e DH 10 apresentaram 146 e 159 grãos/panícula, respectivamente, enquanto a BRS Primavera apresentou média de 147 grãos/panícula. A floração média dos DH foi de 75 dias e ciclo entre 115-130 dias, sendo os DH 15, 16 e 19 mais precoces com 115 dias. Os duplo haploides são linhagens promissoras que podem ser avaliados em ensaios de valor de cultivo e uso do programa de melhoramento de arroz de terras altas.

Palavras-chave: duplo haploides; resistência; mancha parda; mancha de grãos; arroz de terras altas.

Agradecimentos: UFG, CPNQ e Laboratório de Genética de Microrganismos.

# AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA DOS FRUTOS DE ACESSOS DE *Physalis* L.

Beatriz Rayrana de Araújo Gama<sup>1\*</sup>; Carina Raissa Rocha Oliveira da Cunha<sup>1</sup>; Kássio Aureliano da Silva Santos<sup>2</sup>; Jaime Corbiniano dos Santos Neto<sup>2</sup>; Luiza Suely Semen Martins<sup>3</sup>;  
Angélica Virgínia Valois Montarroyos<sup>3</sup>

1 Mestrandas em Agronomia – Melhoria Genética de Plantas. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil. \*beatrizrayrana@gmail.com

2 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil.

3 Professora da Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil.

Pertencente à família Solanaceae, o gênero *Physalis* L. compreende aproximadamente cem espécies encontradas em diferentes localidades de regiões tropicais e subtropicais do mundo. No Brasil, se tem registro da ocorrência de oito espécies distribuídas por todo o território nacional. Espécies de *Physalis* têm apresentado um grande potencial econômico, com o uso na alimentação humana, na produção de substâncias farmacológicas e na ornamentação. No entanto, são poucos os estudos sobre a variabilidade genética do gênero. Informações referentes à morfometria de frutos contribuem para conservação e utilização das espécies, bem como auxiliam na detecção da variabilidade genética a ser explorada em programas de melhoramento genético da cultura. Diante do exposto, objetivou-se caracterizar morfometricamente frutos de acessos do banco de germoplasma de *Physalis* (BGP) da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), tendo sido selecionados os acessos BGP27, BGP28 e BGP31. As análises foram realizadas no Laboratório de Biotecnologia Vegetal e Plantas Daninhas da UFRPE. Na caracterização morfométrica, foram coletados e avaliados 10 frutos maduros por acesso, totalizando 30 frutos. Foram

analisados os seguintes parâmetros: Formato, Coloração, Peso, Comprimento, Largura e Espessura dos frutos maduros, bem como o Número de sementes por fruto. Utilizou-se paquímetro digital para a obtenção das medidas de comprimento (compreendendo a região entre o ápice e a base dos frutos), largura e espessura (compreendendo a região central dos frutos), bem como, balança digital com precisão de 0,001 g para a determinação dos pesos dos frutos. Para a tabulação dos dados utilizou-se o programa Excel, tendo sido calculada a média, máximo, mínimo e desvio padrão. O comprimento dos frutos variou de 15,36 a 11,02 mm, já a largura apresentou valores de 16,44 a 10,70 mm, e a espessura de 16,74 a 11,01 mm. O peso dos frutos variou entre 2,58 e 0,82 g. Enquanto que o número de sementes por fruto compreendeu valores entre 281 e 143. O acesso BGP31 apresentou as maiores médias para todas as variáveis avaliadas, os acessos BGP27 e BGP28 apresentaram valores médios semelhantes para a maioria das características, exceto quanto ao número de sementes por fruto, onde o acesso BGP28 apresentou a menor média de 188 sementes. Em relação a morfologia externa, todos os acessos apresentaram formato do fruto arredondado, com coloração quando maduro, variando entre amarelo (BGP27; BGP28) a amarelo-arroxeadado (BGP31). Com base nos parâmetros avaliados foi constatada variação nos resultados obtidos dos acessos BGP27, BGP28 e BGP29, revelando a existência de variabilidade genética entre os acessos. Tais resultados contribuem tanto para identificação, quanto para ampliação dos conhecimentos sobre a biologia reprodutiva do gênero.

**Palavras-chave:** fisális; banco de germoplasma; variabilidade genética.

**Agradecimento:** À UFRPE pelo apoio institucional e à CAPES pela concessão da bolsa de Mestrado.

# CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE FRUTOS DE LINHAGENS DE ABÓBORA

Gustavo Goes dos Santos<sup>1\*</sup>; Alasse Oliveira da Silva<sup>1</sup>; Luana Regina da Cruz<sup>2</sup>;  
Victor Gabriel Martins Brolezzi<sup>3</sup>; Tiago José Leme de Lima<sup>4</sup>; Fernando César Sala<sup>5</sup>

1 Mestrando em Fitotecnia. Universidade de São Paulo. Piracicaba-SP, Brasil.  
\*gustavogoes@usp.br

2 Graduanda em Agroecologia. Universidade Federal de São Carlos. Araras-SP, Brasil.

3 Graduando em Agronomia. Universidade Federal de São Carlos. Araras-SP, Brasil.

4 Mestre em Produção Vegetal e Bioprocessos Associados. Universidade Federal São Carlos. Araras-SP, Brasil.

5 Professor do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal de São Carlos. Araras-SP, Brasil.

O melhoramento de abóboras é fundamental para desenvolvimento de cultivares adaptadas aos padrões de aceitação comercial, e, nos programas de melhoramento, a espécie de abóbora *Cucurbita moschata* e a espécie de moranga *Cucurbita maxima* são utilizadas para hibridação de abóbora Tetsukabuto, enquanto parental masculino e feminino, respectivamente. O objetivo deste estudo foi avaliar as características agrônômicas de frutos de linhagens de abóbora e de moranga, para selecioná-las com base nos potenciais de desenvolvimento de cultivar e uso como parentais de abóbora Tetsukabuto. A pesquisa foi conduzida na área experimental do Grupo de Estudos em Horticultura (GeHort), pertencente ao Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFSCar, município de Araras-SP, no período de maio até agosto de 2019. Foi efetuado o plantio de 3 linhagens de *C. moschata* (10590, 10606 e 10611) e 6 linhagens de *C. maxima* (10628, 10629, 10631, 10638, 10641 e 10644), mantidas sob espaçamento entre linhas de 3m e espaçamento

entre plantas de 1,5m. Foram utilizadas 5 repetições para cada linhagem em campo, procedendo-se com a colheita manual seguida do armazenamento de frutos. A determinação de interesse agrônômico considerou as características qualitativas de coloração externa e de polpa, formato de frutos e incidência de gomos e rugosidades, bem como as características quantitativas representadas pela altura, comprimento, massa, espessura de polpa e Brix de frutos. Em relação aos dados quantitativos, foi empregada a metodologia de análise estatística Scott-Knott com nível de significância de 5%. As linhagens 10631, 10638 e 10641 apresentaram as maiores massas e dimensões, conquanto somente a linhagem 10631 atendeu aos padrões de interesse agrônômico (frutos entre 2 e 3kg). A espessura de polpa não diferiu entre as linhagens, e, conjuntamente com a análise de Brix, observou-se que todas as linhagens contemplavam os parâmetros requisitados para industrialização, exceto a linhagem 10590, cujo teor de sólidos solúveis foi significativamente menor. Entre as abóboras, as linhagens 10590 e 10611 atenderam os padrões de interesse agrônômico ao expressar coloração externa e de polpa alaranjadas, ao passo que somente a linhagem 10611, globular e livre de gomos e rugosidades, atingiu os padrões desejáveis de formato e textura. As análises qualitativas de morangas revelaram que todas as linhagens seguiram os padrões de aceitação comercial, ao denotar coloração externa e de polpa esverdeada e alaranjada, respectivamente, formato globular e ausência de gomos e rugosidades. Conclui-se que a abóbora de código 10611 e a moranga de código 10631 demonstraram os maiores potenciais quanto ao desenvolvimento de cultivares e uso como parentais de abóbora híbrida Tetsukabuto.

Palavras-chave: melhoramento de abóbora; moranga; abóbora híbrida; aceitação comercial.

# CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE FRUTOS E PSEUDOFRUTOS DE CAJU ARBÓREO DO CERRADO (*Anacardium othonianum* Rizz.)

Jeniffer Raniely Batista Sousa<sup>1\*</sup>; Edniz Leite Pereira<sup>1</sup>; Igor Richards Lamounier de Faria<sup>2</sup>;  
Elias Emanuel Silva Mota<sup>3</sup>

1 Graduanda em Agronomia. Faculdade evangélica de Goianésia - FACEG. Goianésia-GO, Brasil. \*jrbsoussa@gmail.com

2 Graduado em Agronomia. Faculdade Evangélica de Goianésia - FACEG. Goianésia-GO, Brasil.

3 Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Faculdade Evangélica de Goianésia - FACEG. Goianésia-GO, Brasil.

As populações naturais, de uma forma geral, exibem algum grau de estruturação genética, que corresponde às distribuições não aleatórias dos genótipos nas populações locais. Os estudos sobre as características físicas e químicas dos frutos são ferramentas essenciais que auxiliam os programas de pré-melhoramento e a identificação da variabilidade entre indivíduos ou acessos de uma população. O objetivo do presente estudo foi avaliar a estrutura genética de 15 subpopulações naturais da espécie *Anacardium othonianum* Rizz., a fim de contribuir para a elaboração de estratégias eficientes para o seu uso e conservação genética. Foram coletados pelo menos 12 frutos não danificados de dez matrizes, escolhidas aleatoriamente dentre aquelas com produção suficiente, de cada uma das 15 subpopulações amostradas. Foram avaliados os seguintes descritores morfológicos: peso total, peso do pseudofruto, peso do fruto; comprimento total, comprimento do pseudofruto, largura maior do pseudofruto, largura menor do pseudofruto, espessura do pseudofruto, comprimento do fruto, largura maior do fruto, largura menor do fruto, espessura do fruto,

coloração e formato do pseudofruto. Os dados foram submetidos a análise descritiva, análise de variância e correlação fenotípica. Por meio dos componentes de variância estimou-se as proporções da variação fenotípica total que se deve a: diferença entre subpopulações, diferença entre matrizes dentro subpopulações e diferença entre frutos/pseudofrutos dentro de matrizes dentro de subpopulações e o parâmetro  $P_{ST}$ . As maiores variações fenotípicas ocorreram entre os caracteres relacionados ao peso das amostras e coloração do pseudofruto. Os frutos de caju arbóreo do cerrado apresentaram predominância da cor vermelho alaranjado. Houve variação altamente significativa para todos os caracteres avaliados, em todos os níveis hierárquicos: entre subpopulações, entre matrizes dentro de subpopulações e entre frutos dentro de matrizes. Quanto a estrutura genética da espécie, a maior parte da variabilidade genética encontra-se entre matrizes dentro de subpopulações e entre frutos dentro de matrizes. As subpopulações apresentaram diferenciação fenotípica com base nas características: largura maior do pseudofruto, largura menor do pseudofruto e espessura do pseudofruto, de acordo com o parâmetro  $P_{ST}$ . O pseudofruto constitui a maior parte da fruta, portanto, as medidas de peso e comprimento estão diretamente correlacionadas as médias de peso e comprimento total das amostras.

Palavras-chave: estrutura genética; biometria; caju; conservação.

# CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE UVAS 'BRS TAINÁ' EM DIFERENTES PORTA-ENXERTOS NO PRIMEIRO CICLO PRODUTIVO

Carlos Roberto Silva de Oliveira<sup>1\*</sup>; Francismary Barros da Silva<sup>1</sup>; Glácia Maria de Alencar Pontes<sup>2</sup>;  
Ezildo Francisco Felinto Filho<sup>3</sup>; Antonio Francisco de Mendonca Junior<sup>4</sup>;  
Patrícia Coelho de Souza Leão<sup>5</sup>

1 Doutorandos em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil. \*carlos.robertooliveira@ufrpe.br

2 Mestranda em Produção Vegetal. Universidade Federal do Vale do São Francisco. Petrolina-PE, Brasil.

3 Mestrando em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil.

4 Doutor em Fitotecnia. Professor do curso de Agronomia na Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil.

5 Doutora em Genética e Melhoramento. Pesquisadora Embrapa Semiárido. Petrolina-PE, Brasil.

'BRS Tainá' é um cultivar de uva fina de mesa, sem semente de cor branca, desenvolvida e recomendada para as condições tropicais semiáridas do Vale do São Francisco. Contudo, por ter sido lançada recentemente, em 2020, ainda não existem informações em relação a qualidade de suas uvas maduras quando enxertada sobre diferentes porta-enxertos. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a influência de diferentes porta-enxertos nas características físicas e químicas das bagas de 'BRS Tainá' em seu primeiro ciclo de produção. O experimento foi conduzido em vinhedo comercial em Petrolina, Pernambuco, entre agosto e dezembro de 2021, em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. As videiras 'BRS Tainá' foram implantadas com duas plantas por cova, no sistema de

condução horizontal do tipo latada, em espaçamento 3,5 x 2,5 m e irrigação localizada por gotejamento. Os tratamentos consistiram em oito porta-enxertos: IAC 313, IAC 572, IAC 766, 101-14 MgT, Paulsen 1103, Ramsey, SO4 e Teleki 5C. As variáveis avaliadas foram: massa de bagas (g), comprimento de baga e diâmetro de baga (mm), acidez titulável ( $\text{g } 100 \text{ mL}^{-1}$ ), teor de sólidos solúveis totais ( $^{\circ}\text{Brix}$ ) e ratio (acidez titulável / teor de sólidos solúveis totais). Não houve diferenças significativas entre os porta-enxertos para as variáveis físicas: massa, comprimento e diâmetro de bagas, e suas médias foram 4.53 g, 23.13 mm e 18.29 mm, respectivamente. Os atributos químicos, sólidos solúveis totais e ratio não foram influenciadas pelo uso de diferentes porta-enxertos, apresentando médias de 15.41  $^{\circ}\text{Brix}$  e 0.44, nessa ordem. O porta-enxerto Teleki 5C (0.39) apresentou superioridade em relação ao Ramsey (0.31) para variável acidez titulável, ambos não diferindo dos demais porta enxertos. Portanto, não houve influência dos porta-enxertos para maioria das variáveis estudadas em videiras de ‘BRS Tainá’ no primeiro ciclo de produção.

Palavras-chave: atributos químicos; pós-colheita; variabilidade; *Vitis vinifera*.

Agradecimento: CAPES e FACEPE.

# CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE ALHO SELECIONADOS EM UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO

Gabriela Andreatta Matias<sup>1\*</sup>; Dalvan Beise<sup>2</sup>; Volni Mazucco<sup>3</sup>; Amanda Venturi Correia de Almeida<sup>4</sup>; Leocir José Welter<sup>5</sup>; Valdir Marcos Stefenon<sup>5</sup>

1 Acadêmica do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil. gabrielaandreatta14@gmail.com

2 Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil.

3 Acadêmica do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Curitibanos-SC, Brazil.

4 Mestrando em Ecossistemas Agrícolas e Naturais. Universidade Federal de Santa Catarina. Curitibanos-SC, Brazil.

5 Professor do PPG Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil.

O Brasil é referência mundial na produção de alhos roxos do grupo nobre (*Allium sativum* var. *sativum*), que se caracterizam por bulbos redondos e uniformes, túnica branca, e bulbilhos grandes com película rósea escura. Entre os principais fatores que afetam a produtividade de alho no Planalto Catarinense destacam-se a inconstância climática, fitopatógenos e a baixa qualidade da semente-alho empregada. Assim, é fundamental fornecer alternativas aos produtores de alho e a seleção clonal é uma destas estratégias que pode resultar em seleções com ganhos de produtividade. O presente trabalho objetivou determinar a relação genética entre populações clonais superiores (selecionadas após dois ciclos de seleção) e inferiores (descartadas após dois ciclos de seleção), de modo a verificar a existência de variabilidade genética que sustente esse processo de seleção para o melhoramento. Foram realizados dois ciclos de seleção clonal

massal em 10 produtores de alho em seis municípios do Planalto Catarinense. Amostras das populações clonais superiores e inferiores das cultivares Ito, São Valentin e Caçador foram genotipadas para marcadores AFLP e microssatélites. Os produtos de PCR foram resolvidos em eletroforese capilar em um sistema automático ABI 3500xL e os padrões alélicos e genotípicos utilizados para a comparação entre os grupos superior e inferior, através de análise multivariada (PCoA). Um total de 142 marcadores AFLPs e quatro loci SSR foram avaliados e demonstraram a existência de diferenciação genética entre as populações clonais superiores e inferiores nas cultivares Ito, Caçador e São Valentin. Como esperado, observa-se a existência de diferenciação genética entre as cultivares. Por outro lado, há pouca diferenciação entre amostras dentro de cada população clonal. Em linhas gerais, as análises moleculares sugerem que a seleção realizada nas populações clonais São Valentin, Ito e Caçador manteve níveis de diversidade genética similar em cada cultivar. Por sua vez, o nível de diferenciação genética entre plantas com fenótipos superiores e plantas com fenótipos inferiores é similar à diferenciação entre populações clonais de cultivares distintas. Isso sugere que há uma considerável diferença genética entre esses genótipos e o processo de seleção está capturando esses padrões genéticos. Para se obter ganhos genéticos com a seleção é necessário que haja variação genética dentro das populações clonais sob seleção. Estes resultados demonstram que a seleção clonal é uma estratégia viável para alcançar ganhos em produtividade do alho cultivado no Planalto Catarinense.

Palavras-chave: SSR; marcador molecular; seleção massal; população clonal; seleção clonal individual.

Agradecimento: CNPq, CAPES, ACAPA, CoPAR

# CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE VARIEDADES DE MANDIOCA (*Manihot esculenta* *crantz*) LOCALIZADAS NOS MUNICÍPIOS DE CAPITÃO POÇO E GARRAÇÃO DO NORTE

Páttylla Mariane Revoredo<sup>1</sup>; Maciel Pereira Macie<sup>1</sup>; Paula dos Santos de Oliveira<sup>1</sup>;  
Sariane de Moraes Bentes<sup>1</sup>; Rodrigo de Souza Silva<sup>2</sup>; Francisca das Chagas Bezerra de Araujo<sup>3</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal Rural da Amazonia. Capitão Poço-PA, Brasil.

2 Doutor em genética e melhoramento de plantas. Universidade Federal de Goiás, UFG, Brasil.

3 Doutora em Agronomia. Universidade Federal Rural da Amazonia. Capitão Poço-PA.

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é cultivada em todo o mundo, sendo a terceira maior fonte de energia alimentar por possuir altos teores de carboidratos em suas raízes. Apresentando alta rusticidade e adaptação às diferentes condições de clima e solos, desempenhando importância social e econômica, em países tropicais. Para evitar a erosão genética é necessário a iniciativa de estratégias de conservação e preservação de recursos genético *in situ*. Desta forma, é necessária a realização de estudos sobre o comportamento de variedades e suas interações com os aspectos culturais, econômicos das comunidades tradicionais. Portanto, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética entre variedades de Mandioca localizadas nos municípios de Capitão Poço-PA e Garrafão do Norte-PA, por meio de caracteres agrônômicos. O trabalho foi desenvolvido nos municípios de Capitão Poço e Garrafão do Norte, localizados na mesorregião do Nordeste Paraense e microrregião do Guamá. Sendo avaliadas 12 variedades de mandioca. Para analisar a medida de dissimilaridade das

11 variedades, uma matriz conjunta dos dados qualitativos foi elaborada. Os dados obtidos foram convertidos em dados binários (presente = 1 e ausente = 0) para cada classe fenotípica dos 28 descritores qualitativos. O agrupamento hierárquico das análises foi obtido a partir da matriz da distância genética pelo método UPGMA - Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean. Para a formação dos grupos considerou-se o índice Pseudotz obtido pelo Pacote NbClust. Utilizou-se o programa estatístico R. O coeficiente de correlação cofenética foi determinado de acordo com critério estabelecido por Sokal e Rohlf. Utilizou-se o software GENES 5.1. Houve a formação de dois grupos. O grupo I, constituído pelo maior número de variedades sendo elas, a BRS Poti, Milagrosa, Amarela, Água morna, Manicé G., Sem Frescura, Manicé CP, Loureiro, Tainha e Pacajá. Esse grupo inclui plantas com retenção foliar variando de fraca-média a média, com a cor dos ramos finais variando em verde escuro, verde arroxeadado e roxo, Cor externa do Caule variando em prateado, marrom claro e marrom escuro. O grupo II, evidenciou maior divergência genética entre as variedades, pois é constituído apenas pela variedade Branca Ouro, que possui plantas com a forma de ramificação aberta, cor da polpa da raiz amarela e cor do pecíolo vermelho esverdeado. A análise de agrupamento apresentou valor de correlação cofenética de 0,66. A variedade Branca Ouro, foi a mais divergente do conjunto avaliado, com base nas análises qualitativas.

Palavras-chave: recursos genéticos; caracterização morfológica; variabilidade genética; *M. esculenta* Crantz.

Agradecimento: CNPQ.

# COMPATIBILIDADE DE ENXERTIA DE GENÓTIPOS INTRA E INTERESPECÍFICOS COMO PORTA-ENXERTOS PARA O TOMATEIRO

Francieli Marian<sup>1\*</sup>; Samuel Guesser<sup>1</sup>; André Dutra Silva Júnior<sup>2</sup>; Guilherme José Almeida Oliveira<sup>3</sup>;  
Murilo Henrique Souza Leal<sup>4</sup>; André Ricardo Zeist<sup>5</sup>

1 Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brasil. \*francismarian.fm@gmail.com

2 Mestrando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

3 Graduado em Agronomia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil.

4 Mestrando em Agricultura Tropical e Subtropical. Instituto Agronômico de Campinas. Campinas-SP, Brasil.

5 Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brasil.

O tomateiro é de grande importância econômica e social, sendo uma das hortaliças mais produzidas e consumidas. Por sua vez, diversos fatores comprometem a produtividade, sendo que na última década, devido ao emprego equivocado da fertirrigação e a escassez de água doce para irrigação, a salinidade tem sido um dos maiores desafios da tomaticultura no mundo. Ao mesmo tempo, patógenos de solo também acometem danos. Nesse sentido, a enxertia em porta-enxertos resistentes é uma interessante alternativa para superar os desafios presentes no solo. No entanto, um dos maiores entraves do amplo uso da enxertia é a escassez de porta-enxertos com boa compatibilidade de enxertia com cultivares comerciais. Assim, buscou-se avaliar a compatibilidade de genótipos porta-enxertos para a cultivar comercial de tomateiro Giuliana. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação e o delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado ( $r=5$ ), sendo cada repetição composta por dez enxertias.

Avaliou-se quatro porta-enxertos comerciais, Guardiã, Muralha, Protetor (híbridos  $F_1$  da Takii do Brasil®) e Magnet (híbrido  $F_1$  da Sakata Seeds Sudamérica Ltda.); o acesso intraespecífico RVTC 66 (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*); dois acessos silvestres, LA 716 (*S. pennellii*) e PI 127826 (*S. habrochaites* var. *hirsutum*); e três híbridos  $F_1$  interespecíficos (RVTC 66 × LA 716; RVTC 66 × PI 127826; e LA 716 × PI 127826). Um tratamento controle foi utilizado, que referiu-se a própria Giuliana como porta-enxerto. As plantas foram conduzidas em vasos com capacidade de 12 L contendo substrato a base de casca de pinus bioestabilizada. A compatibilidade de enxertia foi avaliada 60 dias após o transplante das mudas, por meio de equação matemática que baseia-se nos diâmetros do caule do porta-enxerto, do ponto de enxertia e do enxerto. O acesso LA 716 foi o porta-enxerto de maior incompatibilidade de enxertia com a cultivar Giuliana, seguido dos porta-enxertos PI 127826 e  $F_1$  (LA 716 × PI 127826). Todos os demais porta-enxertos testados tiveram baixa incompatibilidade de enxertia com a cultivar Giuliana. Desta forma, podemos concluir que os portas-enxertos comerciais Guardiã, Muralha, Protetor e Magnet, o acesso RVTC 66 e híbridos  $F_1$  interespecíficos RVTC 66 × LA 716, RVTC 66 × PI 127826, apresentaram melhor desempenho, com menor índice de incompatibilidade de enxertia (sem diferir do tratamento controle).

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*; híbridos interespecíficos; porta-enxertos comerciais; recursos vegetais.

# COMPETIÇÃO DE CULTIVARES DE SOJA NO NOROESTE DE MATO GROSSO, NA SAFRA 2021/2022

Philip Gomes Hennig<sup>1</sup>; Jéssica Lima Viana<sup>2</sup>; Cleverson Freitas Almeida<sup>3</sup>;  
Daniel Carneiro de Abreu<sup>4</sup>; Wininton Mendes da Silva<sup>5</sup>

1 Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Mato Grosso; Sinop-MT, Brasil. \*fhilip.hennig@hotmail.com

2 Doutora em Ciência do Solo. Universidade Federal do Paraná. Curitiba-PR, Brasil.

3 Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

4 Professor da Universidade Federal de Mato grosso, Campus Universitário de Sinop. Sinop-MT Brasil.

5 Pesquisador da Empresa Mato-Grossense de Pesquisa, Assistência e Extensão Rural. Cuiabá-MT, Brasil.

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas mais importantes para a economia do Brasil. O estado do Mato Grosso lidera a posição com estimativa de produção em 35,947 milhões de toneladas em uma área plantada de 10,294 milhões de hectares. A região de Juara, Mato Grosso, destaca-se na pecuária, sendo a principal atividade econômica, precedida pela expansão da agricultura. Esta região, bioma Amazônico, apresenta especificidades como elevada precipitação pluviométrica anual (aproximadamente 2.400 mm ano<sup>-1</sup>), solos arenosos na camada superficial e relevo ondulado. A obtenção de altos rendimentos de grãos depende diretamente da interação entre planta, ambiente e manejo. O objetivo desse trabalho foi determinar as cultivares mais adaptadas as condições edafoclimáticas de Juara, noroeste de Mato Grosso. O experimento foi conduzido na área experimental da Fazenda Santa Sofia em Juara-MT, situada a uma latitude 11°15'18" sul e longitude 57°31'11" oeste, na Mesorregião 127, Microrregião 522 - Arinos à

292 metros de altitude no Planalto Residual Norte de Mato Grosso. Durante o ciclo de cultivo da soja a precipitação pluvial foi de 1077,60 mm ciclo<sup>-1</sup>, temperatura média do ar de 25,8 °C dia<sup>-1</sup> e radiação solar média de 16,94 MJ m<sup>-2</sup> dia<sup>-1</sup>. As cultivares utilizadas foram TMG 2374, Desafio, CZ37B51, HO Aporé, HO Taquari, HO Guaporé, 7621L2X, Olimpo, NS7790, CZ48B18, NEO0820, TMG 2379, TMG 2776, Mamoré, M8220, Coxim, NEO850, Caiapó, Origem, Cristalino, TMG 2383, 8121, NS8109, TMG 2381. A área foi preparada de maneira convencional, com duas gradagens e uma niveladora. A adubação fosfatada foi realizada nos ensaios, com aplicação de 520 kg ha<sup>-1</sup> de super simples com 22% de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> no sulco de semeadura. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com três repetições. As plantas foram coletadas manualmente da área útil de cada parcela (3 linhas centrais de 2m de comprimento), sendo determinada a produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), com padronização da umidade a 13% e o PMG (peso de 1000 grãos). Nas condições edafoclimáticas da região de Juara, as variedades TMG 2374, CZ48B18, NEO820, Desafio, M8220, Coxim, Olímpio, 8121, Caiapó, Cristalino tiveram maiores produtividades comparada as demais (produtividade de 59,34 a 67,13 sc ha<sup>-1</sup>) (p < 0,05 pelo teste de Scott-Sknott). As produtividades obtidas foram superiores à média no estado do Mato Grosso de 61,05 sc ha<sup>-1</sup>. A cultivar com maior PMG foi a TMG 2374, com 182,0 g. Conclui-se que as cultivares avaliadas apresentam potencial produtivo nas condições edafoclimáticas de Juara (MT). A identificação das dez cultivares com maiores produtividades possibilita a rotação de cultivares.

Palavras-chave: cultivo de soja; competição; condições edafoclimáticas.

# CONHECER PARA PRESERVAR: UM ESTUDO SOBRE O CONSUMO DE PLANTAS MEDICINAIS, USADAS POR PACIENTES EM TRATAMENTO QUIMIOTERÁPICO

Bruno Pereira Lemos<sup>1\*</sup>; Andréia Juliana Rodrigues Caldeira<sup>2</sup>; Flávio Monteiro Ayres<sup>3</sup>

1 Mestrando em Ciências Aplicadas à Produtos para Saúde. Universidade Estadual de Goiás, Campus Central –Sede - Anápolis-GO, Brasil. \*lemons.bruno19@gmail.com

2 Docente no Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas -Universidade Estadual de Goiás, Campus Central–Sede - Anápolis-GO, Brasil.

3 Docente na Universidade Estadual de Goiás, Escola superior de educação física e fisioterapia de goiás, Goiânia, Brasil.

Plantas medicinais são fontes de recursos genéticos e terapêuticos e, no contexto do tratamento anticâncer, muitos pacientes utilizam as espécies vegetais na expectativa de minimizar os efeitos da doença ou do tratamento quimioterápico. Dessa forma, este estudo pretende contribuir para o conhecimento e conservação de espécies vegetais, através da avaliação do consumo de plantas medicinais usadas por pacientes em tratamento anticâncer, destacando a importância ambiental, bem como a necessidade de preservação. Os dados foram coletados por meio de questionários, respondidos por pacientes com idade acima de 18 anos, com diagnóstico de câncer e em tratamento quimioterápico ou na Unidade Oncológica de Anápolis (Parecer n. 002/2011) ou no Hospital Araújo Jorge/Goiânia-Goiás (Parecer nº 410.771 CAAE 15079813.2.0000.003). A partir dos nomes populares relatados pelos pacientes, foram atribuídos os nomes científicos, bem como a taxonomia das espécies, utilizando-se a base de dados da Floras do Brasil (2020) do programa ReFlora. Os dados, coletados em cada unidade de tratamento (acima mencionadas), foram gentilmente cedidos para esta

análise. Foi organizada uma lista única, contendo todas as espécies citadas pelos pacientes, para uso anticâncer. Foram relatadas no total 38 espécies medicinais, no qual as mais frequentes foram *Aloe vera* (31,37%), *Annona muricata* (13,73%) e *Morinda citrifolia* (10,78%). As famílias botânicas mais relatadas foram Euphorbiaceae (15,38%) e Fabaceae (12,82%). Ficou evidente que as espécies mais utilizadas não eram da vegetação regional, o que indica a falta de informações sobre propriedades medicinais de espécies nativas e endêmicas regionais. As partes da planta mais utilizadas foram folhas frescas (32,38%), seguida do fruto (23,81%) e da casca (8,57%), indicando a facilidade de obtenção das folhas por estarem disponíveis a maior parte do ano, porém alerta para o uso sem a preocupação de preservação, uma vez que na maioria das vezes, as espécies são coletadas indiscriminadamente para o uso. Outro ponto de alerta se deu pela constatação de que a maioria dos pacientes consomem as plantas sem orientação profissional, tanto para a indicação do uso, quanto para a confirmação de realmente tratar-se da espécie que acreditam ser terapêutica. E, por outro lado, muitas das espécies usadas ainda não apresentam comprovação científica de sua eficácia terapêutica, e os pacientes fazem o uso baseado principalmente no conhecimento popular, passado de geração a geração. Assim, estudos que divulguem a forma de uso sustentável da biodiversidade vegetal devem ser estimulados visto que a existência de variedade genética de espécies é um requisito importante para sua conservação. Além disso, reafirma-se aqui a importância de estudos que avaliem a segurança quanto ao uso das espécies medicinais citadas para tratamento anticancerígeno.

Palavras-chave: biodiversidade vegetal; neoplasia; etnoconhecimento.

Agradecimento: Universidade Estadual de Goiás (UEG) e o Programa Próprio de Bolsas da UEG.

# CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS NA PRODUTIVIDADE DE CLONES DE BANANEIRA

Fabírcia Cardoso Oliveira<sup>1\*</sup>; Fátima de Souza Gomes<sup>1</sup>; Allyson Gabriel Santos de Paula<sup>2</sup>;  
Luiza Thaiany da Silva<sup>2</sup>; Marlon Cristian Toledo Pereira<sup>3</sup>; Samy Pimenta<sup>3</sup>

1 Mestrandas em Produção Vegetal no Semiárido. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil. \* faaholiveira@yahoo.com.br;

2 Graduandos em Agronomia. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

3 Professores da Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

A bananeira (*Musa* sp.) é a frutífera tropical mais difundida no mundo, sendo cultivada em todo o território brasileiro. Pesquisas científicas com esta cultura, possibilitam obter informações úteis aos agricultores, principalmente quanto ao desempenho agrônômico de um clone. O entendimento quanto a associação e a contribuição relativa entre descritores na produção, por meio análise de trilha, facilita no planejamento destas pesquisas. Objetivou-se identificar os efeitos diretos e indiretos dos descritores morfoagronômicos sobre a produção dos clones de bananeira por meio da análise de trilha. O estudo foi conduzido em uma área comercial localizada na colonização Paraguaçu, em Nova Porteirinha-MG. O delineamento experimental utilizado foi o delineamento em blocos ao acaso, sendo quatro repetições e parcelas úteis contendo seis clones de cada um dos seis tratamentos avaliados. Esses, foram diferentes clones de bananeira, 'Grande Naine', 'BRS Princesa' e quatro variedades do subgrupo 'Prata'. Foram avaliadas dez variáveis explicativas, sendo elas: números de frutos no cacho (NF); comprimento médio do fruto (CMF); Índice SPAD (SPAD); comprimento médio do pseudocaule (CPS); diâmetro médio da base

(DMB); Comprimento médio do cacho (CMC); Diâmetro médio do cacho (DMC); Comprimento médio da penca (CMP); diâmetro médio da penca (DMP); números de pencas (NP) e a variável básica sendo a massa do cacho (MC). Para a análise de correlação e trilha utilizou-se o *software* estatístico *R Development Core Team*® versão 4.1.3, sob multicolinearidade fraca (NC = 31,22) para os dados analisados. A decomposição por meio da análise de trilha evidenciou que, o coeficiente de trilha explica satisfatoriamente as variações em MC, como indica o seu coeficiente de determinação ( $R^2 = 0,87$ ) e o baixo efeito residual (0,36). Os efeitos diretos e indiretos dos descritores sobre MC apresentaram-se positivos e negativos. Apenas DMC (0,71) e NP (0,48) apresentaram efeito direto, sendo esse, superior a variável residual (0,36). Para os efeitos indiretos os pares CMC (0,36) e DMP (0,49) via DMC contribuíram para a MC. Os demais efeitos foram de baixa magnitude. Ficou evidenciando a possibilidade de seleção direta sobre MC considerando apenas via DMC e NP.

Palavras-chave: efeitos diretos e indiretos; multicolinearidade; multivariada.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (PIBITI/CNPq/UNIMONTES), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

# CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES FISIÓLOGOS E DE RENDIMENTO NA CULTURA DO TRIGO

Nathália Montemezzo<sup>1\*</sup>; Ana Cláudia Rosa<sup>2</sup>; Caroline Patrícia Menegazzi<sup>2</sup>; Thiago Camilo<sup>3</sup>; Paulo Henrique Kurylo<sup>3</sup>; Giovani Benin<sup>5</sup>

1 Graduada em Agronomia. Instituto Federal do Paraná. Palmas-PR, Brasil.  
\* montemezzon@gmail.com

2 Mestranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

3 Graduandos em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

5 Professor do curso de Agronomia e do programa de pós-graduação em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

O trigo (*Triticum aestivum* L.) está entre os cereais mais produzidos do mundo, e no Brasil, o estado do Paraná tem o maior índice produtivo. É uma das commodities com maior relevância na dieta humana e animal, além de representar extrema importância no agronegócio paranaense e nacional. Características fisiológicas apresentam grande impacto no rendimento de grãos, tornando-se viável a elaboração de novas estratégias para a seleção de genótipos superiores. Utilizando um conjunto de 14 genótipos de trigo, objetivou-se avaliar a correlação entre os parâmetros fisiológicos relacionados ao rendimento da cultura e os componentes de produtividade das linhagens de trigo, buscando selecionar genótipos com alta capacidade de adaptação às condições adversas associado a elevada produtividade. O experimento foi realizado nos municípios de Pato Branco-PR, Renascenças-PR e Campo Erê-SC, avaliados na safra de 2020. O ensaio foi conduzido em delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições para cada genótipo. Cada repetição representou uma unidade experimental composta por seis linhas de 5m de comprimento,

espaçamento de 0,25m e com densidade de semeadura de 330 plantas m<sup>2</sup>. Os caracteres fisiológicos avaliados foram: taxa de transpiração (TRANS), Concentração de nitrogênio foliar (N%), taxa de fotossíntese líquida (TXF) e eficiência da água (WUE). Os parâmetros fisiológicos foram mensurados no estádio de enchimento de grãos, por meio do equipamento portátil, com analisador infravermelho de gases (IRGA), modelo LI-6400XT (LI-COR, Lincoln, Nebraska – USA), injetor automático de CO<sub>2</sub> e fonte artificial de luz vermelha e azul. Relacionado aos caracteres agronômicos, as avaliações foram referentes ao rendimento de grãos (RG), obtido através da colheita das parcelas, com umidade do grão corrigido para 13%, determinação do peso de mil sementes (PMS), mediante a escolha aleatória de oito repetições, de cem sementes e posteriormente estimado para mil, além do peso hectolitro (PH), determinado através da massa de grãos em 250 ml. Os dados foram submetidos a análise de variância e atendido os pressupostos, foi realizada análise de correlação de Pearson. Dentre os caracteres fisiológicos analisados, N% apresentou correlação negativa com o RG, indicando que quanto maior o nível de nitrogênio foliar, menor o rendimento de grãos da cultura. A base fisiológica dessa correlação, pode estar relacionado à competição entre carbono e N por energia. Caracteres TXF e TRANS, apresentaram correlação positiva com o rendimento de grãos, indicando que linhagens com elevada TXF e TRANS apresentam maior capacidade de produzir fotoassimilados, resultando em elevado potencial produtivo. O PH, apresentou correlação negativa com WUE e N% e positiva com TRANS e RG, indicando valores maiores de PH em linhagens com maiores níveis de transpiração e rendimento de grão. O PMS, apresentou correlação positiva com RG e PH, demonstrando maior peso de sementes em maiores níveis de rendimento de grão e peso hectolitro.

Palavras-chave: *Triticum gestivum* L.; seleção de cultivares; melhoramento genético.

Agradecimento: CNPQ.

# CORRELAÇÃO LINEAR E PARCIAL ENTRE CARACTERES RELACIONADOS AO RENDIMENTO DE PALMITO EM PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA

Keny Henrique Mariguele\*

<sup>1</sup> EPAGRI/Estação Experimental de Itajaí, Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. \*kenymariguele@epagri.sc.gov.br

O cultivo de palmeiras para produção de palmito é uma atividade tradicional no estado de Santa Catarina, que é realizada basicamente por pequenos produtores. Sendo a *Archontophoenix alexandrae* muito apreciada, por apresentar características do palmito semelhante ao do *Euterpe edulis* que é nativa da Mata Atlântica. Conhecer a relação entre as variáveis altura e diâmetro da planta com o rendimento total de palmito no momento da colheita, possibilitará a orientação aos produtores sobre estratégia de manejo para o momento do corte das plantas. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi estimar os valores de correlação linear e parcial das variáveis altura e diâmetro de plantas com o rendimento total de palmito. Foram avaliadas 600 plantas que estavam em delineamento de blocos casualizados num teste de progênie. Essas plantas tinham acima de 1,7 m (recomendação de corte para essa palmeira em SC). Nesse momento, foram feitas as medições fitométricas de altura e de diâmetro da planta, bem como avaliado o rendimento total de palmito. As análises de correlação foram realizadas no R, usando o pacote metan. As estimativas obtidas foram significativas, cujos valores de correlação linear foram de 0,39 e 0,61 e de correlação parcial 0,38 e 0,62 para Altura/Rendimento e Diâmetro/Rendimento, respectivamente. Desse modo, além de observar a altura da planta no momento da colheita, é fundamental que os produtores realizem primeiro o corte de plantas com maiores diâmetros. Uma vez que,

conforme os valores de correlação obtidos, a variável diâmetro está mais correlacionada com o rendimento total do que a variável altura de planta.

Palavras-chave: *Archontophoenix alexandrae*; altura e diâmetro de planta; rendimento total.

Agradecimento: FAPESC.

# **CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS, FENOTÍPICAS E AMBIENTAIS ENTRE PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI NO SUDOESTE DA AMAZÔNIA**

**Gabriela do Nascimento Souza<sup>1\*</sup>; Joaes Alves da Silva Perreira<sup>2</sup>; Niqueli Cunha da Costa Sales<sup>1</sup>; Vanderley Borges dos Santos<sup>3</sup>; Suzy Anne Araújo e Silva<sup>2</sup>; Carolaine Nascimento dos Santos<sup>4</sup>**

1 Mestrandas em Produção Vegetal. Universidade Federal do Acre. Acre-AC, Brasil.  
\*gabynascimento16souza@gmail.com

2 Doutorandos em Produção Vegetal. Universidade Federal do Acre. Acre-AC, Brasil.

3 Professor em Engenharia Agrônômica. Universidade Federal do Acre. Acre-AC, Brasil.

4 Agrônoma. Centro Universitário Aparício Carvalho. Rondônia-RO, Brasil.

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de feijão-caupi, cuja produção se concentra principalmente nas regiões Norte e Nordeste do país. Cultivado tradicionalmente nestas regiões, esta leguminosa constitui importante fonte de renda para milhares de famílias de pequenos produtores, adquirindo grande importância como fonte geradora de emprego e renda. Além disso, constitui-se, também, como um dos principais componentes da alimentação humana local. As correlações entre duas ou mais características estimam o nível de união entre elas, sendo a origem e a grandeza da relação existente entre as características de extrema importância no melhoramento em geral, pois visa aprimorar o material genético de um conjunto de caracteres que agem simultaneamente, e conseqüentemente a melhora de uma característica pode causar alterações nas demais. Desse modo, o objetivo deste trabalho foi estimar as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em progênies de variedades tradicionais de

feijão-caupi em Rio Branco, Acre. O experimento foi realizado na unidade experimental da Universidade Federal do Acre. Foi utilizado o delineamento experimental em blocos casualizados (DBC) com 12 tratamentos e duas repetições, avaliando-se quatro progênies das variedades crioulas: Manteiguinha, Branco, Preto e Barrigudinho. Foram determinados os coeficientes de correlações: correlação fenotípica ( $r_F$ ), correlação genotípica ( $r_G$ ) e correlação ambiental ( $r_A$ ), entre os seguintes caracteres: comprimento de vagens (CV), comprimento de grãos (CG), largura de vagens (LV), largura de grãos (LG), espessura de vagens (EV), espessura de grãos (EG), número de lóculos por vagem (NLV) e peso de 50 sementes (P50S). Os resultados obtidos a partir das análises estatísticas, constatou a existência de correlação significativa entre o que está sendo selecionado e o material do ciclo seguinte, diferenças significativas entre as progênies, pelo teste F a 1% de probabilidade. Os valores positivos das correlações genotípicas variaram de 0,267 a 0,998, já os valores de correlações fenotípicas e genotípicas mais altas foram observados para o CV com os caracteres CG, 0,998 e 1,024, e P50S, 0,992 e 1,035, com os valores dos coeficientes de correlação respectivos. O NLV apresentou os menores resultados correlacionados, indicando maior independência desta variável em relação às demais, explicado pela maior influência da interação genótipo x ambiente sob a determinação deste caráter. As interações ambientais mais significativas foram entre as variáveis largura de grãos x espessura de grãos, com 0,972, e comprimento de grãos x largura de grãos, 0,881. Observou-se que os fatores genéticos foram dominantes na determinação das características fenotípicas relacionadas às variáveis estudadas, em relação ao ambiente. Portanto, as variáveis apresentaram correlações positivas e altas entre si ( $>0,7$ ), exceto número de lóculos por vagem (NLV). Evidenciando, assim, o seu potencial para seleção e melhoramento genético.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; melhoramento genético; resposta correlacionada; seleção.

# CURVA DE MATURAÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE CANA-DE-AÇÚCAR

**Michel Rodrigues da Silva<sup>1\*</sup>; Vinícius Filgueiras Nogueira<sup>1\*</sup>; Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro<sup>1</sup>; Renato de Carvalho Menezes<sup>2</sup>; Márcio Lisboa Guedes<sup>3</sup>; Bruna Mendes de Oliveira<sup>4</sup>**

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

\* michelrodrigues@discente.ufg.br .

2 Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Pesquisador do Programa de Melhoramento Genético em Cana-de-Açúcar, da Universidade Federal de Goiás. Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético. Goiânia-GO, Brasil.

4 Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil

No Brasil, a safra da cana-de-açúcar começa em abril e segue até março do ano seguinte. Em Goiás, a safra está compreendida, majoritariamente, entre os meses de abril a novembro do mesmo ano. Cada genótipo de cana-de-açúcar possui uma época ideal para a colheita durante a safra, neste período o material atinge a máxima concentração de sacarose nos colmos, denominado como pico de maturação. Para maior produtividade, deve-se realizar o planejamento da colheita, priorizando a colheita de cada genótipo nos meses em que se tem o pico de maturação. Devido aos diferentes comportamentos de maturação, os genótipos de cana-de-açúcar são agrupados em precoces (maturação de abril a junho), médios (maturação de julho a setembro) e tardios (maturação de outubro a novembro). As condições de clima do local e os fenômenos meteorológicos que ocorrem durante a safra influenciam na maturação dos genótipos de cana-de-açúcar. O conhecimento da curva de maturação é fundamental para orientação dos cruzamentos do programa de melhoramento, divisão

da fase de experimentação por ciclos de maturação e para o posicionamento dos genótipos no mercado. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi identificar as curvas e os picos de maturação de três genótipos elite de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético da Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG), no estado de Goiás. Foram avaliados os genótipos RBo74046, RBo74067 e RBo64128, mais duas testemunhas: RB867515 (ciclo médio/tardio) e RB966928 (ciclo precoce/médio). O experimento foi conduzido na área experimental da Escola de Agronomia, na UFC. Foram coletados dados do teor de sólidos solúveis totais (SST), aqui denominado de °Brix, este é o parâmetro biométrico de maior facilidade para determinação indireta do teor de sacarose. Para coleta dos dados, utilizou-se refratômetro digital de °Brix, marca ATAGO, com compensação automática da temperatura. Para cada um dos genótipos, foram amostrados aleatoriamente três colmos. De cada colmo, foi extraído caldo na porção basal, na porção mediana e no topo do colmo, para mensuração do °Brix. As amostras foram coletadas a cada 30 dias, na última semana do mês, entre abril e novembro de 2020. Estabeleceu-se as curvas de maturação por meio da regressão polinomial de segunda ordem considerando a média mensal do °Brix dos genótipos. Observou-se que o genótipo RBo74067 possui aptidão para colheita em todos ciclos de maturação; o clone RBo74046 foi classificado como maturação média e tardia; e o genótipo RBo64128 possui maturação tardia.

Palavras-chave: brix; *Saccharum spp*; melhoramento genético.

Agradecimento: RIDESA-UFG

# DESEMPENHO DE HÍBRIDOS TESTCROSSES DE MILHO EM COIMBRA, MG. SAFRA 2021/2022

Victória Manhago Salvador<sup>1</sup>; Jean Márcio de Barros<sup>1</sup>; João Artur Zelenski<sup>1</sup>;  
Nathália Campos Vilela Resende<sup>2</sup>; Alison Uberti<sup>2</sup>; Rodrigo Oliveira de Lima<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup> Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa - MG, Brasil.

<sup>2</sup> Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa - MG, Brasil.

<sup>3</sup> Professor do Departamento de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa - MG, Brasil. \*rodrigoodelima@ufv.br

A introdução de germoplasma temperado de milho em ambientes tropicais é uma das formas de aumentar a diversidade genética e a frequência de alelos favoráveis do germoplasma tropical. Materiais temperados são mais precoces em relação ao germoplasma tropical, além de possuírem arquitetura de planta que permite o aumento da população de plantas por hectare nas áreas de cultivo. Essas características, juntamente com a tolerância a estresses bióticos e abióticos, observado no germoplasma tropical, permitem o desenvolvimento de híbridos altamente produtivos. Portanto, objetivou-se com esse trabalho avaliar o desempenho agrônomico de híbridos testcrosses tropicais/temperados e tropicais de milho, na safra 2021/2022. Foram avaliados 124 híbridos tropicais/temperados, 111 híbridos tropicais e 10 testemunhas na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra/MG. O delineamento experimental utilizado foi em blocos aumentados, com repetição das testemunhas em cada bloco. Cada parcela foi constituída de uma linha com quatro metros, espaçadas em 0,8m. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias até o florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), números de grãos da espiga (NGE), massa de 1000 grãos (M1000, g) e produtividade

de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e, para os caracteres significativos, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. Foi possível observar efeito de genótipo para todos os caracteres avaliados ( $P < 0,01$ ). Para o desdobramento de genótipo em híbridos experimentais, testemunhas e contraste entre eles, foi possível observar efeito de híbridos experimentais para todas os caracteres avaliados. Além do contraste experimentais vs. testemunhas efeito para os caracteres FF, NGE e PG. As estimativas do coeficiente de variação experimental variaram de 1,3% (FF) a 9,86% (PG), indicando boa precisão experimental. A média geral para FF foi de 67,37 dias. Para AP e AE, as médias foram de 246,95cm e 129,73cm, respectivamente. Para M1000 e NGE a média geral foi de 379,97 grãos e 520,14g, respectivamente. Para o caractere PG, a média foi 8.878,20 kg/ha. Em relação a FF, os híbridos foram agrupados em quatro grupos. Para o grupo de 43 híbridos experimentais mais precoces, foi possível observar que 19 foram híbridos tropicais/temperados. Em média, esses híbridos proporcionaram redução de até 6 dias comparado a média geral. Para os demais caracteres avaliados, não foi possível agrupar os genótipos pelo presente teste. Foi possível observar que a média dos híbridos tropicais/temperados para AE foi inferior à média geral. Dentre os 20 híbridos mais produtivos, seis foram híbridos tropicais/temperados. Destaca-se o híbrido tropical/temperado 95V2048 com alta PG e NGE, além de ser um dos híbridos mais precoces. Conclui-se que a introdução de germoplasma temperado pode proporcionar menor inserção de espigas e aumentar precocidade e produtividades de grãos dos híbridos.

Palavras-chave: *Zea mays*; melhoramento de milho; germoplasma temperado; diversidade genética.

Agradecimentos: CNPQ e Capes.

# DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES AMBIENTÔMICOS PARA MELHORAMENTO DE ARROZ NO ESTADO DE GOIÁS

**Marco Antônio Marcelino Bahia<sup>1</sup>; Gustavo Eduardo Marcatti<sup>2</sup>; Augusto César G. de Lima<sup>1</sup>; Bruno Achcar Trevisan<sup>3</sup>; Flávio Breseghello<sup>4</sup>; Rafael Tassinari Resende<sup>5</sup>**

<sup>1</sup> Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. \*mrbahia@discente.ufg.br

<sup>2</sup> Professor da Universidade Federal de São João Del-Rei. Sete Lagoas-MG, Brasil.

<sup>3</sup> Agronomia, Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

<sup>4</sup> Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

<sup>5</sup> Professor da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos alimentos base da dieta brasileira, sendo, portanto, estrategicamente imprescindível seu cultivo e a independência produtiva visando a garantia alimentar da população. Dentro da rizicultura, a escolha do genótipo adequado para o plantio é o fator que impacta com maior força o resultado do empreendimento. Buscando embasar essa tomada de decisão, a ambientômica vem sendo aplicada com o objetivo de selecionar genótipos com maior potencial produtivo para certas áreas de interesse. O objetivo desse trabalho foi gerar e analisar a participação dos marcadores ambientômicos para os dados de produção total de arroz de terras altas no estado de Goiás. Os dados experimentais foram fornecidos pela Embrapa Arroz e Feijão, onde foram avaliados 1723 genótipos de arroz em 20 municípios do estado, em diferentes configurações e disposições nos anos de 1982 a 2018. Para a geração dos marcadores ambientômicos foram utilizados dados das plataformas SoilGrids, WorldClim2 e NasaPower, ao todo, foram coletadas 393 covariáveis ambientais.

A geração dos marcadores ambientômicos foi realizada utilizando o método de Monte Carlo, para 1000 iterações e considerando sempre a presença dos vinte municípios onde estão alocados os experimentos da EMBRAPA. Utilizando o algoritmo *Random Forest* obtivemos o IncMSE % (incremento no erro médio quadrático) para avaliarmos o grau de importância de cada variável para o modelo aplicado em toda a extensão do estado de Goiás, que foi representado por uma malha de 2873 pontos espaçados regularmente em pixels de 100km<sup>2</sup>. Utilizando um sistema que ranqueava e pontuava as cinco covariáveis ambientais mais importantes para o modelo em cada uma das 1000 iterações, chegamos ao resultado que aponta que a quantidade de Nitrogênio na camada de 60-100 cm no percentil 95, foi a mais influente ficando em primeiro lugar em 68,5% das vezes, seguida pela média corrigida da precipitação total no mês de março e pela capacidade de troca catiônica na camada de 15-30 cm no percentil 5, ficando com a primeira colocação em 24,6% e 1,3% das vezes, respectivamente. Quanto às plataformas, a NasaPower teve a maior média da soma da pontuação das covariáveis, seguida pela SoilGrids e WorldClim2.

Palavras-chave: ambientômica; covariantes ambientais; arroz de terras altas; Monte Carlo; IncMSE.

Agradecimento: EMPRABA, CNPQ.

# DETERMINAÇÃO DO MELHOR PERÍODO PARA REALIZAÇÃO DE CRUZAMENTOS ARTIFICIAIS EM SOJA

Caroline Patricia Menegazzi<sup>1</sup>; Otávio Ramos Campagnolli<sup>2</sup>; Felipe Chade de Quadra<sup>2</sup>;  
Gabriel Capelin Ignoato<sup>2</sup>; Nathália Montemezzo<sup>3</sup>; Giovani Benin<sup>4</sup>

1 Mestranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil. \*carolinemenegazzi@alunos.utfpr.edu.br

2 Graduandos em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

3 Graduanda em Agronomia. Instituto Federal do Paraná. Palmas-PR, Brasil.

4 Professor do curso de Agronomia e do programa de pós-graduação em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

A obtenção de cultivares em um programa de melhoramento de soja inicia com a realização de hibridações artificiais. As condições edafoclimáticas influenciam diretamente na taxa de pegamento dos cruzamentos, portanto, é importante definir as condições ambientais ideais para a realização das hibridações artificiais, buscando o aumento da eficiência da atividade aliada a elevadas taxas de sucesso. O objetivo deste trabalho foi identificar o melhor período e as condições ambientais ideais para a realização de hibridações artificiais em soja, realizadas em condições de campo aberto em Pato Branco-PR. O experimento foi conduzido na Universidade Tecnológica Federal do Paraná, *Campus* Pato Branco, na safra 2020/21, entre os meses de setembro a março. O bloco de cruzamento foi composto por nove cultivares de soja (BMXRaiolIPRO, NS5700IPRO, 95Yo2IPRO, BMXLançaIPRO, NS5445IPRO, M5838IPRO, TMG7058IPRO, BMXZeusIPRO e NK6201IPRO), cultivadas em 10 épocas de plantio escalonado, com intervalo de semeadura de sete dias. Os cruzamentos foram realizados em

esquema de dialelo simples. Foram realizadas 36 combinações híbridas, em condições de campo, em dois períodos do dia, determinados como H1 (09:00h às 12:00h) e H2 (14:00h às 17:00h). A técnica de cruzamento adotada consiste na emasculação da flor do genitor feminino, seguida da aplicação do pólen coletado do genitor masculino sobre o estigma da flor emasculada. As variáveis analisadas foram umidade relativa do ar, temperatura do ar, número de polinizações realizadas, número de vagens sem sépalas, número de sementes produzidas e porcentagem de vagens sem sépalas. Os dados foram analisados por estatísticas descritivas. Ao todo, foram realizados 418 cruzamentos artificiais, dos quais se obteve 92 vagens sem sépalas, totalizando 204 sementes. No período H1 foram realizadas 224 polinizações, resultando em 43 vagens sem sépalas e 96 sementes, com taxa de pegamento de 19,20%. No período H2 foram realizadas 194 polinizações, gerando 49 vagens sem sépalas e 108 sementes, acarretando em taxa de pegamento de 25,26%. Ainda que, em H2 (14:00h às 17:00h) tenham sido realizados um menor número de hibridações, o período apresentou maior número de vagens sem sépalas e conseqüentemente, um maior número de sementes, possivelmente atribuído a maior receptividade do estigma e maior viabilidade do pólen durante a polinização, atrelada a uma menor ocorrência de abortamento de vagens e sementes. Deste modo, a maior taxa de pegamento ocorreu em H2, período no qual se registrou temperatura média do ar de 37,7 °C e umidade relativa média do ar de 34%, caracterizando-se como condições edafoclimáticas favoráveis para a obtenção de sucesso em cruzamentos. Neste contexto, para as condições edafoclimáticas de Pato Branco-PR, o melhor horário para a realização de hibridações artificiais em soja é o período entre as 14:00h às 17:00h, proporcionando taxa de pegamento de 25,26%, em condições de campo.

**Palavras-chave:** melhoramento de soja; hibridação artificial; taxa de pegamento; umidade relativa do ar; temperatura do ar.

# DETERMINAÇÃO DO PONTO DE COLHEITA ADEQUADO E PERÍODO DE INDUSTRIALIZAÇÃO DE VARIEDADES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA O SUL GOIANO

Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos<sup>1\*</sup>; Renato de Carvalho Menezes<sup>1</sup>; Marcio Lisboa Guedes<sup>2</sup>;  
Bruna Mendes de Oliveira<sup>3</sup>; Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>3</sup>

1 Doutorando (a) em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. \*jessicafernadafs@discente.ufg.br

2 Melhorista. Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucoenergético - Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG). Goiânia-GO, Brasil.

3Professor (a). Escola de Agronomia - Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

A curva de maturação indica o acúmulo de sacarose em função do ciclo da cultura. O conhecimento adequado dessa curva é importante para identificar o ponto ideal de colheita, assim como o Período de Utilização Industrial (PUI), que é o intervalo de tempo em que a colheita pode ser realizada com alto teor de sacarose. O trabalho objetivou a obtenção da curva de maturação de variedades de cana-de-açúcar para determinar o ponto de colheita e o Período de Utilização Industrial (PUI). O experimento foi conduzido pela Ridesa na unidade industrial Usina São Francisco - SJC Bioenergia, em Quirinópolis – Goiás. Foram avaliadas nove variedades de cana-de açúcar: RBO36066, RBO36085, RBO36088, RBO36091, RB966928, RB975201, RB975952, RB988082 e CTC9004, sendo a última utilizada como testemunha. As variedades foram plantadas em fevereiro de 2017, distribuídas em oito blocos compostos de parcelas de duas linhas de 10 metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,5 metros.

Foram avaliados um bloco a cada mês, entre o período de abril a novembro de 2018. Em cada parcela foram amostrados cinco colmos para a análise tecnológica. As amostras foram analisadas no Laboratório de Análises Físico-químicas da Usina São Francisco. A curva de maturação foi construída com base no valor de açúcar total recuperável (ATR), calculado a partir da obtenção dos valores do peso do bagaço (bolo) úmido (PBU), brux do caldo (B) e pol do caldo (S), segundo o manual de instruções do CONSECANA. A curva de maturação foi obtida no *Software R*, versão 4.1.3, utilizando regressão polinomial de grau dois. Os coeficientes de determinação ajustados ( $R^2$ ) obtidos foram altos para RB988082 ( $=0,99$ ), RB036085 ( $=0,93$ ), RB036088 ( $=0,91$ ), RB966928 ( $=0,88$ ), RB975201 ( $=0,87$ ), RB036091 ( $=0,86$ ), RB036066 ( $=0,77$ ) e CTC9004 ( $=0,74$ ), com exceção da RB975952 ( $=0,49$ ). Os modelos de regressão foram significativos para as variedades: RB036085 ( $p<0,001$ ), RB988082 ( $p<0,001$ ), RB036088 ( $p=0,001$ ), RB966928 ( $p=0,002$ ), RB975201 ( $p=0,002$ ), RB036091 ( $p=0,003$ ), RB036066 ( $p=0,011$ ) e CTC9004 ( $p=0,015$ ), corroborando com o valor do  $R^2$  ajustado. O modelo de regressão da variedade RB975952 ( $p=0,082$ ) não foi significativo, indicando que outro modelo deve ser testado. As curvas de maturação indicaram variedades com ponto ideal de colheita médio (RB036088: julho/agosto) com PUI curto (junho/setembro), médio tardio (RB036085/RB036091/RB975201: julho/setembro; RB975952/RB988082/CTC9004: agosto/setembro) com PUI médio (junho/outubro), médio tardio (RB966928: julho/setembro) com PUI longo (maio/novembro) e tardio (RB036066: setembro/outubro) com PUI médio (maio/outubro). Os valores médios de ATR por período de utilização industrial variaram de 156,4 (CTC9004) a 181,2 kg/t (RB036085). Dessa forma indicamos a combinação das variedades RB966928, RB036085, RB988082 e RB036066, com potencial para permitir um longo período de utilização pela indústria.

Palavras-chave: análises tecnológicas; açúcar total recuperável; curva de maturação.  
Agradecimento: CNPQ.

# EFEITO DO MANEJO DO SOLO E INOCULAÇÃO COM *Azospirillum brasilense* NO DESEMPENHO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE MILHO

Marcelo Henrique dos Santos<sup>1\*</sup>; Wagner Emerson Aguiar<sup>2</sup>;  
Eliane Cristina Gruszka Vendruscolo<sup>3</sup>; Robson Fernando Missio<sup>3</sup>

1 Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado De Mato Grosso. Cáceres-MT, Brasil. \*marcelohsantos1997@gmail.com

2 Engenheiro Agrônomo. Universidade Federal do Paraná. Palotina-PR, Brasil.

3 Professor da Escola de Agronomia. Universidade Federal do Paraná. Palotina-PR, Brasil.

Um dos gargalos para a produção de milho (*Zea mays* L.) é a necessidade de grande oferta de fertilizantes nitrogenados que onera os agricultores. Uma solução para este problema é utilizar a proteobactéria *Azospirillum brasilense* como inoculante. No entanto, os resultados experimentais com inoculantes variam dependendo, por exemplo, do sistema de manejo do solo utilizado. O sistema de plantio direto (PD) requer o revolvimento do solo apenas na linha, mantendo a palhada sobre o solo e rotação de culturas, enquanto o sistema de pousio (SP) não requer nenhum manejo. O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da inoculação com *Azospirillum brasilense* nas características morfofisiológicas e de produtividade de três genótipos de milho em duas entressafras. O experimento foi realizado duas vezes (2019 e 2020) em Palotina – PR, seguindo um delineamento inteiramente casualizado em arranjo fatorial (2x3x2). O solo é classificado como Latossolo Vermelho eutrófico e o clima se enquadra na classificação Cfa (subtropical úmido) de acordo com a classificação climática de Köppen. Doze tratamentos foram realizados e cada um foi repetido três vezes. As unidades experimentais tinham 3 m de comprimento e cada tratamento

continha quatro linhas. Neste processo foram utilizados: (A) o sistema plantio direto (PD) e o sistema de pousio (SP) - sendo este último utilizado como controle; (B) três híbridos de milho: Dekalb 255 PRO3 (DKB 255), Agrocerec 9000 PRO3 (AG 9000), Dekalb 330 PRO3 (DKB 330); e (C) inoculação com *Azospirillum brasilense* ou ausência de inoculação. Todos os dados foram inicialmente submetidos a teste de normalidade, homogeneidade e análise de variância. Quando foram detectados efeitos significativos, as médias dos tratamentos foram comparados usando o teste de Tukey a 5% de probabilidade usando o software Sisvar®. A Análise de Componentes Principais (PCA) também foi realizada. Todos os dados foram obtidos na correlação de Pearson utilizando o modelo *broken-stick* que retém os componentes principais (CPs). Os resultados mostraram que os sistemas de plantio avaliados tiveram um maior efeito nos parâmetros morfofisiológicos e de produtividade em comparação com a inoculação com *Azospirillum brasilense*. Não houve diferenças morfofisiológicas distintas entre os tratamentos. O SP (inoculado ou não) esteve mais relacionado aos parâmetros de produtividade (rendimento de grãos – RG, kg. ha<sup>-1</sup>, peso de 100 sementes - P100 g, altura de planta – AP cm, e número de folhas - NL) do que o PD em ambas as entressafras. Entre os híbridos, o Dekalb 255 PRO3 (DKB 255) apresentou os maiores RG e P100. Assim, este híbrido foi considerado bem adaptado às entressafras do oeste do Paraná. O efeito da inoculação foi praticamente nulo e não influenciou a produtividade estimada dos diferentes híbridos escolhidos.

Palavras-chave: melhoramento de milho; índices de seleção; resposta correlacionada.

Agradecimento: CNPQ.

# EFICIÊNCIA DOS BLUP's TEMPORAIS DE ÍNDICES DE VEGETAÇÃO EM DETECTAR GENÓTIPOS POTENCIAIS ANTES DA MATURIDADE FISIOLÓGICA EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Barbara Nascimento Santos<sup>1\*</sup>; Laila Gabriele dos Santos Vitor<sup>1</sup>; Darliton Alex Silva Feitosa<sup>1</sup>; Jéssica dos Santos Oliveira<sup>1</sup>; José Jairo Florentino Cordeiro Junior<sup>2</sup>; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil. \*barbaranascimento2804@gmail.com

<sup>2</sup> Professor Doutor, curso de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – SE.

A fenotipagem de alto rendimento vem exercendo papel fundamental no desenvolvimento de novos cultivares de milho, não somente pela redução do tempo de avaliação, mas também trazendo economia e sustentabilidade para os processos. Objetivou-se averiguar a eficiência da fenotipagem por imagens aéreas RGB em detectar genótipos de milho com alto potencial produtivo antes da maturidade fisiológica em três espaçamentos distintos. O experimento foi implantado na Fazenda experimental da Embrapa Semiárido, localizada no município de Nossa Senhora da Glória – SE, no ano agrícola de 2021. Foi utilizado delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições, com esquema em faixas, sendo avaliado quatro genótipos em três espaçamentos distintos. As parcelas foram constituídas por duas linhas de 8 m, com espaçamento de 0,20 m entre plantas e com espaçamentos entre linhas de 0,60; 0,70 e 0,80 m. Foram realizados um total de 7 voos em diferentes datas, a saber: 19; 26; 43; 57; 62; 69 e 75 dias de voo após o plantio (DVAP), utilizando duas alturas de voo, 60 e 80 m. A produtividade de grãos foi determinada a 13% de umidade. Houve variabilidade entre os genótipos e o ranking produtivo

foi determinado pelo teste de Tukey. Foram utilizados um total de 37 índices de vegetação. A herdabilidade de cada índice foi computada para fins de seleção dos melhores. Os BLUP's temporais (TBLUPS) dos índices foram determinados por modelos mistos. Realizou-se então uma avaliação da série temporal TBLUPS vs DVAP para 60 e 80 m de altura, separadamente. O voo de 80 m apresentou os índices BI, Blue, Green e TGI como os mais promissores em diferenciar os genótipos em 43 DAP ( $h^2$  de 73; 62; 73 e 70%, respectivamente) e 57 DAP ( $h^2$  50; 60; 52 e 58%, respectivamente). Com esses resultados foi possível determinar uma assinatura digital genotípica, permitindo diferenciar genótipos em um período fenológico crítico, onde a planta está determinando seu potencial produtivo. Geralmente ocorrido entre a sexta/sétima semana após a emergência. Esse estágio é conhecido como IAF crítico (Índice de área foliar) e é caracterizado pela confirmação do número de fileiras de grãos e o número de grãos por fileira na espiga. Resultados promissores, permitindo ao melhorista identificar genótipos potenciais antes da maturidade fisiológica, diminuindo a aplicação de recursos e aumentando as chances de sucesso no desenvolvimento de novos cultivares em região com dinâmica climática, como é o caso da região semiárida.

Palavras-chave: predição por imagem; imagem RGB; melhoramento vegetal; VANT's; *Zea mays* L.

Agradecimentos: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), EMBRAPA Semiárido, Universidade Federal de Sergipe, CNPQ.

# ESTABELECIMENTO IN VITRO DE *Hyptis pycnocephala* (LAMIACEAE) E ANÁLISE DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL

Laila Tiago Chaga<sup>1\*</sup>; Maria Tereza Faria<sup>2</sup>; Sérgio Tadeu Sibov<sup>3</sup>; Realino José de Paula<sup>4</sup>

1 Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. \*lailachaga.bio@gmail.com

2 Pós-doc em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Professor do Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

4 Professor da Faculdade de Farmácia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

Espécies pertencentes a família Lamiaceae são popularmente conhecidas pelo uso medicinal e pela produção de óleos essenciais como a hortelã (*Mentha spicata*), alecrim (*Salvia rosmarinus*) e salvia (*Salvia officinalis*). *Hyptis pycnocephala* Benth., herbácea de porte arbustivo, ocorre em campos limpos e rupestres nos estados de Tocantins e Goiás. O gênero consta como ameaçado no Livro Vermelho da Flora do Brasil e a espécie categorizada como “vulnerável” pelo CNCFlora. É utilizada pela comunidade Kalunga no tratamento de doenças respiratórias e distúrbios gastrintestinais. A propagação in vitro da espécie pode minimizar o impacto causado pela degradação ambiental e atividade extrativista. O conhecimento da composição química dos óleos essenciais (OE) pode estimular pesquisas de conservação da mesma. Neste contexto, o objetivo do trabalho é realizar a propagação e estabelecimento in vitro de *H. pycnocephala*; obter, caracterizar e comparar composição do OE das populações naturais e das obtidas in vitro. Material vegetal foi coletado município de Cavalcante – GO. Parte deste material foi descontaminado e utilizado para propagação in vitro da espécie. Testes

de germinação, tipo de meio de cultura, brotação, enraizamento e aclimação foram submetidos à Análise de Variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ( $\alpha=0,05$ ). Outra parte do material vegetal coletado foi processado para obtenção e análise dos compostos do OE por hidrodestilação utilizando aparelho de Clevenger. A composição química foi determinada por cromatografia gasosa acoplada a espectrômetro de massas (CG/EM). Para germinação, o melhor tratamento indicou que as sementes fiquem imersas 24 h em 200 mg/L de Ácido Giberélico ( $GA_3$ ). O meio de cultura WPM foi o de melhor para o desenvolvimento *in vitro*. Para brotação, a concentração de 1,5mg/L de 6-Benzilaminopurina (BAP) é a indicada. Para o enraizamento, concentração de 0,5mg/L de Ácido Naftaleno-acético (ANA) foi a melhor. A análise do óleo obtido à campo revelou quantidade majoritária dos terpenos endofencol,  $\alpha$ -pineno e  $\beta$ -cariofileno. Revisão de literatura demonstra potencial antifúngico, antiinflamatório, anti-epilético e pesticida dos mesmos. O 1,8 cineol, monoterpeneo presente neste óleo, tem sido muito estudado para tratamento de doenças respiratórias. Estes resultados fornecem subsídios para estudos de novas fontes de compostos relevantes, valorização da espécie, estabelecimento de estratégias de conservação, uso sustentável deste recurso genético vegetal além de estímulo a conservação de áreas nativas de Cerrado.

Palavras-chave: Cerrado; plantas medicinais; cultura de tecidos vegetais; terpenos.

# ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM PARA PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE GRÃOS

Eduardo Almeida Alves<sup>1\*</sup>; Saulo Muniz Martins<sup>2</sup>; Helton Santos Pereira<sup>3</sup>; Leonardo Cunha Melo<sup>3</sup>

1 Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.  
\*eduardoalmeidaalves10@gmail.com

2 Pós-doutorando. Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

3 Pesquisador. Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) assume grande importância por apresentar ciclo curto, ser semeado em até três safras durante o ano, na maior parte do Brasil, e em diferentes níveis tecnológicos. Neste contexto, verifica-se que os fatores ambientais, inerentes aos sistemas de produção, evidenciam um efeito pronunciado da interação de genótipos por ambientes (GxA). Isto dificulta a recomendação das melhores cultivares para cada região de produção, sendo necessário estimar a estabilidade e adaptabilidade para uma recomendação segura. Portanto, o objetivo deste trabalho foi a avaliação do efeito da interação GxA, através da estimação da estabilidade e adaptabilidade de linhagens elite de feijão-comum para produtividade e qualidade de grãos. Foram utilizados dados de 37 ensaios conduzidos em delineamento de blocos casualizados, com três repetições, com 19 linhagens elite de feijão-comum da Embrapa e quatro testemunhas. As parcelas foram constituídas de quatro linhas de quatro metros, seguindo as recomendações do MAPA para condução de ensaios finais de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Foi avaliado a produtividade ( $\text{kg ha}^{-1}$ ) (PROD), cor de grãos armazenados (CGA), rendimento de peneira (%) (RP) e massa

de 100 grãos (g) (M100). Realizou-se análise de variância individual e conjunta, teste de comparação de médias Scott-Knott, a 5% de significância, estabilidade e adaptabilidade pelo método de Nunes. A análise de variância demonstrou diferença significativa entre genótipos, ambientes e para o efeito da interação GxA, a 1% de significância, para todos os caracteres. O teste de comparação de médias evidenciou que para PROD, CGA, RP e M100, as linhagens CNFC 17310 (2314 kg ha<sup>-1</sup>), CNFC 17270 (2,17), CNFC 17275 (86,27%) e CNFC 17302 (28,18 g), respectivamente, foram as melhores classificadas. O método de Nunes demonstrou que, para PROD, a CNFC 19133 foi a mais adaptável e a CNFC 17328 a mais estável; já para CGA a CNFC 17270 desempenhou melhor resultado para os dois parâmetros; ainda, para RP a CNFC 17275 apresentou maior adaptabilidade e a CNFC 17270 demonstrou maior estabilidade; e para M100 a CNFC 17270 foi a mais estável e a CNFC 17302 a mais adaptável. De maneira geral, as linhagens apresentaram resultados superiores às testemunhas utilizadas. A CNFC 17270 possui potencial para lançamento como nova cultivar, por angariar produtividade e qualidade de grãos, assim como a CNFC 19133 que apresenta ampla adaptação e estabilidade de desempenho.

Palavras-chave: estabilidade; adaptabilidade; *Phaseolus vulgaris* L.

Agradecimento: CNPq e Embrapa Arroz e Feijão.

# ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA VIA EIXOS CANÔNICOS PARA A DISTINÇÃO DE CLONES DO SUBGRUPO PRATA

Renata Aparecida Neres Faria<sup>1</sup>; Fátima de Souza Gomes<sup>2</sup>; Luiza Thaiany da Silva<sup>3</sup>;  
Allyson Gabriel Santos de Paula<sup>3</sup>; Silvia Nietsche<sup>4</sup>; Samy Pimenta<sup>5</sup>

1 Doutoranda em Produção Vegetal no Semiárido. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil. \*renataapneres@gmail.com

2 Mestranda em Produção Vegetal no Semiárido. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

3 Graduandos em Agronomia. Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

4 Professora da Universidade Federal de Minas Gerais. Montes Claros-MG, Brasil.

5 Professor da Universidade Estadual de Montes Claros. Janaúba-MG, Brasil.

A banana (*Musa* spp.) é uma das culturas de maior importância socioeconômica no Brasil. Em ensaios para a distinção de cultivares, descritores morfológicos são comumente utilizados. Mas quando se trata de plantas perenes, propagadas vegetativamente, a distinção pode ser dificultada. Técnicas estatísticas multivariadas permite a estimativa de variabilidade genética em um conjunto de clones sob observações fenotípicas. Essas podem ser úteis na distinção de clones. Objetivou-se estimar a dissimilaridade genética de seis clones de bananeiras por meio da análise de variáveis canônicas, com a finalidade de distinguir morfológicamente os clones do subgrupo prata. O estudo foi conduzido em uma área comercial localizada na colonização Paraguaçu, em Nova Porteirinha-MG. Adotou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso contendo quatro repetições e parcela útil com seis plantas. Foram avaliados seis clones de bananeiras, duas testemunhas, 'Grande Naine' e 'BRS Princesa' e quatro clones do

subgrupo prata. Foram considerados onze descritores morfoagronômicos: números de frutos; comprimento do fruto; índice SPAD; comprimento do pseudocaule; diâmetro da base; comprimento do cacho; diâmetro do cacho; comprimento da penca; diâmetro da penca; número de pencas e a massa do cacho. Para a análise de variáveis canônicas utilizou-se o *software* estatístico *R Development Core Team*<sup>®</sup> versão 4.1.3. Puderam-se constatar diferenças significativas entre os clones, em todos os descritores avaliados. Essas verificações são indicativas da existência de variabilidade genética, possibilitando o emprego da análise de variáveis canônicas. Observou-se que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram 97,27% da variação total contida no conjunto de dados originais, indicando a utilização dos dois primeiros eixos canônicos para a dispersão gráfica bidimensional e evidenciando, clones de bananeiras geneticamente distintos através da formação de grupos. Porém, a divergência genética considerando os 11 descritores, possibilitou a formação de três grupos: grupo I (as quatro variedades do subgrupo prata), grupo II ('Grande Naine') e grupo III ('BRS Princesa'), sendo o clone 'BRS Princesa' o mais divergente. Desta forma, as variáveis consideradas não foram suficientes para a distinção dos clones do subgrupo prata considerados, sendo necessário o uso/recomendação de outras variáveis para este fim.

Palavras-chave: *Musa* spp.; análise multivariada; agrupamento; variabilidade; variáveis canônicas.

Agradecimento: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (PIBITI/CNPq/UNIMONTES), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

# ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI NO SUDOESTE DA AMAZÔNIA

Niqueli Cunha da Costa Sales<sup>1\*</sup>; Joaes Alves da Silva Pereira<sup>2</sup>; Gabriela<sup>1</sup>; Vanderley Borges dos Santos<sup>3</sup>; Suzy Anne Araújo e Silva<sup>2</sup>; Carolaine Nascimento dos Santos<sup>4</sup>

1 Mestrandas em Produção Vegetal. Universidade Federal do Acre. Rio Branco-AC, Brasil. \*niquelisales@gmail.com

2 Doutorandos em Produção Vegetal. Universidade Federal do Acre. Rio Branco-AC, Brasil.

3 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Professor em Engenharia Agrônômica. Universidade Federal do Acre. Rio Branco-AC, Brasil.

4 Agrônoma. Centro Universitário Aparício Carvalho. Porto Velho-RO, Brasil.

No Acre, estado que apresenta limitações ambientais, as pesquisas de melhoramento adquirem importância significativa para a recomendação de variedades e cultivares de feijão-caupi aos produtores da região; visto que a espécie apresenta extrema importância socioeconômica na região. Por isso, o objetivo desse trabalho foi estimar os parâmetros genéticos em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi em Rio Branco, Acre. Assim, foi realizado um experimento na unidade experimental da Universidade Federal do Acre utilizando o delineamento experimental em blocos casualizados (DBC) com 12 tratamentos e duas repetições, em que foram avaliadas três progênies das variedades Manteiguinha, Branco, Preto e Barrigudinho. Os caracteres analisados foram: comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), espessura de vagem (EV), comprimento de grão (CG), largura de grão (LG), espessura de grão (EG), número de lóculos por vagem (NLV) e peso de 50 sementes (P50S). Os parâmetros genéticos

estimados foram: variância fenotípica ( $\sigma_p^2$ ), variância genotípica ( $\sigma_g^2$ ), variância ambiental ( $\sigma_A^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ), correlação intraclasse, coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), razão  $CV_g/CV_a$  e acurácia seletiva [ $r = (1-1/F)^{0.5}$ ] utilizando-se o *software* Genes. Foi realizada a análise de variância, pelo teste F a 1% de probabilidade, a partir da qual foram constatadas diferenças significativas para 7 das 8 variáveis analisadas, com exceção do NLV, o que indica haver pouca variabilidade genética para este caráter. Ademais, observou-se a predominância das variâncias genotípicas sobre as ambientais para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para o NLV, evidenciando que os valores paramétricos foram significativos. Entretanto, a variância fenotípica foi superior à variância para todos os caracteres, indicando interferência ambiental; todavia, não significativa. Os valores de herdabilidade foram significativamente altos para a maioria dos caracteres, variando de 48%, para NLV, a 96,6%, para CV, este último estando no ideal para o melhoramento genético. O coeficiente de variação genético variou de 1,75 (NLV) a 31,73% (P50S), em que o P50S foi, dentre os caracteres estudados, o que apresentou maior variabilidade, ou seja, o mais promissor para a realização de seleção; enquanto os caracteres NLV (1,75%), EV (11,6%) e LG (11,75%) foram os menos promissores. Quanto à relação  $CV_g/CV_e$ , esta foi igual a 0,68% para o NLV, enquanto para os demais caracteres ela foi superior a 1%. Conforme os resultados da avaliação da acurácia seletiva, valores acima de 0,9, pôde-se inferir que o processo de seleção foi eficiente para os caracteres avaliados, exceto para o NLV. Não obstante, a correlação intraclasse, por ter sido superior a 70%, indicou a existência de correlação significativa entre o que se estava selecionando e o material do ciclo seguinte, exceto para o NLV. Portanto, a população apresentou variabilidade genética e amplo potencial para o melhoramento, evidenciados pelos altos valores de  $CV_g$  e  $h^2$ .

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; variabilidade genética; seleção.

# ESTIMATIVA DO POTENCIAL GENÉTICO PRODUTIVO DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO

Nartênia Susane Costa Aragão<sup>1</sup>; Alex Florentino da Silva; Barbara Nascimento Santos; Jessica dos Santos Oliveira<sup>1</sup>; José Jairo Florentino Cordeiro Junior<sup>2</sup>; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira<sup>2</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil. nartenia.aragao@gmail.com

2 Professor Doutor, curso de Engenharia Agrônômica, Universidade federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil.

O milho (*Zea mays* L.), espécie de metabolismo fotossintético C<sub>4</sub>, é uma das principais matéria-prima na produção de ração. Objetivou-se estimar o potencial genético produtivo de híbridos comerciais de milho no alto sertão sergipano. O experimento foi implantado na fazenda experimental da Embrapa – Semiárido, localizada no município de Nossa Senhora da Glória – Sergipe, na safra de 2021. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com duas repetições e 27 genótipos, totalizando 54 parcelas experimentais, constituídas de duas linhas de 5 metros, espaçadas em 0,70 m e com espaçamento entre plantas de 0,20 m. Os caracteres avaliados foram número de espigas na parcela, peso de espiga, peso de grãos total na parcela, altura de planta e espiga, posição relativa da espiga, florescimento masculino e feminino e produtividade de grãos. Realizou-se a análise de componentes principais (CP), posteriormente, o GGE biplot, “Desempenho médio vs. Estabilidade” e “Quem-ganhou-onde”. Com a análise de componentes principais, observou-se que o número de espigas na parcela, peso de espiga, peso de grãos total na parcela e posição relativa da espiga destacou-se no CP1. No biplot “Desempenho médio vs. Estabilidade”, os genótipos GNZ 18 (Ex 3W05L Vip3) e KWS 9822 (Vip3), ficaram acima da

média e possuem maior estabilidade. No biplot “Quem-ganhou-onde” os genótipos GNZ 96 e GNZ 18 (Ex 3W05L Vip3), apresentaram valores mais altos características relacionadas a produtividade no CP1. Além disso, os componentes principais dos biplots representaram 61,95% da variação total, comprovando que há confiabilidade nos resultados. Dessa forma, os genótipos GNZ 18 (Ex 3W05L Vip3) e KWS 9822 Vip3) e GNZ 96 podem ser selecionados como os melhores genótipos produtivos para o alto sertão sergipano.

Palavras-chave: *Zea mays* L; delineamento em blocos casualizados; GGE biplot.

Agradecimentos: EMBRAPA Semiárido, Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), Universidade Federal de Sergipe (UFS).

# ESTIMATIVA GENOTÍPICA EM DIFERENTES CLONES DE BANANEIRA COM ALTA HERDABILIDADE MÉDIA

Fátima de Souza Gomes<sup>1\*</sup>; Fabrícia Cardoso Oliveira<sup>1</sup>; Renata Aparecida Neres Faria<sup>2</sup>;  
Luiza Thaiany da Silva<sup>3</sup>; Marlon Cristian Toledo Pereira<sup>4</sup>; Samy Pimenta<sup>4</sup>

1 Mestranda em Produção Vegetal no Semiárido. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil. \*fatimaagro27@gmail.com

2 Doutoranda em Produção Vegetal no Semiárido. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil.

3 Graduada em Agronomia. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil.

4 Professor da UNIMONTES. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil.

A caracterização agrônômica e a estimativa da variabilidade genética dos clones de bananeira disponível para o melhoramento genético são informações úteis aos melhoristas. Diante disso, objetivou-se estimar os componentes de variância, parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos aditivos preditos ( $u+a$ ) em diferentes clones de bananeira. O estudo foi conduzido em uma área comercial localizada na colonização Paraguaçu, em Nova Porteirinha-MG. O delineamento experimental utilizado foi o delineamento em blocos ao acaso, sendo quatro repetições e parcelas úteis contendo seis clones de cada um dos seis tratamentos avaliados: 'Grande Naine', 'BRS Princesa' e quatro variedades do subgrupo 'Prata'. Foram considerados cinco descritores morfoagronômicos: comprimento do cacho (CC), comprimento de penca (CP), diâmetro de cacho (DC), massa do cacho (MC) e largura foliar (LF). Para estimativa dos parâmetros genéticos e predição dos valores genotípicos aditivos preditos utilizou-se a análise via modelos lineares mistos, com o modelo 2 indicado para avaliação de genótipos em várias repetições, várias observações por parcela, em um

local, uma colheita e dispostos em blocos completos. Utilizou-se o *software* Selegen-REML/BLUP para as análises. Para todos os descritores houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) pelo teste de razão de verossimilhança, evidenciando a variabilidade genética dos clones. Os resultados apontam para todos os descritores avaliados, que há baixa variância genética e alta variância ambiental, conseqüentemente, baixa herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2_g$ ). A herdabilidade da média do clone ( $h^2_{mc}$ ) variou de 0,40 (DC) a 0,76 (CP e LF). Os altos valores de  $h^2_{mc}$  para os descritores CC, CP e LF permitiram obter altas acurácias (0,71; 0,76 e 0,76) respectivamente. Considerando o ranqueamento com base nos valores genéticos aditivos dos melhores clones, destaca-se que o clone 'Grande Naine', que ocupou a primeira colocação simultaneamente no ranqueamento para todos os descritores morfoagronômicos avaliados. O procedimento REML/BLUP demonstrou-se útil para a predição dos valores genéticos, o que certamente contribui com maiores avanços dentro de programas de melhoramento genético da espécie, pois o desempenho distinto entre os clones é fonte base de variabilidade genética passível de ser explorada.

Palavras-chave: modelos lineares mistos; *Musa* spp.; parâmetros genéticos; produção; valor genotípico.

Agradecimento: CNPq; CAPES; FAPEMIG.

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PIMENTAS COM POTENCIAL ORNAMENTAL MEDIANTE MODELOS LINEARES MISTOS

Allyson Gabriel Santos de Paula<sup>1\*</sup>; Fátima de Souza Gomes<sup>2</sup>; Renata Aparecida Neres Faria<sup>3</sup>;  
Fabrícia Cardoso Oliveira<sup>2</sup>; Luiza Thaiany da Silva<sup>1</sup>; Samy Pimenta<sup>4</sup>

1 Graduando em Agronomia. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil. \*allyson.agro.eng@gmail.com

2 Mestranda em Produção Vegetal no Semiárido. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil.

3 Doutoranda em Produção Vegetal no Semiárido. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil.

4 Professor da Escola de Agronomia. UNIMONTES. Janaúba-MG, Brasil.

Alguns tipos de pimenteira estão sendo exploradas como plantas ornamentais. Folhas e frutos apresentam tamanhos, colorações e formatos variáveis, podendo ser utilizadas em programas de melhoramento. As estimativas de parâmetros genéticos servem de base para escolha de métodos mais adequados para conduzir populações segregantes. No caso de populações utilizadas em programas de melhoramento, os parâmetros de interesse são de duas naturezas: genética e não genética. A obtenção de informações a respeito do controle genético dos caracteres auxilia os melhoristas na tomada de decisão. Objetivou-se estimar os parâmetros genéticos em pimentas do gênero *Capsicum* com potencial ornamental, para fins de seleção, prosseguindo com um programa de Melhoramento de Pimentas Ornamentais em Minas Gerais. O trabalho decorreu em casa de vegetação na área experimental da Universidade Estadual de Montes Claros, *Campus* Janaúba-MG. Avaliou-se a população  $F_2$ , oriunda da hibridação manual dos acessos UNI 01 e UNI 07. Do número total de plantas,

foram selecionados aleatoriamente 100 genótipos para avaliação. Desses, foram coletados ao acaso cinco frutos por planta, para obtenção da média. Considerou-se os descritores quantitativos relacionados aos frutos: massa média do fruto (MMF), comprimento médio do fruto (CMF), diâmetro médio do fruto (DMF), comprimento do pedúnculo (CMP) e espessura média do pericarpo (EMP). Para a estimativa dos parâmetros genéticos utilizou-se a análise via modelos lineares mistos, com o modelo 60. Utilizou-se o *software* Selegen-REML/BLUP para as respectivas estimativas. Para todos os descritores houve diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), indicando a existência de variabilidade genética para tais descritores. Em relação às estimativas de coeficientes de variação genética aditiva individual (CVgi), os descritores DMF, CMP, EMP e CMF apresentaram valores baixos (5,12%; 7,08%; 7,14% e 7,86%), ao passo que, a MMF valor médio (11,55%). A quantificação da variabilidade genética pode ainda ser inferida pelo coeficiente de variação residual (CVe%), que variou de 15,38% a 34,66%. No geral, nenhuma das estimativas de acurácia foram superiores a 70%, o que seria ideal para a seleção de genótipos de pimenta no programa de melhoramento. Para as estimativas de parâmetros genéticos, constatou-se que para todas os descritores a variância ambiental foi maior em relação à variância genotípica. Para as estimativas de herdabilidades, foram observados valores de baixa magnitude. Infere-se com as estimativas dos parâmetros genéticos, que os genótipos estudados não possuem atributos favoráveis para fins de seleção de pimenta ornamental.

Palavras-chave: Selegen-REML/BLUP; *Capsicum*; melhoramento ornamental; população  $F_2$ .

Apoio financeiro: CNPq; CAPES; FAPEMIG.

# ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMENTO E TEOR DE ÓLEOS ESSENCIAIS DE *Croton grewoides* BAILL.

Itamara Bomfim Gois<sup>1</sup>; Laura Katharine Dória Prata Lima<sup>2</sup>; Taíse Conceição Rodrigues<sup>3</sup>; Lucas de Jesus Santos<sup>2</sup>; Arie Fitzgerald Blank<sup>4</sup>; Maria de Fátima Arrigoni-Blank<sup>4</sup>

1 Bolsista PNPB no Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão - SE, Brasil. \* itamara.bgois@gmail.com

2 Graduandos de Engenharia Agrônômica. Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão - SE, Brasil.

3 Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão - SE, Brasil.

4 Professores do Departamento de Engenharia Agrônômica. Universidade Federal de Sergipe. São Cristóvão - SE, Brasil.

*Croton grewoides* Baill., conhecida popularmente como canelinha, é uma espécie aromática pertencente à família Euphorbiaceae amplamente utilizada na medicina popular. A espécie apresenta diferentes atividades biológicas comprovadas como a fungicida, bactericida, antioxidante e inseticida. Tais atividades têm sido atribuídas à diversidade da composição química dos seus óleos essenciais. Considerando o potencial biológico e a ampla utilização da espécie, esta pesquisa foi realizada com o objetivo de estimar parâmetros genéticos para as variáveis teor e rendimento de óleo essencial de 20 acessos de *Croton grewoides* Baill. Os acessos estão conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Plantas Medicinais e Aromáticas da Universidade Federal de Sergipe. A coleção foi implantada em delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada repetição é composta por duas plantas. Para a extração dos óleos essenciais, as folhas de cada acesso foram secas durante cinco dias a  $40 \pm 1^\circ\text{C}$  em estufa de

secagem com fluxo de ar forçado. A extração dos óleos essenciais foi realizada por hidrodestilação em aparelho Clevenger modificado. Após a extração, avaliou-se o rendimento (mL/planta) e o teor (%T) de óleo essencial para cada acesso. A coleta de folhas foi realizada em duas épocas: maio e dezembro de 2021. As análises foram realizadas via REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/ melhor predição linear não viesada) utilizando o modelo de repetibilidade considerando o delineamento em blocos ao acaso. A herdabilidade genotípica ( $\sigma^2$ ) expressa a proporção da variação fenotípica que é explicada por fatores genéticos e foi igual a 0,4472 para a variável rendimento e igual a 0,4796 para a variável teor. O coeficiente de repetibilidade ( $r$ ) para a variável rendimento foi de 0,4498 e para a variável teor foi de 0,4820. A repetibilidade expressa o valor máximo que a herdabilidade pode atingir, pois expressa a variância fenotípica que é atribuída às diferenças genéticas, confundidas com os efeitos permanentes que atuam no genótipo/ acesso. A herdabilidade com base nos valores médios ( $\sigma^2$ ) foi superior à herdabilidade individual para as duas variáveis analisadas (Rendimento = 0,6184; Teor = 0,6487) e a acurácia foi considerada de alta magnitude (Rendimento = 0,88; Teor = 0,89). Os acessos CGR-302, CGR-307 e CGR-309 apresentaram as maiores estimativas de valores genotípicos para as variáveis analisadas. A coleção de *Croton grewoides* Baill. apresenta variabilidade genética que pode ser explorada em futuros programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: espécie aromática; canelinha; herdabilidade; repetibilidade; banco de germoplasma.

Agradecimento: CAPES; CNPQ.

# FRAÇÃO DO DNA REPETITIVO EM ESPÉCIES DE *Piper* L.

Liliana Rocivalda Gomes Leitão<sup>1\*</sup>; Lara Beatriz Oliveira<sup>2</sup>; Giovana Augusta Torres<sup>3</sup>;  
Magdalena Vaio Scvortzoff<sup>4</sup>

1 Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Lavras. Lavras-MG, Brasil. \*liliaceae@hotmail.com.br

2 Graduanda em Ciências Biológicas. Universidade Federal de Lavras. Lavras-MG, Brasil.

3 Professora do Departamento de Biologia. Universidade Federal de Lavras. Lavras-MG, Brasil.

4 Professora da Faculdade de Agronomia. Universidad de la República. Montevideú, Uruguai.

O gênero *Piper* L. possui diferentes espécies produtoras de óleos essenciais que são utilizados na composição química de fragrâncias e biopesticidas. Em avaliações do germoplasma de *Piper* da Embrapa Acre, as espécies *Piper aduncum* L. (pimenta-de-macaco) e *Piper hispidinervum* C.DC. (pimenta longa) foram identificadas como produtoras de dilapiol e safrol, respectivamente. Esses táxons apresentam caracteres morfológicos, agrônômicos e citogenéticos muito semelhantes, não sendo possível uma separação clara entre eles. Considerando a necessidade de identificar características que forneçam suporte na definição das relações genômicas entre os táxons, objetivou-se caracterizar e comparar a fração repetitiva de DNA presente nos genomas de *P. aduncum* e *P. hispidinervum*. DNA genômicos de ambos os táxons foram extraídos e sequenciados na plataforma Illumina HiSeq™ 4000. Os dados do sequenciamento do genoma de *Piper nigrum* L. (grupo externo) foram obtidos no banco ENA (*European Nucleotide Archive*). As análises individual e comparativa das sequências repetitivas dos três táxons foram realizadas na plataforma *RepeatExplorer*. Os elementos

repetitivos representaram 62% do genoma em *P. aduncum*, 60% em *P. hispidinervum* e 27% em *P. nigrum*. Os retrotransposons corresponderam a classe mais abundante das sequências repetitivas em todos os táxons, sendo a ordem LTR a mais representativa. Dentro dessa ordem, as superfamílias *Ty3-Gypsy* e *Ty1-Copia* apresentaram os maiores valores na análise comparativa, cerca de 50 e 5%, respectivamente. Quanto aos transposons, houve predomínio da família *hAT* e *MuDR\_Mutador* em *P. nigrum* e da família *EnSpm-CACATA* nas demais espécies. A proporção de sequências que codificam RNAs ribossômicos, como as matrizes de genes de DNAr 5S e 35S foi inferior a 1% nos táxons analisados. DNA satélites foram identificados em todos os genomas e foram classificados em superfamília e família conforme o grau de similaridade. Os genomas de *Piper* spp. são constituídos, principalmente, por elementos repetitivos, sobretudo os retrotransposons e possuem relações genômicas muito similares.

Palavras-chave: *Piper aduncum*; *Piper hispidinervum*; *Piper nigrum*; Elementos repetitivos.

Agradecimento: CNPQ e PIBIC.

# GANHOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE VARIEDADES TRADICIONAIS DE FEIJÃO-CAUPI DO ACRE

Suzy Anne de Araújo e Silva<sup>1</sup>; Vanderley Borges dos Santos<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Doutoranda em Produção Vegetal. Universidade Federal do Acre. Rio Branco-AC, Brasil. \*suzy.silva@sou.ufac.br

<sup>2</sup> Professor Doutor. Universidade Federal do Acre. Rio Branco-AC, Brasil.

A estratégia de seleção e o ganho que esta proporcionará pode orientar de forma mais efetiva um programa de melhoramento e indicar qual método resultará em maior ganho genético. O objetivo desse trabalho foi comparar os ganhos preditos por meio de diferentes métodos de seleção em progênies de variedades tradicionais de feijão-caupi no Acre. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Acre em Rio Branco-AC, onde foram avaliadas 11 progênies de variedades tradicionais em um delineamento em blocos casualizados com 2 repetições. Cada parcela era composta por um total de 20 plantas distribuídas em 2 linhas de 5 metros com espaçamento de 0,50m entre plantas e 1m entre linhas. Os caracteres avaliados foram massa de vagem, massa de cem grãos, comprimento médio das vagens, comprimento, largura e espessura de semente. A seleção das progênies foi feita utilizando as seleções entre e dentro, massal, massal estratificada e a seleção combinada, com intensidades de seleção de 80% entre e 50% dentro. Foram realizadas mensurações individuais de 5 plantas de cada parcela, selecionadas para acréscimo das médias originais com ganho de seleção calculado com base na intensidade de seleção. O processo de seleção combinada apresentou ganhos por seleção sempre superiores aos demais métodos de seleção para todos os caracteres avaliados. A eficiência do processo de seleção

combinada em comparação com o processo de seleção entre e dentro (SD/SED) foram significativos e superiores a 1 unidade, evidenciando a superioridade da seleção combinada. A seleção em um único estágio em que se considera simultaneamente o valor do indivíduo e de seus aparentados, permite inferir com maior acurácia o valor genético das unidades seletivas, refletindo assim, no acréscimo dos ganhos com a seleção combinada. As variáveis massa de vagens e massa de cem grãos, apresentaram as maiores estimativas de ganho genético, com valores de 55,91% e 55,32% pelo método de seleção combinada. Os menores ganhos foram observados para largura e espessura de semente, com 13,56% e 12,58% respectivamente. A intensidade de seleção de 80% entre e 50% dentro, mostrou-se adequada, apresentando ganhos expressivos e não comprometendo a base genética para recombinação. As famílias 5, 6, 9 e 11 foram as mais promissoras com ganho para todos os caracteres avaliados.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; métodos de seleção; variedades tradicionais.

Agradecimento: CNPQ.

# GENES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS NA FAMÍLIA SOLANACEAE

Jonatan Roberto de Lima<sup>1\*</sup>; Carina Raissa Rocha Oliveira da Cunha<sup>1</sup>; Álvaro Carlos Gonçalves Neto<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Mestrandos em Melhoramento Genético de Plantas. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil. \*jonatan.lima@ufrpe.br

<sup>2</sup> Professor Adjunto da Área de Fitotecnia do Departamento de Agronomia. Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Doenças em plantas são causadas por agentes bióticos, como fungos, vírus, bactérias e nematoides, e agentes abióticos, como fatores ambientais, genéticos, excesso ou falta de nutrientes. A identificação e manejo de doenças devem ser feitos rapidamente para que não haja danos severos e venha a comprometer a produção. Há diversas estratégias para o controle de doenças, como os métodos da evasão, exclusão, erradicação, proteção, terapia e resistência. Entretanto, devido a capacidade de disseminação e infecção dos patógenos, o controle acaba sendo tardio ou pouco eficiente. Tendo isso em vista, o método da resistência – utilizar cultivares resistentes ou tolerantes – torna-se uma alternativa viável para mitigar os danos causados pelos agentes bióticos. O objetivo deste trabalho é fazer um levantamento de genes de resistência a doenças na família Solanaceae através de buscas no Banco de Dados de Genes de Resistência em Plantas (PRGdb; Plant Resistance Genes Database 4.0). No tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) foi encontrado o gene Asc-1 que confere resistência ao agente *Alternaria alternata*; o gene Bs4 inibe a *Xanthomonas campestris* e *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*; o gene Hero confere resistência ao *Globodera* spp., nematoide-dourado-da-batata causador de cistos; o gene I-2 confere resistência ao *Fusarium oxysporum*; o gene Sw-5 inibe o *Tomato spotted wilt vírus*; os genes Tm-2 e Tm-2a são relatados contra o patógeno *Tobacco*

*mosaic vírus*; os genes Ve1 e Ve2 são resistentes ao *Verticillium* spp. Na cultura da batata (*Solanum tuberosum* L.) foi encontrado o gene Gpa2 resistente ao *Globodera* spp., nematoide-dourado-da-batata causador de cistos; os genes Gro1.4 e R3a são genes que conferem resistência a *Phytophthora infestans*; o gene Rx é resistente ao *Potato virus X* e a *Heterodera schachtii*; já o gene RY-1 é tido contra do *Potato virus X*. Na cultura do tabaco (*Nicotiana tabacum* L.) está listado apenas o gene IVR que confere resistência ao *Tobacco mosaic virus*. Entre as pimentas e pimentões, mais especificamente em *Capsicum annum* L., foram encontrados os genes Bs3 e Bs3-E, onde ambos conferem resistência a *Xanthomonas campestris* e *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*; na espécie *C. chacoense* Hunz., foi relatado o gene Bs2, resistente a *Xanthomonas campestris* e *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*. Portanto, a utilização de bancos de dados é de suma importância para levantamento de genes que conferem resistência a doenças, proporcionando que o pesquisador possa utilizar espécies correlacionadas dentro do programa de melhoramento, visando ampliar a diversidade genética de determinada espécie, buscando torná-la resistente às doenças.

Palavras-chave: banco de dados; batata; pimenta; tabaco; tomate.

Agradecimento: CAPES.

# GENÔMICA ESTRUTURAL E FUNCIONAL DA ERVA-BALEEIRA (*VARRONIA CURASSAVICA* JACQ.)

Joana Mercês Oliveira Zeist<sup>\*†</sup>; Marcia Patricia Hoeltgebaum<sup>‡</sup>; Liana Bulcão Bittencourt Petrarca<sup>1</sup>;  
Tiago Montagna<sup>3</sup>; Maurício Sedrez dos Reis<sup>3</sup>; Valdir Marcos Stefenon<sup>3</sup>

1 Mestrandas em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil. \*joana140@gmail.com;

2 Doutora em Ciências, ênfase em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil.

3 Professores do PPG Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil.

Uma importante etapa para a domesticação, melhoramento genético e conservação de espécies nativas é o conhecimento de suas características genômicas estruturais e funcionais. *Varronia curassavica* Jacq., conhecida como erva-baleeira, é uma planta nativa da Mata Atlântica. Esta espécie possui potencial uso agrônômico, porém sua domesticação encontra-se incipiente. O objetivo deste trabalho foi caracterizar estrutural e funcionalmente o genoma total (nuclear, plastidial e mitocondrial) dessa espécie, visando a geração de dados genômicos. O genoma total de um indivíduo adulto foi sequenciado em uma plataforma Illumina MiSeq. A montagem do genoma foi realizada com auxílio do software CLC Genomics. A caracterização de elementos repetitivos no genoma foi realizada nas plataformas RepeatMasker e PolyMorphPredict, enquanto as análises de genômica funcional foram realizadas com o software Blast2GO. A predição de genes codificantes foi realizada *ab initio*, utilizando o algoritmo Augustus. O sequenciamento gerou  $1.03 \cdot 10^9$  bases sequenciadas que, após a montagem *de novo*, originaram 221.952 *contigs*, totalizando  $9.76 \cdot 10^7$  bp (N50 = 483 pb, L50 = 68.042 pb). As análises estruturais revelaram a presença de

2.866.731 pb (2,94% do sequenciamento) compondo elementos genômicos repetitivos. Os elementos mais frequentes foram as regiões de baixa complexidade (0,96% do sequenciamento) e membros da família de retrotransposons-LTR *Ty1/Copia* (0,95% do sequenciamento) e *Gypsy/DIRS1* (0,50% do sequenciamento). Um total de 13.058 regiões microssatélites foram identificadas, sendo 9.209 dímeros, 3.302 trímeros, 402 tetrâmeros, 116 pentâmeros e 29 hexâmeros. Análises *in silico* (PCR e eletroforese virtuais) demonstraram que essas regiões microssatélite possuem grande potencial para desenvolvimento de marcadores moleculares úteis para análises genéticas e melhoramento assistido por marcadores. Por meio da análise genômica funcional, foram identificados 39.257 genes, os quais estão relacionados a diversas funções do metabolismo basal da planta, bem como rotas metabólicas ligadas à ação medicinal da erva-baleeira. Elementos repetitivos têm sido considerados responsáveis diretos pelo aumento no tamanho do genoma de espécies vegetais, principalmente os retrotransposons. Sugere-se um tamanho pequeno para o genoma da espécie, devido à baixa proporção desses elementos, que ainda não foram quantificados. Por sua vez, estão sendo desenvolvidos marcadores microssatélites ligados a genes, com aplicação direta na seleção de plantas em um programa de domesticação e melhoramento genético desta espécie. O conhecimento das rotas metabólicas presentes na erva-baleeira também é um importante avanço para a implantação desses programas.

Palavras-chave: NGS; planta medicinal; conservação.

Agradecimento: CNPq, CAPES, Núcleo de Pesquisa em Florestas Tropicais (NPFT), Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA).

# GYT BILOT PARA A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SORGO PARA A REGIÃO DO SEMIÁRIDO

Emanoel Barros Santos<sup>1\*</sup>; Kelvin Paixão Farias Ferreira <sup>1</sup>; Darliton Alex Silva Feitosa <sup>1</sup>; Nartênia Susane Costa Aragão<sup>1</sup>; José Jairo Florentino Cordeiro Junior<sup>2</sup>; Gustavo Hugo F. Oliveira<sup>2</sup>

1 Graduandos em Engenharia Agrônômica. Universidade Federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora Da Glória - SE \*emanoelsantos601@gmail.com

2 Professor adjunto, Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – SE.

O sorgo forrageiro (*Sorghum bicolor* L. Moench) destaca-se como uma das espécies mais utilizadas nas regiões semiáridas, por sua adaptação as condições adversas em comparação com a maioria das outras culturas forrageiras. Dessa forma, o objetivo deste trabalho é usar o GYT como metodologia para selecionar os genótipos de sorgo que apresentam um destaque produtivo significativo na região do semiárido para massa de forragem. O experimento foi implantado na fazenda experimental da Embrapa Semiárido, no município de Nossa Senhora Da Glória/SE, com o plantio de 16 genótipos, sendo 4 comerciais e 11 experimentais, distribuídos em delineamento por blocos casualizados, com 3 repetições. As variáveis analisadas foram: AP-Altura das plantas; DC-Diâmetro do colmo; CP-Comprimento da panícula; PC-Peso do colmo; PAN-Peso da panícula; PF-Peso da folha; PP- Peso da planta; MV-Matéria verde; MS-Matéria seca; PMS-Porcentagem de matéria seca e MOF-Massa de forragem. Os dados foram submetidos ao *software* R para a formação da Anova e GYT Biplot. De acordo com a análise de variância houve uma diferença significativa ao nível de 1% de significância entre os genótipos para as variáveis: AP, CP, PC, MV, PMS, MS, PAN e PP demonstrando variabilidade dos materiais.

Os componentes principais do biplot demonstraram uma variação total de 83,62%, validando os resultados com alta explicação da variação explicadas. Posteriormente, no biplot “Quem-ganhou-onde”, os genótipos BRS 658, 947216, Volumax, P-288, P-294 e o Ponta Negra apresentaram responsividade para os aspectos referentes a produtividade de forragem, MF, PMS, DC, CP, PAN, AP, PF, PP, PC e MS. Diante disso, os genótipos BRS 658, 947216, Volumax, P-288, P-294 e Ponta Negra podem ser selecionados como os mais produtivos e adaptáveis para a região do semiárido.

Palavras-chaves: multivariada; *Sorghum bicolor* L; sertão; forragem.

Agradecimentos: EMBRAPA Semiárido, Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), Universidade Federal de Sergipe (UFS).

# GWAS IN A NEOTROPICAL OIL PALM REVEALS REGIONS ASSOCIATED WITH ADAPTIVE OIL PRODUCTION PHENOTYPES

Evelllyn Giselly de Oliveira Couto<sup>1\*</sup>; Jonathan Morales-Marroquin<sup>2</sup>; Alessandro Alves Pereira<sup>2</sup>; Samuel B. Fernandes<sup>3</sup>; Carlos Augusto Colombo<sup>4</sup>; Maria Imaculada Zucchi<sup>5</sup>

1 Postdoctoral Researcher in Genetics and Plant Breeding. Luiz de Queiroz College of Agriculture. Piracicaba-SP, Brazil. \*evellyncoutoo@gmail.com

2 Doctoral Candidate and Postdoctoral Researcher in Molecular Biology. State University of Campinas (Unicamp). Campinas-SP, Brazil.

3 Assistant Professor. University of Arkansas. Arkansas, United States.

4 Scientific Researcher. Campinas Agronomic Institute (IAC), Campinas-SP, Brazil.

5 Scientific Researcher. São Paulo's Agency for Agribusiness Technology (APTA). Piracicaba-SP, Brazil.

Macaúba (*Acrocomia aculeata*) is a non-domesticated oil palm with great potential to become commercially exploited, due to its high fruit production and sizable oil content in the fruit mesocarp. This palm is a tree species that have an annual production, allowing sustainable management to prevent devastating effects on the environment. Also, it can be used in integrated Crop-Livestock-Forestry systems. In addition to vegetable oil, which has significant value for biofuel production, the processing of the macaúba fruits provides products to the cosmetics, food, and charcoal industry. Despite the economic importance, genome-wide association studies (GWAS) in this species remain scarce or unavailable. The enlightenment of its genetic information could contribute to accelerating the process of domestication. Thus, we conducted a GWAS analysis using univariate and multivariate models to study the genetic architecture of fruit traits and their pulp oil content. For this, 201 palms were randomly selected

from a natural population and their fruits were collected in two years of production. Phenotypic measurements involved with fruit traits and pulp oil content were obtained, and the genotype-by-sequencing (GBS) methodology was used to obtain the SNP markers. The SNP calling occurred in three different ways since macaúba does not have a reference genome. We used the *de novo* sequencing, the *Elaeis guineenses* reference genome, and the macaúba transcriptome sequences. We fitted *single-trait* and *multi-trait* GWAS models on the three genotypic datasets to detect candidate genes and/or pleiotropic genes involved with the traits of the fruits. For all the evaluated traits we detected statistically significant differences and the heritability showed an average of 80%. Traits that showed genotypic correlations above 0.8 were entered into the *multi-trait* GWAS. *Single-trait* GWAS detected, in the three genotypic datasets used here, a total of 40 candidate genes in regions involved with different cellular pathways, while the *multi-trait* GWAS detected 3 candidate genes that may be allocated in linked or pleiotropic genes. The results achieved in this study reveal gene regions associated with adaptive traits of the macaúba fruits, involved with the production of oil; and add information to the scientific community, opening a way for pre-breeding and domestication, as well as for new genetic studies in macaúba or in other species of palm trees.

Keywords: *Acrocomia aculeata*, oil content, associative mapping, pleiotropic genes.

Acknowledgment: We are grateful to FAPESP for the financial support in the development of this work.

# IDENTIFICAÇÃO DE ELEMENTOS REPETITIVOS EM ISOLADOS BRASILEIROS DE *MAGNAPORTHE ORYZAE* DE ARROZ

Letícia de Maria Oliveira Mendes<sup>1\*</sup>; Marta Cristina Corsi de Filippi<sup>2</sup>; Valácia Lemes da Silva<sup>2</sup>  
Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>3</sup>; Lúcia Vieira Hoffmann<sup>4</sup>;  
Leila Garcês de Araújo<sup>5</sup>; Anne Sitarama Prabhu<sup>6</sup>

1 Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. \*leticiademaria02@gmail.com

2 Engenheira-Agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão.

3 Engenheiro-Agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor e pesquisador na UFG-Goiás.

4 Engenheira-Agrônoma, doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Algodão, Paraíba, PB.

5 Engenheira-Agrônoma, doutora em Agronomia, professora e pesquisadora na UFG-Goiás.

6 Engenheiro-Agrônomo, doutor em fitopatologia.

O arroz é o alimento básico e garante a segurança alimentar para grande parte da população mundial. O principal estresse biótico do arroz é a brusone, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*. A brusone sob condições favoráveis de ambiente pode resultar em perdas de até 100% da produção. A natureza adaptativa de *M. oryzae* é principalmente devido à suplantação da resistência do hospedeiro por mutações no patógeno levando à instabilidade dos genes de avirulência (AVR), limitando a duração da resistência. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi identificar elementos repetitivos em seis isolados brasileiros de *M. oryzae*, em cultivares de arroz de terras altas e irrigado da coleção de microrganismos multifuncionais da Embrapa Arroz e Feijão, a fim de identificar a variação na patogenicidade e

plasticidade genômica. O DNA dos isolados (MGa87, MTa91, SCi97, RSi59, TOi67 e MAi68) de regiões distintas do Brasil foi sequenciado utilizando a plataforma Illumina Hiseq. O controle de qualidade das sequências genômicas obtidas foi feita utilizando o programa FastQC e o Trimmomatic, e em seguida foi feita a montagem *de novo* dos genomas no programa SPAdes. Os contigs gerados da montagem foram alinhados as sequências de referência de *M. oryzae* MG8 70-15 usando o alinhador BWA. As sequências consenso foram obtidas pela opção *mpileup* do software SAMtools. A predição de todos os genes do genoma de cada isolado foi realizada por meio do software Augustus de forma *ab initio*. A identificação e caracterização de elementos repetitivos foi realizada com o programa RepeatMasker. Foi identificada uma média de 10.662 genes entre os seis isolados, sendo 1.500 genes a menos que o genoma de referência. Identificamos 113.937 elementos genéticos repetitivos, dos quais 33.814 são transposons (29.144 retrotransposons + 4.670 transposons de DNA), representando 22,64% do genoma total e 70.806 repetições simples, 9.286 regiões de baixa complexidade e 31 pequenos RNA, representando apenas 1,25%. Esses resultados mostraram que 9,91% de sequências repetitivas são semelhantes entre os seis isolados e diferentes do genoma MG8 70-15. Nossos resultados comprovam pela primeira vez a presença de famílias de transposons e de RNA pequenos de *M. oryzae*, demonstrando assim a alta variabilidade genética do patógeno. Estas informações serão úteis para seleção de genótipos resistentes aos isolados que possuem muitos transposons.

Palavras-chave: avirulência; variabilidade genética; transposon.

Agradecimento: UFC, FAPEG e Embrapa Arroz e Feijão.

# IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTENTE AO ISOLADO Ss529 *Sclerotinia sclerotiorum* EM FEIJÃO COMUM

Vanessa Reniele Souza de Arruda<sup>1\*</sup>; Marcelo Henrique dos Santos<sup>1</sup>; Pollyana Regina da Rocha Silva<sup>2</sup>; José Pereira da Rocha<sup>3</sup>; Laécio Neves Cardoso Junior<sup>3</sup>; Thiago Alexandre Santana Gilio<sup>4</sup>

1 Mestrando em Genético e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres-MT. \* vanessa-reniele@hotmail.com

2 Engenheira Agrônoma. Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres-MT.

3 Graduandos em Agronomia. Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres-MT.

4 Professor Dr. do curso de Bacharelado do curso de Agronomia. Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres-MT.

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) possui importância tanto econômica quanto social, porém doenças como o mofo-branco, cujo o agente causal é o fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, limitam ou muitas vezes inviabilizam o cultivo do feijão-comum. O melhoramento genético tem um papel muito importante na cultura do feijão, principalmente em resistência a fungos e pragas, possibilitando o aumento da produtividade e a sustentabilidade ambiental. O melhoramento de plantas é uma valiosa obtenção de determinadas características, o objetivo deste trabalho foi avaliação e seleção de genótipos de feijão comum resistente a doença mofo branco isolado Ss529. O experimento foi conduzido no Laboratório Melhoramento Genético Vegetal da Universidade do Estado de Mato Grosso. Foram avaliados 114 genótipos de feijão, em delineamento inteiramente casualizado, as plântulas foram mantidas em câmara de crescimento com umidade aproximada de 98% e temperatura de 23°C por 48 horas, após esse período as plantas foram retiradas, mantidas no laboratório. Para a inoculação os escleródios

do fungo *S. sclerotiorum* foram depositados no centro das placas de Petri de seis centímetros contendo o meio de cultura de batata, dextrose e ágar (BDA) e colocadas em câmara BOD por quatro dias a 25°C, com fotoperíodo de 12 horas, estimulando o desenvolvimento micelial do fungo. As avaliações foram realizadas após 24h retiradas da câmara úmida, no segundo, quinto e ao sétimo dia, utilizando uma escala de notas variou de 1 a 9 onde 1 é atribuída a planta sem sintoma e 9 a planta em total colapso. Para estimar os componentes de variâncias, foi utilizado o método de máxima verossimilhança restrita (REML) e para selecionar os melhores genótipos para as características de resistência ao mofo branco foi utilizada a predição linear não dependente (BLUP), por meio, do modelo estatístico 18 do programa Selegen. Para os componentes de variâncias (REML) a variância genotípica variou de 1.863064 a 3.592745 a herdabilidade de sentido amplo variou de 0.143299 a 0.469339, a acurácia foi de 0.707744 a 0.917299, mostrando assim, precisão do valor real da variância com base na variância fenotípica observada. Com a estimativa de ganhos genéticos e novas médias prevista por REML/BLUP, foi possível selecionar os genótipos BGF62 e BGF06, como resistente ao isolado Ss529 de mofo-branco, onde o ganho do BGF62 foi de 0.0000 e nova média de 6.7699 e do BGF06 foi de ganho 0.0358 e a nova média de 6.8057.

Palavras-chave: melhoramento; feijão comum; resistente.

# LEVANTAMENTO CIENCIOMÉTRICO: MELHORAMENTO GENÉTICO NA CULTURA DA SOJA

Matheus Alves de Carvalho<sup>1</sup>; Jôsie Cloviane de Oliveira Freitas<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade Estadual de Goiás – UEG, Unidade de Ipameri, Ipameri-Goiás, Brasil. \*matheusct12@hotmail.com.br

<sup>2</sup> Docente da Universidade Estadual de Goiás – UEG, Programa de Pós-Graduação em Produção, Ipameri – GO.

A soja é a principal leguminosa cultivada à nível mundial, sendo a expansão no cultivo e maiores índices produtivos decorrentes dos programas de melhoramento vegetal, fator que corrobora com a considerável evolução na produção científica referente ao melhoramento genético da cultura. O acréscimo de volumes de artigos científicos em torno do melhoramento da soja abrangem distintas áreas de concentração, desde o melhoramento clássico até a indução de mutação, técnica do DNA recombinante e seleção assistida por marcadores, com diversos artigos correlacionados à execução de testes em cultivares, estudos voltados à indução de resistência de plantas sob condições de estresses bióticos e abióticos, edição do genoma, dentre outros. Sendo assim, objetivou-se realizar um levantamento cienciométrico a fim de analisar o número de publicações, palavras-chave e plataformas de pesquisa em torno da temática “Melhoramento de soja” nos últimos 20 anos (entre o período de 2000 a 2021). Foi realizado um estudo cienciométrico, conduzido no Portal Periódicos Capes, com foco em três principais bases de dados: ISI Web of Science, Scielo e Scopus (Elsevier). A pesquisa baseou-se no título, resumo e palavras-chave. As palavras-chave utilizadas na pesquisa foram: “Release

soybean cultivars; Breeding soybean; Soybean varieties e Soybean cultivars technology”. A plataforma ISI Web of Science destacou-se quanto a maior amplitude de pesquisa, o que representa 53,4% da concentração dos artigos científicos disponibilizados, seguido da plataforma Scopus (44,1%) e Scielo (2,5%). Houve crescimento considerável nas publicações científicas voltadas ao melhoramento de soja, com incremento quantitativo a partir de 2010, em ambas as palavras-chave utilizadas, sendo “breeding soybean” responsável por 48,7% dos artigos científicos encontrados, em contrapartida “release soybean cultivars” representa 3,7% das publicações científicas averiguadas. O maior volume de artigos científicos obtidos em 2021 pode ser explicado pela elevada demanda pela oleaginosa de acordo com a sua relevância global e versatilidade, sendo a evolução dos programas e técnicas de melhoramento vegetal comumente observados, voltados à identificação de genes potenciais, maximização do potencial agrônomo da cultura e maior retorno econômico. O desenvolvimento de publicações científicas em torno da temática apresenta grande relevância, pois corrobora com informações sobre técnicas e práticas de melhoramento genético em torno da cultura da soja, os quais são disponibilizados à comunidade agrícola (acadêmica e produtores) via publicações científicas, a fim de maximizar a capacidade de produção da oleaginosa mediante a utilização de cultivares melhoradas.

Palavras-chave: cienciometria; sojicultura; melhoramento vegetal; publicações científicas.

# MARCADORES SSR PLASTIDIAIS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE PECÃ VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO

Tales Poletto<sup>1</sup>; Joana Mercês Oliveira Zeist<sup>2</sup>; Jordana Caroline Nagel<sup>3</sup>; Valdir Marcos Stefenon<sup>4</sup>

1 Pós-doutorando no PPG Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil. talespoletto@gmail.com

2 Mestranda em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil.

3 Professora da Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões, Santo Ângelo-RS, Brazil.

4 Professor do PPG Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brazil.

A correta identificação de cultivares registradas é essencial para o desenvolvimento de programas de melhoramento de espécies perenes, de modo a se planejar cruzamentos baseados em pedigrees. A noqueira-pecã é uma espécie fruteira perene nativa dos EUA e México, que foi introduzida no Brasil no início do século XX. Dado o crescente interesse no estabelecimento de novos pomares dessa espécie, o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas brasileiras é necessário. A identificação das cultivares de noqueira-pecã é baseada principalmente em características morfológicas do fruto. Contudo, o cruzamento entre cultivares pode ocorrer, gerando híbridos, o que torna a correta identificação desafiadora. Visando desenvolver ferramentas biotecnológicas para o desenvolvimento de programas de melhoramento da noqueira-pecã, este estudo teve como objetivo utilizar um novo conjunto de marcadores SSR plastidiais para identificar possíveis erros de classificação em cultivares de noqueira-pecã em pomares do sul do Brasil. Vinte e quatro plantas de oito cultivares comerciais e três plantas de polinização aberta foram

genotipadas usando dez marcadores SSR plastidiais desenvolvidos a partir do genoma plastidial da cultivar de noqueira-pecã Imperial. Os marcadores plastidiais, que possuem herança materna em noqueira-pecã, representaram claramente a relação parental entre as cultivares Shawnee, Jackson, Success e Barton. A baixa diferenciação genética entre as cultivares Shawnee e Jackson refletiu a estreita relação de meios-irmãos, uma vez que ambas possuem a cultivar Schley como genitora materna. As amostras da cultivar Barton formaram um único clado na análise de agrupamento UPGMA. Por outro lado, não houve agrupamento consistente de plantas identificadas como Imperial, Melhorada, Mahan, Jackson, Shawnee, Success, bem como aquelas originadas de polinização aberta. Assim, amostras denominadas Barton têm os mesmos padrões genéticos, enquanto algumas amostras denominadas Imperial, Melhorada, Mahan, Jackson, Shawnee, Success provavelmente foram erroneamente classificadas. Os marcadores microssatélites plastidiais utilizados neste estudo são ferramentas relevantes para o avanço dos programas de melhoramento de noqueira-pecã, através da seleção de genótipos, caracterização da diversidade genética e identificação de genitores.

Palavras-chave: *Carya illinoensis*; Juglandaceae; marcadores moleculares; cloroplasto.

Agradecimentos: CNPq, IBPecan.

# PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES PARCIALMENTE ENDOGÂMICAS DE MILHO

Kelvin Paixão Farias Ferreira<sup>\*†</sup>; Darliton Alex Silva Feitosa<sup>1</sup>; Jéssica dos Santos Oliveira<sup>1</sup>; Barbara Nascimento Santos<sup>1</sup>; José Jairo Florentino Cordeiro Junior<sup>2</sup>; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira<sup>2</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil. \*kelvin.paixao2000@gmail.com

2 Professor Doutor, curso de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – SE.

O trabalho do melhoramento de milho (*Zea mays L.*) é de grande importância para o desenvolvimento e abastecimento de um país, proporcionando aos produtores uma garantia de uma boa safra com grãos de qualidade. O presente trabalho teve como objetivo avaliar e selecionar progênies de meios-irmãos que apresentem características adaptativas a região semiárida sergipana, por meio de estimativas de seus parâmetros genéticos para formação de blocos de cruzamentos. O experimento foi implantado na fazenda da Embrapa Semiárido no campo experimental da cidade de Nossa Senhora da Glória/SE, no ano de 2021. Foram avaliadas 30 progênies de meios-irmãos obtidas no ano de 2020 por meio de um campo de recombinação conduzido pelo grupo de estudos em melhoramento vegetal no semiárido – GEMS. O delineamento adotado foi o de blocos casualizados contendo 30 tratamentos (progênies) e duas repetições. Foram realizadas as adubações de fundação e cobertura e também uma capina manual da área experimental, para evitar a competição com plantas daninha. Foram coletadas as variáveis agrônômicas de florescimento masculino e feminino, altura da planta e espiga, número de espigas por parcela, peso da parcela, comprimento e diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos e quantidade de grãos na fileira, peso de

grãos total, umidade de grãos e foi estimada a variável de produtividade. Posteriormente os dados foram submetidos a análise de variância, teste de média, estimativa de herdabilidade e construção de um dendrograma com auxílio do software R e RStudio. Foi possível observar que a variável de produtividade apresentou significância a 5% de probabilidade, indicando que tem grande variabilidade genética nas progênes. As estimativas dos parâmetros genéticos, mostrou que a variável de número de grãos por fileira foi a que apresentou maiores índices de herdabilidade e acurácia, esse dado indica que as progênes tem grande capacidade de passar o gene responsável por essa característica quando utilizadas em cruzamentos. O teste de média possibilitou a identificação dos tratamentos 18, 19, 21, 26, 27 e 30, que apresentaram melhor desempenho e com produtividade acima de 5500 kg/ha que foi utilizado como critério para a seleção, auxiliando na formação dos blocos de cruzamento entre as melhores progênes. O dendrograma mostrou os agrupamentos dos tratamentos características mais semelhantes, formando quatro grupos. A seleção das melhores progênes GLR2020(Pop18MI), GLR2020(Pop19MI), GLR2020(Pop21MI), GLR2020(Pop26MI), GLR2020(Pop27MI) e GLR2020(Pop30MI), possibilita a formação de blocos de cruzamentos para a próxima etapa do programa de melhoramento, estimando assim obter mais variabilidade e um maior ganho genético, garantindo a continuidade do trabalho visando alcançar genótipos superiores com melhor desempenho e maior produtividade para as condições do semiárido sergipano.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; melhoramento de milho; meios-irmãos; ganho genético.

Agradecimentos: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), EMBRAPA Semiárido, Universidade Federal de Sergipe.

# POTENCIAL DE LINHAGENS DE FEIJÃO VERMELHO NO CAMPO DAS VERTENTES DE MINAS GERAIS

Domingos Armando Soquir jeque<sup>1\*</sup>; João Antônio Cruvinel de Paula<sup>2</sup>; João Vitor Carvalho Cardoso<sup>2</sup>; Rafaela Pereira Carvalho<sup>3</sup>; Júlio Augusto de Castro Miguel<sup>4</sup>; Vinícius Quintão Carneiro<sup>5</sup>

1 Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais-MG, Brasil. \*domingos.jequ@estudante.ufla.br

2 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais-MG, Brasil.

3 Mestrada em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais-MG, Brasil.

4 Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais-MG, Brasil.

5 Professor da Universidade Federal de Lavras. Minas Gerais-MG, Brasil.

O feijão comum é uma cultura em que a sua importância ultrapassa o aspecto econômico, por sua relevância enquanto elemento fundamental de segurança alimentar, nutricional e cultural na culinária Brasileira. Apesar do feijão carioca ser o mais produzido e consumido no Brasil, nota-se uma crescente demanda por feijão vermelho em mesorregiões de Minas Gerais como a Zona da Mata e dos Campos das Vertentes. Porém poucas são as iniciativas dos programas de melhoramento visando a obtenção de cultivares com esse tipo de grão. Esse trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho de linhagens de feijão vermelho afim de identificar potenciais genitores para compor cruzamentos. Foram conduzidos experimentos na safra das águas e inverno de 2021, no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. Nestes foram avaliadas 49 linhagens de feijão vermelho oriundas da Universidade Federal de Viçosa (UFV) e do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT),

incluindo as testemunhas BRSMG Uai, BRSMG Marte, Ouro vermelho, Safira e Vermelhinho. O delineamento experimental utilizado foi a de blocos ao acaso com três repetições e a característica avaliada foi a produtividade de grãos. Foram realizadas análises individuais e conjunta de variância para a produtividade de grãos nos dois experimentos. Também foram realizadas o teste de agrupamento de Scot-Knott para cada característica em cada experimento e realizada a análise de adaptabilidade e estabilidade conforme Lin e Binns (1988). Foi detectada interação linhagens por ambientes de natureza complexa para o caráter produtividade de grãos. Nas análises individuais de variância houve efeito de linhagens significativo, ou seja, nos experimentos houve pelo menos uma linhagem diferente das demais para este caráter. As linhagens com melhor desempenho nos dois experimentos conforme o método de adaptabilidade e estabilidade utilizado foram UFV-8, CIAT-19, UFV-10, CIAT-10 e UFV12. Portanto, verifica-se que existem linhagens tanto da UFV e do CIAT com potencial para serem utilizadas em blocos de cruzamento e também para serem incorporadas em ensaios de valor de cultivo e uso.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; adaptabilidade.

Agradecimento: CAPES, CNPQ e FAPEMIG.

# POTENCIAL GERMINATIVO DE SEMENTES DE RABANETE EM DIFERENTES ANOS SAFRA

Alaor Martins Peres Neto<sup>1</sup>; Matheus Alves de Carvalho<sup>2</sup>; Carlos Henrique Lopes Liborio<sup>3</sup>

1 Acadêmico em Agronomia do Centro Universitário de Goiás – UNIGOIÁS, Goiânia-Goiás, Brasil. \*alaormartinsagro@gmail.com

2 Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade Estadual de Goiás – UEG, Unidade de Ipameri, Ipameri-Goiás, Brasil.

3 Acadêmico em Engenharia Florestal da Universidade Federal de Goiás – UFC, Goiânia-Goiás, Brasil.

O rabanete (*Raphanus sativus* L.) é uma hortaliça utilizada na dieta humana e fonte de diversos componentes nutricionais. Apesar do relevante interesse econômico, os estudos sobre a espécie bem como o potencial de germinação ainda são raros. O teste de germinação é comumente utilizado para determinar o máximo potencial das sementes, contudo, sabe-se que a qualidade fisiológica é variável conforme as alterações nas condições genéticas, bioquímicas, físicas e fisiológicas. Por isso, existe a necessidade em avaliar-se a capacidade de germinação entre sementes varia entre lotes e safras distintas. O objetivo do estudo foi avaliar a eficiência e capacidade de germinação de lotes de sementes de rabanete, em dois anos safra (2012 e 2017). O potencial fisiológico das sementes foi avaliado mediante a condução de testes de germinação (porcentagem) e emergência de plântulas. O experimento foi conduzido sob condições controladas, em casa de vegetação via semeadura direta em substrato de areia lavada e esterilizada. Foram utilizadas sementes da cv. “Rabanete Crímsom gigante”, sob dois lotes distintos: safra 12/12 e 17/17, ambas com o potencial de germinação equivalente à 85%. O semeio foi realizado em 28 de junho de 2022 em caixa de areia, com três linhas destinadas à safra 2017 (15 sementes/linha) e três

linhas destinadas à safra 2012 (15 sementes/linha), ambas com o espaçamento de 5 cm entrelinhas, totalizando 45 plântulas em cada tratamento. Após o semeio, as práticas culturais foram realizadas conforme as recomendações para a cultura do rabanete, com duas irrigações diárias. Para a determinação do percentual de germinação (PG), avaliou-se aos 4, 7 e 10 dias após semeio (DAS) as plântulas normais, com ausência de necrose ou incidência de patógenos e deformações. Os resultados foram comparados pelo Teste t de amostras dependentes. Aos 4 DAS, houve a germinação exclusiva de 17 plântulas (safra 2017). Aos 7 DAS, foram constatadas 28 e 42 plântulas nas safras de 2012 e 2017, respectivamente. Na avaliação final (10 DAS), quando comparados o percentual de emergência apresentou distribuição normal, não diferindo-se significativamente. Entretanto, houve superioridade na germinação de sementes (93%) na safra 2017, enquanto, na safra de 2012 (66,7%) a germinação foi inferior ao proposto vide embalagem (85%). As sementes de rabanete da safra 2017 demonstraram maior potencial de germinação, fator que corrobora com a obtenção de maior qualidade de plântulas, melhorias no stand de produção e maior retorno econômico.

Palavras-chave: qualidade de sementes; germinação; produção vegetal.

# PRODUÇÃO DE MUDAS DE DIFERENTES ESPÉCIES DE EUCALYPTUS E CORYMBIA A PARTIR DE SEMENTES

Rafaela G. da Silva<sup>1\*</sup>; Bruno A. Trevisan<sup>2</sup>; Gustavo S. J. Pereira<sup>3</sup>; Augusto Cesar G. de Lima<sup>4</sup>;  
Marco Antônio M. Bahia<sup>4</sup>; Rafael T. Resende<sup>5</sup>

1 Graduanda em Engenharia Florestal. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.\*rafaela\_silva@discente.ufg.br.

2 Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Graduando em Engenharia Florestal. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

4 Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

5 Professor da Escola de Agronomia, Setor de Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

A produção de mudas de qualidade tem impacto direto na produtividade dos plantios florestais e no seu melhoramento genético. Conhecer as especificidades de cada espécie e sua adaptação às condições edafoclimáticas de determinada região é, portanto, fundamental. As mudas de espécies de *Eucalyptus* spp. e *Corymbia* spp. apresentadas neste trabalho advém de propagação sexuada (seminal). O estudo realizou a comparação de 13 espécies entre os gêneros *Eucalyptus* spp. e *Corymbia* spp., Família Myrtaceae, sendo elas: *Eucalyptus citriodora*; *E. cloeziana*; *E. longirostrata*; *E. pellita*; *E. siderophloia*; *E. dunnii*; *E. maculata*; *E. resinifera*; *E. benthamii*; *E. grandis*; *E. globulus*; *Corymbia intermedia*; e *C. torelliana*. Inicialmente foi verificada a qualidade dos lotes de sementes, via teste de germinação em laboratório (gerbox) e por semeadura direta em tubetes. As medições biométricas aplicadas neste estudo foram: altura total da muda; diâmetro do coleto; e vigor, realizadas em dois momentos de crescimento das mudas

em sacos plásticos. Os dados foram analisados no software R, aplicando-se análise de variância (ANOVA) com procedimento de medidas repetidas no tempo e observações por parcelas. Como esperado, a porcentagem de germinação foi maior em tubetes, em comparação com a porcentagem obtida em laboratório, com destaque para os resultados das espécies *E. dunnii*, *E. citriodora*, *E. longirostrata* e *C. maculata*, que atingiram 100% de germinação em tubete e estas estão também entre as espécies que se destacaram nas medições biométricas, com evidência para os resultados das espécies *E. dunnii*, *E. citriodora* e *E. longirostrata*. O estudo evidenciou a diferença significativa na germinação e medições biométricas entre as 13 espécies de *Eucalyptus* spp. e *Corymbia* spp., mostrando o quanto diverso e heterogêneo é o material genético do experimento, mudas florestais produzidas por propagação sexuada, a partir de sementes. O trabalho corrobora, ao final do experimento, que tem potencial para se estender, além deste estudo, com a composição do Horto de Eucaliptos da Escola de Agronomia - EA/ UFG), Goiânia, GO, Brasil, colaborando com as aulas práticas que poderão utilizar o espaço para apresentar aos alunos características inerentes às espécies. Portanto, esse estudo também colabora com uma melhor formação dos futuros profissionais dos cursos de agrárias da instituição.

Palavras-chave: germinação e vigor; medições biométricas; *Eucalyptus* spp. e *Corymbia* spp.

Agradecimentos: a Klabin e ao IPEF por contribuir com as sementes, objeto de estudo.

# PRODUÇÃO DO TOMATEIRO ENXERTADO COM DIFERENTES COMBINAÇÕES DE HÍBRIDOS, ACESSOS SILVESTRES E INTERESPECÍFICOS VISANDO TOLERÂNCIA A SALINIDADE

Guilherme José Almeida Olveira<sup>1\*</sup>; André Dutra Silva Júnior<sup>2</sup>; Bruno da Rocha Taroco<sup>3</sup>;  
Francieli Marian<sup>4</sup>; Samuel Guesser<sup>4</sup>; André Ricardo Zeist<sup>5</sup>

1 Graduado em Agronomia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil. \* guilhermejaost@hotmail.com

2 Mestrando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil;

3 Graduando em Agronomia Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP;

4 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brasil.

5 Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brasil.

No cultivo do tomateiro, principalmente em ambiente protegidos, um dos problemas que tem surgido é o aumento das concentrações de sais no solo. Em decorrência das altas doses de fertilizantes, que por má utilização da fertirrigação aceleram o processo de salinização. Tornando aquele solo impróprio ao desenvolvimento das plantas, resultando em declínio produtivo, além de ser um problema de difícil solução que leva ao abandono do cultivo em solo. Assim, objetivou-se avaliar como diferentes combinações da enxertia de tomateiros híbridos comerciais, acessos silvestres e interespecíficos afetaram na produção em ambiente salino. O material vegetal utilizado foi a cultivar comercial Giuliana e dez porta-enxertos: as cultivares comerciais Guardiã, Muralha, Protetor e Magnet, acessos RVTC 66 (*S. lycopersicum* var. *cerasiforme*), LA 716 (*S. pennellii*) e PI 127826 (*S. habrochaites* var. *hirsutum*), híbridos F 1 interespecíficos RVTC 66 × LA 716, RVTC 66 × PI

127826 e LA 716 × PI 127826. Giuliana foi utilizada como copa nos demais porta-enxertos e o mesmo porta-enxerto como auto enxertado (controle). O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizados ( $r = 5$ ) com nível bifatorial de porta-enxertos e sais. Os tratamentos dos porta-enxertos consistiram dos dez porta-enxertos citados, utilizando como copas a cultivar Giuliana. Cada vaso foi composto por seis plantas de tomate. Os níveis de sal consistiram em um tratamento não salino e salino. As soluções nutritivas de fertirrigação foram preparadas em tanques de 800 L, sem adição de NaCl (CE:  $1,01 \text{ dS m}^{-1}$  durante o desenvolvimento vegetativo e  $1,75 \text{ dS m}^{-1}$  durante o período reprodutivo) e com adição de NaCl até EC de 3,5 e  $7,0 \text{ dS m}^{-1}$  para os períodos de desenvolvimento vegetativo e reprodutivo, respectivamente. Após a enxertia, as mudas enxertadas foram transplantadas para vasos de polietileno de baixa densidade com dimensão de  $15 \text{ dm}^3$ , contendo substrato. A colheita dos frutos do tomateiro foi realizada 70 dias após o transplante e ocorreu por sete semanas consecutivas. O número de frutos (NF) e a produção de frutos de tomate (PF) foram determinados por frutos colhidos com padrões comerciais por planta. A massa média do fruto fresco (FM) foi determinada com base na relação entre PF e NF ( $FM = PF/NF$ ). Ocorreu interação significativa entre combinações de enxertia e salinidade sobre os parâmetros de produção. O NF, PF e FM foi reduzido quando presente a salinidade em Giuliana auto enxertada, porém em plantas RVTC 66 × LA 716 e LA 716 × PI 127826 como porta-enxertos não ocorreu. Em condições salinas, os maiores NF, FP e FM foram encontrados para os porta-enxertos RVTC 66 × LA 716. Portanto, buscando a maior tolerância aos solos salinos a utilização de portas enxertos do híbrido F1 (RVTC 66 × LA 716) promoverá maior desempenho produtivo ao tomateiro.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*; porta-enxerto; salinização.

# PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR PELO FUNGO MICORRÍZICO *WALTERIA CIRGINATA*

João Abrão Batista Gundim<sup>1\*</sup>; Amanda Abdallah Chaibub<sup>2</sup>; Felipe Gonçalves de Carvalho<sup>1</sup>;  
Isadora Pacheco Fernandes<sup>1</sup>; Bruna Mendes de Oliveira<sup>3</sup>; Leila Garcês de Araújo<sup>4</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.  
\*joaoabrao@discente.ufg.br

2 Pós-doutoranda pelo Programa de Genética e Melhoramento de Plantas/  
Ballagro. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO,  
Brasil.

4 Professora do Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás.  
Goiânia-GO, Brasil.

O Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo, por ser uma cultura de grande importância para o país e para o mundo a utilização de microrganismos benéficos na promoção de crescimento deve ser explorada. O fungo micorrízico *Waitea circinata* é um bioagente que aumenta o crescimento de outras culturas e ainda não testado em cana-de-açúcar. Portanto, o objetivo do trabalho foi avaliar parâmetros envolvidos na promoção de crescimento da cana-de-açúcar pelo fungo *W. circinata*. O ensaio foi realizado em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial, onde avaliou-se o efeito de cinco doses (0, 20, 100, 150 e 200 g L<sup>-1</sup>) e três formas de aplicação (1 – minirebolo, 2 – vaso, 3 – minirebolo + vaso) de *W. circinata*. A dose de 20 g L<sup>-1</sup> foi obtida a partir do crescimento do fungo em placas com meio BDA, na qual o micélio foi removido e pesado, já as doses de 100, 150 e 200 g L<sup>-1</sup>, foram obtidas a partir do crescimento do fungo em grãos de arroz parboilizado autoclavado. As mudas pré-brotadas foram produzidas a partir de minirebolos da cultivar RB867515 em tubetes

contendo substrato, e aos 40 dias foram transplantadas para vasos de oito litros. As plantas foram mantidas em telado e o manejo nutricional realizado de acordo com o recomendado para a cultura. As variáveis clorofila, índice de área foliar (IAF) e diâmetro do colmo foram avaliadas 97 dias após o plantio. A clorofila foi avaliada com um clorofíLOG na folha +3, o IAF pelo método proposto por Hermann e Câmara, que se baseia em medidas lineares da folha +3 e o diâmetro do colmo com o auxílio de um paquímetro, sendo a medição realizada na base dos colmos a 5 cm do solo. Verificou-se que para o IAF e clorofila, a forma de aplicação minirebolo + vaso diferiu-se estatisticamente das demais, já para diâmetro do colmo não houve diferença entre as formas de aplicação. Em relação às doses, observou-se que as doses de 20 e 200 g L<sup>-1</sup> diferiram estatisticamente do controle (dose 0) e das demais doses. Para a melhor forma de aplicação (minirebolo + vaso) o controle apresentou 37,53, 0,63 e 14,70 de clorofila, IAF e diâmetro do colmo, respectivamente, enquanto a dose de 20 g L<sup>-1</sup> apresentou 51,20, 1,42 e 16,98 e a de 200 g L<sup>-1</sup> 52,21, 1,33 e 17,30 de clorofila, IAF e diâmetro do colmo, respectivamente, o que significam aumentos de 39,11% na clorofila, 125,39% no IAF e 17,68% no diâmetro do colmo. Os resultados mostram um melhor desenvolvimento das plantas, que pode contribuir futuramente para o aumento de produtividade da cana-de-açúcar quando testado em mais cultivares e em condições de campo.

Palavras-chave: clorofila; índice de área foliar; diâmetro do colmo; fungo micorrízico de orquídea; microrganismos benéficos.

Agradecimentos: Ridesa, Ballagro e UFG.

# PROSPECÇÃO DE GENES PUTATIVOS E DE RESISTÊNCIA A PRAGAS E DOENÇAS NA FAMÍLIA CUCURBITACEAE

Carina Raissa Rocha Oliveira da Cunha<sup>1\*</sup>; Jonatan Roberto de Lima<sup>1</sup>; Álvaro Carlos Gonçalves Neto<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Mestrandos em Melhoramento Genético de Plantas. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil. \* carina.rocha@ufrpe.br.

<sup>2</sup> Professor Adjunto da Área de Fitotecnia do Departamento de Agronomia. Universidade Federal Rural de Pernambuco. Recife-PE, Brasil.

A família das cucurbitáceas (Cucurbitaceae) é uma das mais importantes dentre as hortaliças-fruto por possuir grande importância econômica e uma grande variabilidade genética, incluindo aproximadamente 120 gêneros e 850 espécies. Entretanto, um grande entrave para a produção de espécies pertencentes a esta família é a ocorrência de doenças que podem diminuir o rendimento das culturas ou depreciar os frutos impossibilitando a sua venda. Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi prospectar genes putativos e de referência visando a resistência a pragas e doenças das principais cucurbitáceas tendo em vista que os dados obtidos poderão servir para o desenvolvimento de cultivares em programas de melhoramento genético. O trabalho foi realizado utilizando o Banco de Dados de Genes de Resistência em Plantas (PRGdb; Plant Resistance Genes Database – 4.0). Foram avaliadas oito espécies da família: abobrinha verde (*Cucurbita pepo*), chuchu (*Sechium edule*), melão (*Cucumis melo*), melancia (*Citrullus lanatus*), pepino (*Cucumis sativus*), maxixe (*Cucumis anguria*), bucha (*Luffa aegyptiaca*) e o melão-de-São-Caetano (*Momordica charantia*). Das oito espécies, apenas três tiveram genes identificados pela ferramenta de Bioinformática (PRGdb). O melão (*Cucumis melo*) possui seis genes de referência, sendo dois genes (At1 e CTP) para o míldio (*Pseudoperonospora cubensis*), um gene

(FOM-2) identificado para fusariose (*Fusarium oxysporum*), um gene (IVA) para o pulgão (*Aphis gossypii*) e dois genes (FOM1 e prv) sem agentes patogênicos descritos. Quanto a genes putativos, o melão apresenta 173 genes putativos da classe WL, 113 genes da classe RLP, 17 genes da classe TNL e 13 genes putativos da classe CNL. Já a melancia (*Citrullus lanatus*), não apresenta genes de resistência descritos no banco, entretanto possui 178 genes putativos da classe RLK, 94 genes da classe RLP, 8 genes da classe TNL e 11 genes da classe CNL. E para o pepino (*Cucumis sativus*) foram identificados apenas genes putativos sendo 180 genes putativos da classe RLK, 119 genes da classe RLP, 15 genes da classe TNL e 15 genes putativos da classe CNL. Dessa forma, fazem-se necessários mais estudos para a identificação de genes putativos e de resistência nesta família para que com as novas cultivares se reduza os custos referentes à utilização de agrotóxicos para o controle de pragas e doenças. Ademais, os genes putativos foram os mais observados no banco de dados por serem segmentos de DNA que compartilham semelhanças de sequência com genes já caracterizados, além disso originam-se de uma forma filogeneticamente antiga de imunidade que é comum a plantas e animais.

Palavras-chave: bioinformática; melhoramento de cucurbitáceas; patógenos.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.

# REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEBOLA À PODRIDÃO BACTERIANA DE BULBOS EM CONDIÇÕES DE CAMPO

Renata Sousa Resende<sup>1\*</sup>; Edivânio Rodrigues Araújo<sup>1</sup>; Daniel Pedrosa Alves<sup>1</sup>;  
Gerson Henrique Wanser<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Pesquisadores da Epagri – Estação Experimental de Ituporanga, Santa Catarina, Brasil. \* renataresende@epagri.sc.gov.br

O estado de Santa Catarina é o maior produtor nacional de cebola, com produção de 496 mil toneladas na safra 2021/22. Um dos maiores desafios para os cebolicultores da região tem sido o manejo do complexo de bactérias que causam as podridões dos bulbos. Até o momento não existem cultivares resistentes a esses patógenos. Diante disso, avaliou-se a reação de 20 genótipos de cebola às podridões de bulbos na Estação Experimental de Ituporanga, Ituporanga (SC). O ensaio foi conduzido a campo em blocos ao acaso com quatro repetições e parcelas de 8,5 m<sup>2</sup> compostas por 240 plantas. A incidência da doença foi quantificada nos bulbos logo após a colheita. De acordo com a análise de agrupamento de Scott-Knott, formaram-se dois grupos para os níveis de resistência/suscetibilidade. As cultivares que apresentaram menores níveis de doença, com incidência variando de 0,7 a 3,6% foram respectivamente: SCS 373 Valessul, Juporanga Agroecologica (cultivar experimental), Empasc 355 Juporanga, Crioula Agroecologica (cultivar experimental) e Epagri 362 Crioula Alto Vale, enquanto que os genótipos Cruzamento26, Bela Vista e Crioula-Roxa apresentaram maiores valores de incidência (8,1, 6,9 e 4,8%) ficando alocados no grupo das mais suscetíveis. Considerando a importância da doença e a ausência de cultivares resistentes, o uso de genótipos menos suscetíveis pode ser um componente importante a ser integrado no manejo da doença.

Palavras-chave: *Allium cepa*; manejo integrado de doenças; fitobactérias.

Agradecimento: EPAGRI; FAPESC.

# REAÇÃO DOS GENÓTIPOS ELITE DE CANA-DE-AÇÚCAR DA RIDESA UFG AS FERRUGENS MARROM E ALARANJADA

Vinícius Filgueiras Nogueira<sup>1\*</sup>; Michel Rodrigues da Silva<sup>1</sup>; Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro<sup>1</sup>;  
Renato de Carvalho Menezes<sup>2</sup>; Márcio Lisboa Guedes<sup>3</sup>; Bruna Mendes de Oliveira<sup>4</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.  
\*viniciusfilgueiras@discente.ufg.br

2 Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3 Pesquisador do Programa de Melhoramento Genético em Cana-de-Açúcar, da Universidade Federal de Goiás. Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético. Goiânia-GO, Brasil.

4 Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

O Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar (*Saccharum spp*). A cana é a principal fonte de energia renovável no país, correspondendo a 18% da matriz energética nacional ou 39% de toda a energia renovável ofertada. A cultura da cana-de-açúcar sofre grandes perdas de produtividade e na qualidade final do produto em função da ocorrência das doenças fúngicas ferrugem marrom (FM) e alaranjada (FA), causadas pelos fungos *Puccinia melanocephala* e *Puccinia kuehnii*, respectivamente. Nessa perspectiva, o uso de variedades com resistência genética é a melhor forma de controle. Desse modo, o objetivo desse trabalho foi avaliar a reação dos genótipos elite de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético da Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG) as FM e FA, em casa de vegetação com inoculação artificial dos patógenos. Foram avaliados 32 genótipos elite do PMGCA/RIDESA/UFG e três

testemunhas: RBo84011, suscetível a FM; e CTC15 e SP813250, suscetíveis a FA. O experimento foi instalado em delineamento em blocos casualizados, com seis repetições, sendo uma parcela experimental um copo de polipropileno de 200mL com uma planta. Os urediniósporos foram obtidos a partir de folhas de cana-de-açúcar com sintomas das doenças. A suspensão para inoculação foi calibrada a  $10^5$  e  $10^4$  urediniósporos/mL para FM e FA, respectivamente. A inoculação foi realizada com pulverizador manual, aos 28 dias após o plantio, priorizando-se a face abaxial das folhas, até o ponto de escorrimento. Após a inoculação, os copos foram mantidos em câmara úmida por 48 horas. Foi avaliada a severidade das doenças por meio de escala diagramática, com notas variando de 1 a 9, onde cada nota expressa uma porcentagem de área foliar afetada, sendo que maiores proporções de área afetada indicam suscetibilidade e menores proporções indicam resistência. A primeira avaliação foi feita dez dias após a inoculação. Posteriormente, a avaliação foi realizada a cada três dias. A partir dos dados de severidade, calculou-se a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Realizou-se análise de variância para os caracteres severidade e AACPD, verificando variabilidade genética para os dois caracteres ( $p$ -valor  $< 0,05$ ). Foram estimados os BLUEs (Melhores estimadores lineares não viesados) para todos os tratamentos. Para ferrugem marrom, todos os genótipos apresentaram estimativas de BLUE, tanto para severidade quanto para AACPD abaixo do ponto de corte. Por outro lado, para ferrugem alaranjada, os genótipos RB114859 e RBo94092 obtiveram estimativas de BLUE, acima do ponto de corte, para todos os caracteres avaliados. Sendo assim, recomendou-se o descarte dos genótipos RB114859 e RBo94092 e a manutenção de todos os demais. Os genótipos que permaneceram no programa possuem potencial para lançamento como cultivares de cana-de-açúcar.

Palavras-chave: *Saccharum spp*; *Puccinia melanocephala*; *Puccinia kuehnii*; melhoramento genético.

Agradecimento: RIDESA-UFG.

# RESISTÊNCIA A PRAGAS DE SOLO DE CULTIVARES COMERCIAIS DE BATATA-DOCE DE POLPA LARANJA E AMARELA NA REGIÃO OESTE PAULISTA

Samuel Guesser<sup>1\*</sup>; Francieli Marian<sup>1</sup>; Guilherme José Almeida Oliveira<sup>2</sup>; André Dutra Silva Júnior<sup>3</sup>;  
Murilo Henrique Souza Leal<sup>4</sup>; André Ricardo Zeist<sup>5</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brasil. \*samuelguesser@outlook.com

2 Graduado em Agronomia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil.

3 Mestrando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

4 Mestrando em Agricultura Tropical e Subtropical. Instituto Agrônomo de Campinas. Campinas-SP, Brasil.

5 Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Santa Catarina. Florianópolis-SC, Brasil.

A cultura da batata-doce detém grande representatividade socioeconômica na região Oeste Paulista. Por sua vez, sua produtividade média se encontra muito abaixo da capacidade produtiva, em virtude principalmente da utilização de genótipos obsoletos, que geralmente são suscetíveis ao ataque de pragas, especialmente as de solo que acometem danos diretos e acarretam redução das raízes comerciais. Assim, objetivou-se avaliar a resistência a pragas de solo de cinco cultivares comerciais de batata-doce de polpa laranja e amarela introduzidas na região Oeste Paulista. Para isso, foram instalados seis experimentos em: 21/09/2019 (em Presidente Prudente-SP); 31/01/2020 (em Presidente Prudente-SP); 24/04/2020 (em Álvares Machado-SP); 01/09/2020 (em Presidente Prudente-SP); 30/10/2020 (em Álvares Machado-SP); 28/12/2020 (em Álvares Machado-SP), em áreas naturalmente infestadas com pragas de solo. Nesses ensaios

adotou-se delineamento experimental de blocos com os tratamentos ao acaso, avaliando-se os genótipos de polpa laranja: Beauregard, SCS 367 Favorita e IAPAR 69 e, amarela: SCS 372 Marina e BRS Amélia quanto à resistência a danos causados por insetos (RI), em base de escala de notas. A cultivares comerciais Beauregard e IAPAR 69, obtiveram as maiores médias de resistência nos seis ensaios experimentais, seguidos dos genótipos SCS 372 Marina e SCS 367 Favorita. Constatou-se que o genótipo BRS Amélia obteve o pior desempenho para o parâmetro avaliado. Conclui-se que, com exceção da cultivar BRS Amélia, todos os genótipos de batata-doce testados demonstraram alta RI, sendo indicadas para cultivo na região do Oeste Paulista visando produção em áreas com incidência de pragas de solo.

Palavras-chave: melhoramento da batata-doce; resistência genética; danos por insetos.

# RESPOSTAS DE CULTIVARES DE SOJA AO DÉFICIT HÍDRICO INDUZIDO POR PEG

**Leandra Aparecida de Oliveira<sup>1</sup>; Isabella de Castro Silveira<sup>2</sup>; Polianna Alves Silva Dias<sup>3</sup>; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki<sup>4</sup>; Sílvia Barbosa Ferreira<sup>5</sup>; Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>6</sup>**

1 Graduanda em Agronomia. Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí. Urutaí-GO, Brasil. \*leandra.oliveira@estudante.ifgoiano.edu.br

2 Graduanda em Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, Brasil.

3 Professora do Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí. Urutaí-GO, Brasil.

4 Professor do Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, Brasil.

5 Doutoranda em Genética e Bioquímica. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, Brasil.

6 Professora do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, Brasil.

A ocorrência de adversidades climáticas está diretamente ligada no insucesso do cultivo da soja, com destaque para o estresse hídrico, considerado uma das principais causas para a não maximização do potencial produtivo da cultura. Diante disso, tornam-se necessários estudos em programas de melhoramento, a fim de, identificar cultivares de soja tolerantes ao déficit hídrico. Os objetivos do trabalho foram avaliar as respostas de cultivares de soja em condição de déficit hídrico induzido por polietileno-glicol (PEG) 6000 e determinar caracteres que permitam a identificação de cultivares de soja tolerantes ao déficit hídrico. O experimento foi conduzido no Laboratório de Análise de Sementes do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia-MG. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos completos casualizados, em esquema fatorial 2 x 16, sendo dois potenciais osmóticos (0 MPa e -0,2

MPa) induzidos por PEG 6000, e 16 genótipos de soja (TMG 801, TMG 2158 IPRO, BRS 7270 IPRO, NA 5909 RG, NS 6909 IPRO, UFUS Tikuna, UFUS 7415, UFUS 7401, BMX Desafio RR, BRSMG 68, UFU\_P18, UFU\_P39, UFU\_P34, UFU\_P2, UFU\_P32 e UFU\_P10), com quatro repetições. Os caracteres avaliados foram: porcentagem de germinação (%G), comprimento de parte aérea (CPA), comprimento da raiz (CR), matéria de raiz fresca (MRF) e matéria total seca (MTS). Os dados foram submetidos à análise de variância e quando o teste F foi significativo, as médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve variabilidade entre os genótipos para todos os caracteres avaliados e interação significativa entre genótipos e potenciais osmóticos para comprimento de raiz. Observou-se a redução de todos os caracteres avaliados quando os genótipos foram submetidos ao déficit hídrico (-0,2 MPa). Sob restrição hídrica, nove cultivares apresentaram maior CR, cujas médias oscilaram de 5,14 cm (UFUS 7401) a 6,71 (BRS 7270 IPRO). As cultivares BRS 7270 IPRO, NS 6909 IPRO e TMG 2158 IPRO apresentaram os melhores desempenhos também para os demais caracteres avaliados, independente do potencial osmótico e merecem destaque.

Palavras-chaves: *Glycine max*; polietilenoglicol; potenciais osmóticos.

# SELEÇÃO DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA RESISTÊNCIA AO VÍRUS DO MOSAICO

Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro<sup>\*</sup>; Michel Rodrigues da Silva<sup>1</sup>; Vinícius Filgueiras Nogueira<sup>1</sup>; Márcio Lisboa Guedes<sup>2</sup>; Renato de Carvalho Menezes<sup>3</sup>; Bruna Mendes de Oliveira<sup>4</sup>

1 Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.  
<sup>\*</sup>marianapablinny@discente.ufg.br

2 Pesquisador do Programa de Melhoramento Genético em Cana-de-Açúcar, da Universidade Federal de Goiás. Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético. Goiânia-GO, Brasil.

3 Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

4 Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil;.

O mosaico é uma das principais viroses que afetam a cultura da cana-de-açúcar, causando grandes prejuízos econômicos. Ele é causado por um subgrupo de quatro espécies distintas de *Potyvirus* que infectam diferentes poáceas: *Sugarcane mosaic virus* (SCMV), *Maize dwarf mosaic virus* (MDMV), *Johnsongrass mosaic virus* (JGMV) e *Sorghum mosaic virus* (SrMV). Contudo, no Brasil, apenas a espécie SCMV é encontrada infectando naturalmente cana-de-açúcar. O objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de genótipos de cana-de-açúcar em relação ao vírus do mosaico por meio de inoculação artificial. Foram avaliados 12 clones em fase final do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucreenergético, na Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG) e a cultivar IAC91-1099, utilizada como testemunha suscetível. Para o preparo do inóculo, foram coletas folhas com sintomas de mosaico na cultivar suscetível Co740. A inoculação foi realizada 60 dias após o plantio. Após o preparo do inóculo, foi acrescentado

carborundum na solução, esse material é abrasivo, sendo utilizado para causar ferimentos nas folhas e permitir a entrada do vírus. A inoculação foi realizada em casa de vegetação, com auxílio de um compressor de ar. Após a inoculação, a cada 30 dias, foi realizada uma avaliação de incidência de mosaico, calculando a porcentagem de plantas com a presença dos sintomas nas folhas dos genótipos, sendo no total cinco avaliações. Além disso, para avaliar a severidade da doença foi utilizada uma escala de sintomas com notas de 1 a 4. Os dados de severidade da doença foram transformados por  $\ln(x+5)$  para atender aos pressupostos da análise de variância (ANOVA). Os dados foram submetidos à análise de variância, com delineamento de blocos casualizados, as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott. Foi observada diferença significativa entre os clones para severidade e incidência de mosaico ( $p$ -valor  $< 0,05$ ). A testemunha apresentou a maior incidência e também a maior severidade. Os clones RBo74046, RBo64128 e RBo94187 apresentaram médias de incidência e de severidade iguais estatisticamente à cultivar IAC91-1099, sendo classificados como suscetíveis ao mosaico. Já os clones RBo64773, RBo74090, RBo74067, RBo64204, RBo64292, RBo74092 foram considerados resistentes por apresentarem as menores médias de incidência e severidade, e serem estatisticamente semelhantes. O clone RBo74092 destacou-se por não apresentar plantas com sintomas de mosaico. Os clones classificados como resistentes ao mosaico têm potencial de serem lançados comercialmente como cultivares de cana-de-açúcar e também podem ser utilizados como genitores no programa de melhoramento da cana-de-açúcar.

Palavras-chave: *Sugarcane mosaic virus*; severidade; melhoramento de plantas.

Agradecimento: RIDESA-UFG

# SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO F<sub>2</sub> TOLERANTES A ALTAS TEMPERATURAS DO AR

Joana Nascimento Mercês de Oliveira<sup>1\*</sup>; Bruno Da Rocha Toroco<sup>2</sup>; Guilherme José Almeida Oliveira<sup>2</sup>; Jair Garcia Neto<sup>3</sup>; Murilo Henrique Souza Leal<sup>2</sup>; André Ricardo Zeist<sup>4</sup>

1 Graduada em Biologia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil. \*joana140@gmail.com

2 Graduandos em Agronomia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil.

3 Mestrando em Agronomia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil.

4 Professor da Graduação e Pós-Graduação em Agronomia. Universidade do Oeste Paulista. Presidente Prudente-SP, Brasil.

Mudanças climáticas relacionadas ao aquecimento global têm reduzido a ampla produção em trópicos e preocupado a população em geral devido a susceptibilidade das plantas as altas temperaturas. Com isso, torna-se necessária explorar a variabilidade interespecífica do tomateiro que possui capacidade de adaptar-se em diferentes climas e altitudes, visando assim desenvolver genótipos capazes de suportar e manter a produção sob altas temperaturas do ar. Objetivou-se desenvolver e selecionar genótipos de tomateiro F<sub>2</sub> com tolerância a altas temperaturas do ar, obtidos a partir do cruzamento interespecífico de linhagens de tomateiro *S. lycopersicum* com características para *consumo in natura* e processamento com a espécie silvestre *S. habrochaites* var. *hirsutum* acesso PI 127826 (genótipo tolerante as altas temperaturas do ar). Foram utilizadas 300 sementes da população F<sub>2</sub> ('Santa Clara' × 'PI 127826'), 300 sementes da população F<sub>2</sub> ('Redenção' × 'PI 127826'), 30 sementes do controle doador acesso PI 127826 e 30 sementes das cultivares comerciais Santa Clara e Redenção. Essas foram avaliadas em câmaras com temperatura diurna de 36°C e noturna de 28°C em base de

parâmetros de crescimento e injúrias por altas temperaturas. Os genótipos  $F_2$  que se sobressaíram nessas condições foram novamente avaliados em ambiente com temperaturas diurnas de  $40.6\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 2.1$  e noturnas de  $30.4\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 1.7$ , explorando-se também a viabilidade dos grãos de pólen e receptividade do estigma. Os controles comerciais foram os mais suscetíveis e o acesso PI 127826 demonstrou-se ser promissor para possibilitar o desenvolvimento de genótipos tolerantes as altas temperaturas do ar. Os genótipos  $F_2$  ('Santa Clara'  $\times$  'PI 127826') UZIP-85, UZIP-93, UZIP-121, UZIP-176 e UZIP-274 e os  $F_2$  ('Redenção'  $\times$  'PI 127826') UZIP-14, UZIP-40 UZIP-71, UZIP-174, UZIP-245 e UZIP-293 foram selecionados para avanços na obtenção de linhagens com background para processamento industrial e consumo in natura, respectivamente e tolerantes as altas temperaturas do ar.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*; *Solanum habrochaites*; receptividade do estigma; tolerância ao calor; viabilidade do pólen.

Agradecimento: FAPESP (Processo 20/11500-8).

# SELEÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA EFICIENTES NO USO DE ÁGUA POR MEIO DE ANÁLISES MULTIVARIADAS

Jhean Torres Leite<sup>1</sup>; Divino Rosa dos Santos Junior<sup>1</sup>; Uéilton Oliveira Alves<sup>1</sup>; Samuel Henrique Kamphorst<sup>2</sup>; Valter Jário de Lima<sup>2</sup>; Valdinei Cruz Azevedo<sup>3</sup>; Antônio Teixeira do Amaral Junior<sup>4</sup>

1 Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.  
\*torresjhean@gmail.com

2 Pós-doutorando na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

3 Graduando em Agronomia. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

4 Professor na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

A busca por germoplasma produtivo e adaptado a condições adversas é uma ação importante para mitigar os efeitos nocivos das mudanças climáticas, traduzidos pelos eventos de seca no solo. Objetivou-se identificar o potencial produtivo de 50 linhagens de milho-pipoca cultivadas em condição de campo, em duas safras (CS) (2020 e 2021) e sob condições hídricas (WC) contrastantes, *water stressed* (WS) ( $\geq -1.5$  MPa) e *well watered* (WW). Independente da CS, a suspensão da irrigação ocorreu 15 dias antes da antese masculina. Características morfoagronômicas, fisiológicas e do sistema radicular foram avaliadas. Realizou-se a análise de variância conjunta e individual, além da análise multivariada GGE biplot. De maneira geral, todas as características revelaram interações significativas para CS\*WC, CS\*genótipo (G), WC\*G e CS\*WC\*G. Para CS, reduções expressivas (> 15%) entre as WC (relação entre WS e WW) foram observadas nos valores de massa de 100 grãos (100GW - 15.50%), capacidade de expansão

(PE - 21.45%), rendimento de grãos (GY - 69.67%), volume de pipoca expandida por ha (EPV - 75.89%), número de fileira de grãos por espiga (RNE - 18.30%), altura de plantas (PH - 17.55%), e teor relativo de clorofila (SPAD - 49.11%) na CS 2020; e em PE (15.35%), GY (36.81%), EPV (45.70%), SPAD (56.34%), e índice de balanço de nitrogênio (NBI - 26.62%) na CS 2021. A alta plasticidade fenotípica, decorrente das interações significativas, fez com que os experimentos fossem analisados de forma individual, o que representa um desafio adicional para melhorista de pipoca, pois os programas de melhoramento devem ser individualizados para cada condição hídrica. Percebeu-se que as características SPAD, 100GW, GY, PE e número de grãos por espiga (GNE) apresentaram maior impacto para a seleção dos genótipos. Independente da WC e CS, de forma conjunta, as linhagens ideais foram L294 e L688 para PE; L691 e L480 para GY; e L291 e L292 para ambas as características. Os caracteres SPAD, 100GW e GNE poderão contribuir na seleção indireta, independente de WC e CS. Recomendam-se as linhagens L294, L691, L291 e L292 para a obtenção de híbridos produtivos e adaptados à seca.

Palavras-chave: recursos genéticos; seca; mudanças climáticas.

Agradecimento: CAPES, FAPERJ e CNPQ

# SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE CLONES DE ABACAXIZEIRO POR ÍNDICES DE SELEÇÃO

Dayane Castro Silva<sup>1\*</sup>; Angélica Padilha de Freitas<sup>2</sup>; Debora Sarana Ortolan Arantes<sup>2</sup>;  
João Vitor Rosalen<sup>3</sup>; Rayla Nemis de Souza<sup>4</sup>; Willian Krause<sup>5</sup>

1 Doutoranda em Biotecnologia e Biodiversidade. Universidade Federal de Mato Grosso. Cuiabá-MT, Brasil. \*daykastro@gmail.com

2 Mestras em Ambientes e Sistemas de Produção Agrícola. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.

3 Graduando em Agronomia. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.

4 Mestranda em Ambientes e Sistemas de Produção Agrícola. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.

5 Professor do curso de Agronomia. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.

O abacaxi é considerado uma das principais frutas tropicais do mundo. Os programas de melhoramento genético buscam aumentar a variabilidade genética e obter cultivares com melhor qualidade de fruto. Com isso, no processo de seleção, os índices de seleção possibilitam agregar múltiplas informações visando a escolha de clones promissores com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico simultaneamente. Assim, o objetivo foi avaliar os ganhos genéticos preditos por diferentes índices de seleção via metodologia REML/BLUP, a fim de promover a seleção de clones superiores do programa de melhoramento genético da Unemat. Para isso, utilizou-se 91 clones obtidos dos seguintes cruzamentos: BRS Imperial x Pérola, IAC Fantástico x Jupi, BRS Vitória x Smooth Cayenne e BRS Imperial x Smooth Cayenne. As variáveis analisadas foram altura da planta, número de folhas, comprimento da folha D, massa do fruto com e sem coroa, comprimento e diâmetro médio do fruto,

diâmetro do eixo, quantidade de mudas, sólidos solúveis totais, acidez total e ratio. As análises de predição dos ganhos genéticos e estimativas dos componentes de variância foram realizadas via procedimento REML/BLUP, utilizando o software estatístico genético Selegen. A partir dos valores genotípicos preditos, foram aplicados os índices aditivos de Smith & Hazel, multiplicativo e de “ranks” de Mulamba e Mock. O índice de Smith & Hazel foi o que proporcionou os maiores ganhos genéticos para as características de interesse, além de ganhos mais equilibrados. O maior ganho foi observado para massa do fruto com e sem coroa tendo mais de 20% de incremento. As características comprimento e diâmetro médio do fruto, diâmetro do eixo, altura da planta, comprimento da folha D, número de folhas ativas e acidez total titulável, obtiveram ganho genético baixo, o que não é visto negativamente, visto que o mais interessante ao consumidor e a indústria de processamento são frutos grandes e de bom sabor. As características que são atribuídas ao sabor, sólidos solúveis totais e ratio, tiveram um pequeno decréscimo, na qual não interferirá no sabor tanto in natura quanto processado. Os índices multiplicativos e Mulamba e Mock não foram eficientes nas estimativas de ganhos genéticos para seleção de clones promissores. Os ganhos foram considerados baixos quando não houve decréscimo de características importantes como sólidos solúveis totais, ratio e número de mudas. Isso demonstra que dentre os índices utilizados, o que mais estima os ganhos genéticos positivos em abacaxizeiro é o índice de Smith & Hazel, sendo um índice recomendado para seleção de clones promissores. Por fim, o uso de modelos mistos e o índice de Smith & Hazel, proporcionou a seleção de 11 clones com características superiores, sendo levados para próxima fase do programa de melhoramento genético da Unemat.

Palavras-chave: *Ananas comosus*; índices de seleção; clones superiores.

# USO DE VANT's COMO NOVA TECNOLOGIA DE FENOTIPAGEM DE ALTO RENDIMENTO NA CULTURA DO MILHO EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Jessica dos Santos Oliveira<sup>1\*</sup>; Barbara Nascimento Santos<sup>1</sup>; Kelvin Paixão Farias Ferreira; Nartênia Susane Costa Aragão<sup>1</sup>; José Jairo Florentino Cordeiro Junior<sup>2</sup>; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil. \*jessica1992.oliveira@gmail.com

<sup>2</sup> Professor Doutor, curso de Engenharia Agronômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe – UFS, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – SE.

As técnicas de fenotipagem de alto rendimento vem se tornando um componente importante nos programas de melhoramento de milho para seleção de futuras cultivares. Partindo-se da hipótese de que há eficiência na seleção de genótipos antes da maturidade fisiológica por meio de imagens, objetivou-se determinar a correlação entre a produtividade de grãos e a altura de planta estimada por meio de imagens aérea, durante os estádios vegetativos da cultura, em três espaçamentos distintos. O experimento foi implantado na fazenda Embrapa- Semiárido, localizada no município de Nossa senhora da Glória – SE, no ano de 2021, com o plantio de 4 genótipos em delineamento de blocos casualizados, possuindo 4 repetições e com o esquema em faixas. As parcelas foram formadas por duas linhas que de oito metros, com espaçamento de 0,20 m entre plantas e diferentes espaçamentos entre linhas, sendo eles: 0,60, 0,70, e 0,80 m. Os voos foram realizados 43, 57, 62, 75 e 107 dias após o plantio (DAP) utilizando uma altura de 60 m. Além disso, também foi mensurada a altura de planta de forma manual (APM), por ocasião do florescimento da parcela. A produtividade de grãos (PG) foi determinada a 13% de umidade. A altura de planta por meio das imagens (API) foi estimada por meio da subtração

entre o modelo digital de elevação (MDE) e o modelo digital de superfície (MDS), extraídos do processamento das imagens. Realizou-se análises de correlações utilizando a PG, APM e API. Foram gerados modelos de regressão para quantificar o poder de predição das API sobre a PG. Notou-se que as alturas de plantas por imagens apresentaram correlações positivas com a altura de planta manual e todas as alturas apresentaram correlações negativas com a produtividade. Dentre estes, o voo de 62 DAP apresentou o maior valor de  $R^2$ , explicando 61% da variação do modelo de predição. A correlação entre APM e PG permitiu validar os resultados observados nas correlações existentes entre API e PG. Dentre os resultados obtidos, compreende-se que é possível obter modelos de predição da PG a partir da API captadas por VANTs. Porém, deve-se levar em consideração a melhoria do coeficiente de determinação, visando diminuir o erro de predição. Assim, é promissor o cenário de seleção indireta para genótipos mais produtivos, onde estimativas de API menores podem garantir a seleção de genótipos mais produtivos, antes mesmo da maturidade fisiológica de grãos. A implantação dessa técnica em região semiárida poderá antever fatores abióticos estressantes, característico desse clima.

Palavras-chave: melhoramento vegetal; *Zea mays* L; tecnologia; VANTs; produtividade.

Agradecimento: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), EMBRAPA Semiárido, Universidade Federal de Sergipe (UFS).

# VARIABILIDADE DE ACESSOS DE *Vigna unguiculata* (L.) Walp. DA AGRICULTURA FAMILIAR DA REGIÃO DE PEDRO AFONSO/TO

Aline da Silva Santos<sup>1</sup>; Guilherme Augusto Mendes Silva<sup>2</sup>; Maria Betânia Mendes Alves<sup>2</sup>;  
Míran Peixoto Soares da Silva<sup>1</sup>; Carmen Maria Coimbra Manhães<sup>1</sup>

1 Professora do Ensino Básico Técnico e Tecnológico. Instituto Federal do Tocantins. Campus Avançado Pedro Afonso-TO, Brasil. \*aline.santos@ifto.edu.br

2 Graduandos em Agronomia. Instituto Federal do Tocantins. Pedro Afonso -TO, Brasil.

3 Graduandos em Agronomia. Instituto Federal do Tocantins. Pedro Afonso -TO, Brasil.

O desenvolvimento de cultivares precoces de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] possibilita a realização de até três cultivos por ano em regiões com longo período de estiagem. O objetivo deste experimento foi avaliar a variação para precocidade e selecionar acessos de feijão-caupi da agricultura familiar da região de Pedro Afonso/TO, armazenados na coleção de sementes do Instituto Federal do Tocantins (IFTO) Campus Avançado Pedro Afonso – TO. O experimento foi conduzido na área de campo do IFTO. Avaliou-se oito acessos e duas cultivares como testemunha. A precocidade foi realizada através do levantamento do número de dias da semeadura até a antese da primeira flor. O experimento foi montado em delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram constituídas de fileiras de 6,0 m de comprimento, sendo o espaçamento entre fileiras de 0,6 m e 0,6 entre covas, dentro da fileira, com uma planta por cova. Os dados foram submetidos à análise de variância com aplicação do teste F. As médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5%. A análise de variância mostrou efeito significativo

( $p < 0,01$ ) pelo teste F, indicando existência de variação entre os acessos. A herdabilidade ( $h^2$ ) foi relativamente alta, superior a 76%, mostrando uma menor influência do ambiente, sugerindo a existência de variação de origem genética. A razão  $CVg/CVe$  foi próxima de um (0,9), corroborando com a  $h^2$  como um parâmetro que fornece confiabilidade de estimativa da diversidade genética. Os valores superiores favorecem também à seleção. O teste de Scott-Knott ao nível de 5% de significância agrupou as médias dos acessos em dois grupos. O primeiro grupo contém os acessos de feijão-caupi IFTOPA 05, IFTOPA 08, IFTOPA 03 e a testemunha cultivar BRS Carijó, com floração entre 44 a 50 DAS, mostrando-se mais precoces para florescimento. O segundo grupo formado pelos acessos mais tardios, IFTOPA 19; IFTOPA 20; IFTOPA 11; IFTOPA 06; IFTOPA 14 e a testemunha cultivar BRS Acauã, com início da floração entre 52 a 57 DAS. Os dados mostram há variação para precocidade nos acessos avaliados. É possível praticar a seleção de acessos utilizando o caráter precocidade. Portanto, conclui-se que há variação entre os acessos da coleção de sementes do IFTO *Campus Avançado Pedro Afonso/TO*.

Palavras-chave: feijão-caupi; seleção; coleção de acessos.

Agradecimento: IFTO.

# VARIABILIDADE GENÉTICA DE ISOLADOS DA MURCHA DE *Ceratocystis* EM TECA DOS ESTADOS DE MATO GROSSO E PARÁ

Jeferson Gonçalves de Jesus<sup>1\*</sup>; Vanessa Reniele Souza de Arruda<sup>2</sup>; Laécio Neves Cardoso Junior<sup>3</sup>; Marcelo Henrique dos Santos<sup>2</sup>; Pollyana Regina da Rocha Silva<sup>3</sup>; Thiago Alexandre Santana Gilio<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Biodiversidade – Rede Pró-Centro-Oeste. Universidade Federal do Mato Grosso. Cuiabá – MT, Brasil. \*jeferson\_gjesus@hotmail.com

<sup>2</sup>Mestrando(a) em Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas Universidade Estadual do Mato Grosso. Cáceres – MT, Brasil.

<sup>3</sup>Graduando(a) em Bacharelado em Agronomia. Universidade Estadual do Mato Grosso. Cáceres – MT, Brasil.

<sup>4</sup>Professor Dr. Do curso de Bacharelado em Agronomia na Universidade Estadual do Mato Grosso. Cáceres – MT, Brasil.

No setor florestal o acometimento por pragas e doenças podem ocorrer principalmente via irrigação, tratos culturais, falta de cuidados fitossanitários com as ferramentas, material propagativo contaminado, e outros, dentre as doenças que ocorrem com mais frequência em teca, vale ressaltar a causada pelo fungo *Ceratocystis fimbriata* que causa reduções na produtividade e danos a qualidade da madeira. Para a prevenção ou manejo de doenças em plantas, estudos quanto a variabilidade genética da população do agente causal torna-se de extrema importância, sendo assim o objetivo com esse trabalho foi investigar a diversidade genética de isolados de *Ceratocystis fimbriata* provenientes de teca, utilizando-se marcadores microssatélites. Foram coletados 70 isolados do fungo a partir de coletas nos estados do Mato Grosso e Pará. O fungo foi cultivado em meio MYEA por cerca de 14 dias para posterior extração de DNA, realizada com o kit Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). O DNA obtido desta

extração foi submetido a PCR com primers para 14 loci alvos deste estudo. Posterior a PCR, foi realizada a eletroforese em gel de agarose em concentração de 2,5%, para a separação dos produtos oriundos da amplificação via PCR. As imagens obtidas a partir dos géis, foram submetidas à verificação do tamanho em pares de bases de cada amplicom para cada amostra e cada locos microssatélite. Para a análise de estrutura populacional foi realizada estimativa bayesiana pelo método MCMC. foi elaborada a matriz de distância genética foi estimada pelo método de Provesti, e o dendograma representativo desta variabilidade genética foi elaborado pelo método do vizinho mais próximo (Neighbor-joining Tree) por meio do programa "R". Dos 14 loci estudados todos foram polimórficos, e através de análises de estrutura de população foi possível a identificação de duas populações com introgressão gênica entre elas. Já nas análises de variabilidade genética o dendrograma do vizinho mais próximo dividiu os isolados em três diferentes grupos distintos onde o primeiro grupo foi formado por quatro isolados, o segundo formado por cinco isolados, e o terceiro grupo formado por 61 isolados de *C. fimbriata*. Conclui-se que a variabilidade entre os isolados coletados em Mato Grosso e Pará é alta, fato este que evidencia a necessidade de estudos quanto a variabilidade patogênica, para definição de melhores estratégias para o controle genético deste patógeno em teca.

Palavras-chave: *Tectona grandis*; *Ceratocystis fimbriata*; resistência genética; diversidade genética.

## SOBRE O E-BOOK

---

Tipografia: Alegreya Sans (OTF), Myriad Variable Concept  
Publicação: Cegraf UFG  
Câmpus Samambaia, Goiânia-  
Goiás. Brasil. CEP 74690-900  
Fone: (62) 3521-1358  
<https://cegraf.ufg.br>

---