



II SimGeM Virtual
Edition
2º Simpósio de Genética, Melhoramento
e Conservação de Plantas

Livro de Resumos

Inovações no Melhoramento e Conservação de Plantas

Ailton José Crispim Filho; Angelina Luzia Ciappina; Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa; Carlos de Sousa Silva; Dhiôvanna Corrêia Rocha; Laysla Moraes Coelho; Leonardo Levorato Freire; Lucas Matias Gomes; Ludivina Lima Rodrigues; Priscila Magalhães da Veiga Jardim; Priscilla Neves de Santana; Rodrigo de Sousa Oliveira; Samela Beutinger Cavalheiro; Thaís Ignez da Cruz e Vanessa Cristina da Silva Araujo

(Organizadores)

Cegraf UFG



UFG Universidade Federal de Goiás

Reitor

Edward Madureira Brasil

Vice-Reitora

Sandramara Matias Chaves

Diretora do Cegraf UFG

Maria Lucia Kons

Conselho editorial deste livro

Ailton José Crispim Filho

Angelina Luzia Ciappina

Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa

Carlos de Sousa Silva

Dhiôvanna Corrêia Rocha

Laysla Moraes Coelho

Leonardo Levorato Freire

Lucas Matias Gomes

Ludivina Lima Rodrigues

Priscila Magalhães da Veiga Jardim

Priscilla Neves de Santana

Rodrigo de Sousa Oliveira

Samela Beutinger Cavaleiro

Thaís Ignez da Cruz

Vanessa Cristina da Silva Araújo

Organização:



Apoio:



Patrocínio:



Livro de Resumos

Inovações no Melhoramento e Conservação de Plantas

Ailton José Crispim Filho; Angelina Luzia Ciappina;
Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa; Carlos de
Sousa Silva; Dhiôvanna Corrêia Rocha; Laysla Morais
Coelho; Leonardo Levorato Freire; Lucas Matias
Gomes; Ludivina Lima Rodrigues; Priscila Magalhães
da Veiga Jardim; Priscilla Neves de Santana; Rodrigo
de Sousa Oliveira; Samela Beutinger Cavalheiro;
Thaís Ignez da Cruz e Vanessa Cristina da Silva Araujo

(Organizadores)

Cegraf UFG

© Cegraf UFG, 2021

© Ailton José Crispim Filho; Angelina Luzia Ciappina; Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa; Carlos de Sousa Silva; Dhiôvanna Corrêa Rocha; Laysla Morais Coelho; Leonardo Levorato Freire; Lucas Matias Gomes; Ludivina Lima Rodrigues; Priscila Magalhães da Veiga Jardim; Priscilla Neves de Santana; Rodrigo de Sousa Oliveira; Samela Beutinger Cavalheiro; Thaís Ignez da Cruz; Vanessa Cristina da Silva Araujo, 2021

Projeto Gráfico

Allyson Moreira Goes

Agradecimento à professora *Marcela Pedrosa Mendes Resende*

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) GPT/

BC/UFG

S612	<p>Simpósio de genética, melhoramento e conservação de plantas - SimGeM (2. : 2021). Anais do II Simpósio de genética, melhoramento e conservação de plantas – SimGeM [virtual edition]. Livro de resumos: inovações no melhoramento e conservação de plantas [E-book] / organizadores, Ailton José Crispim Filho ... [et. al.]. – Goiânia : Cegraf UFG, 2021. 140 p.</p> <p>ISBN (E-book): 978-65-89504-72-6</p> <p>1. Agronomia - Congressos. 2. Genética vegetal. 3. Plantas - Conservação. I. Crispim Filho, Ailton José.</p> <p style="text-align: right;">CDU:631.528</p>
------	--

Bibliotecária responsável: Adriana Pereira de Aguiar / CRB1: 3172

Sumário

“SHELF LIFE” DE SEMENTES DE SOJA PRODUZIDAS EM DIFERENTES REGIÕES EDAFOCLIMÁTICAS

Rogê Afonso Tolentino Fernandes; Marcio Andrei Capelin; Laura Alexandra Madella; Ana Claudia Rosa; Fabiana Barrinouevo; Giovani Benin 18

AÇÃO DO PACLOBUTRAZOL NA CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA

Marcus Dhilermando Hora de Souza; Jucieny Ferreira de Sá; Maria Inês de Souza Mendes; Jorge Eduardo dos Santos Melo; Karen Cristina Fialho dos Santos; Antônio da Silva Souza 19

ÁCIDO GIBERÉLICO E MEIOS DE CULTURA NO CRESCIMENTO *IN VITRO* DE EMBRIÕES IMATUROS DE TANGERINEIRA ‘CLEÓPATRA’

Denise dos Santos Vila Verde; Maria Inês de Souza Mendes; Camila Rodrigues Pinto; Karen Cristina Fialho dos Santos; Walter dos Santos Soares Filho; Antônio da Silva Souza 20

ÁCIDO INDOLBUTÍRICO NO ENRAIZAMENTO DE ESTACAS DE PÊRA-DO-CERRADO

Angélica Daiane Lemos do Prado; Jaqueline Lima da Conceição Souza; Luciene Machado da Silva Neri; Muza do Carmo Vieira; Eli Regina Barboza de Souza 21

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE SOJA QUANTO AO RENDIMENTO DE GRÃOS

Vinicius Kunz Fernandes; Marcio Andrei Capelin; Laura Alexandra Madella; Maiara Cecília Panho; Fabiana Barrinouevo; Giovani Benin 22

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE SOJA QUANTO AO RENDIMENTO DE ÓLEO E PROTEÍNA

Laura Alexandra Madella; Marcio Andrei Capelin; Maiara Cecilia Panho; Fabiana Barrinouevo; Ana Claudia Rosa; Giovani Benin 23

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM LINHAGENS DE TRIGO

Davi Soares de Freitas; Caique Machado e Silva; Cleiton Renato Casagrande; Henrique Caletti Mezzomo; Natália de Oliveira Godinho; Maicon Nardino 24

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE LINHAGENS DE TRIGO EM AMBIENTE TROPICAL VIA MODELOS MISTOS

Caique Machado e Silva; Cleiton Renato Casagrande; Henrique Caletti Mezzomo; Gabriel Wolter Lima; João Paulo de Souza Barros; Maicon Nardino 25

AGRUPAMENTO DE TOCHER COM BLUP NA DISCRIMINAÇÃO DE LINHAGENS DE TRIGO

Diana Jhulia Palheta de Sousa; Cleiton Renato Casagrande; Henrique Caletti Mezzomo; Tiago Mateus de Oliveira; Gabriel Freitas Roberto;⁴ Maicon Nardino 26

ANÁLISE DA DIVERSIDADE ENTRE OS ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DO MILHO COM GRÃOS DENTADOS E BRANCO <i>Thiago da Silva Rodrigues; Flávia França Teixeira</i>	27
ANÁLISE DE ALTA RESOLUÇÃO DO GENOMA DE VARIEDADES DE FEIJÃO VIA RESSEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO <i>Beatriz Rosa de Azevedo; Alexandre Siqueira Coelho; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza; Claudio Brondani; Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser; Rosana Pereira Vianello</i>	28
ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE GOIABEIRAS (<i>PSIDIUM GUAJAVA L.</i>) <i>Maria Francisca de Sousa Silva; Rafael da Costa Almeida; Gérson do Nascimento Costa</i>	29
ANÁLISE DE GANHOS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES/PROCEDÊNCIA DE <i>CORDIA TRICHOTOMA</i> (VELLOZO) <i>ARRABIDA EX STEUDEL</i> (LOURO-PARDO) <i>Marlon dos Santos Pereira Birindiba Garuzo; Andrei Caique Pires Nunes; Aline Pinto dos Santos; Felipe Garbeleni Marques</i>	30
ANÁLISE DISCRIMINANTE DE ACESSOS DE COCO-DE-PEDRA <i>SYAGRUS GLAUCESCENS</i> E ESTIMATIVA DE DIVERSIDADE GENÉTICA PELO MÉTODO DE TOCHER <i>Geis Ferreira Neves; Sérgio Yoshimitsu Motoike; Kacilda Naomi Kuki; Sebastián Giraldo Montoya; Silvia Ferreira de Sá; Carlos Mario Gallo Giraldo</i>	31
ANÁLISE MULTIVARIADA PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO <i>Alex Florentino da Silva; Eduarda Santos Silveira; Alisson de Menezes Santos; Beatriz Barreto de Lima; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira</i>	32
ANÁLISE QUALITATIVA E QUANTITATIVA DE ARTIGOS CIENTÍFICOS DE UMA ESPÉCIE DO CERRADO (<i>CAMPOMANESIA ADAMANTIUM</i>) <i>Jaciele Oliveira da Silva; * Edésio Fialho dos Reis; Fabiana Gonçalves dos Reis; Jefferson Fernando Naves Pinto</i>	33
ANÁLISE TRANSCRIPTÔMICA DA INTERAÇÃO ARROZ- <i>RHIZOCTONIA SOLANI</i> <i>Jéssica Leite André; * Priscilla Aguiar Möller; Kellen Cristhina Inácio Sousa; Leila Garcês de Araujo</i>	34
ANÁLISES MULTIVARIADAS PARA CARACTERIZAÇÃO DE DIVERGÊNCIA EM POPULAÇÃO DE MUTANTES DE ARROZ <i>Felipe José Estevão; Jamille Silva dos Santos; Oscar Emilio Ludtke Harthmann; Jefferson Gonçalves Acunha; Luiz Henrique Pegoraro Padilha; Giselle Camargo Mendes</i>	35
APLICAÇÕES CITOGENÉTICAS PARA AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DO EXTRATO AQUOSO FOLIAR DE <i>PIPER AMALAGO</i> EM BIOENSAIO VEGETAL <i>Maria Eliza Soares Queiroz; * Thayllon de Assis Alves; Thammyres de Assis Alves; Milene Miranda Praça Fontes</i>	36

ASPECTOS MORFOMÉTRICOS DE SEMENTES DE *ANNONA SQUAMOSA* L.
PROVENIENTES DE ARACATU, BAHIA

Luã Gabriel Santos Barreto; Jaqueline Alves Rocha; Carolaine Teles Pereira; Alcebiades Rebouças São José; Adriana Dias Cardoso 37

ASSOCIAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS DO FRUTO E DA
PLANTA EM TUCUMANZEIRO-DO-AMAZONAS

*Fernando Carlos Ribeiro Simões; Fábio Medeiros Ferreira; Tãmiza Barros Martins; Tânia Nunes Rodrigues;
Gercy Correia Barros Filho; Maria do Socorro Barros Martins* 38

AValiação BIOMÉTRICA DE CULTIVARES DE GLADÍOLOS CULTIVADOS NAS
CONDIÇÕES DO CENTRO-OESTE BRASILEIRO

*Leidiane Santana das Neves; Maria Helena Menezes Cordeiro; Rafael Benetti;
Kamilla Ferreira Rezende; Celice Alexandre Silva* 39

AValiação DA ORDEM DE GENES DOMINANTES NA HERDABILIDADE DA
TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM CARACTERES DE RAIZ DE MILHO-PIPOCA

*Matheus Pereira Ribeiro; José Marcelo Soriano Viana; Vinícius Costa Almeida; Aloísio Fernando da Silva Ribeiro;
Leonardo Alves Risso; Hélcio Duarte Pereira* 40

AValiação DA PRODUTIVIDADE DE 10 GERMOPLASMAS DE CEBOLA NA
REGIÃO DO ALTO VALE DO ITAJAÍ, SC

Gerson Henrique Wamser; Daniel Pedrosa Alves; Cândida Elisa Manfio 41

AValiação DE DIFERENTES MÉTODOS DE MICROPROPAGAÇÃO DE
BANANA MAÇÃ CV. GOIANA

Anna Karolina Neves dos Santos; Maurízia de Fátima Carneiro; Paulo Roberto Faria; Sérgio Tadeu Sibov 42

AValiação DE GENÓTIPOS DE MILHO E SORGO QUANTO AO POTENCIAL
FORRAGEIRO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO

*Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira; Tãmara Rebecca Albuquerque de Oliveira; Maisa Nascimento Carvalho;
Eduarda Santos Silveira; Alisson de Menezes dos Santos* 43

AValiação DE GENÓTIPOS QUANTO À PRECOCIDADE PARA A
PRODUÇÃO DE FEIJÃO VERDE

*Emanuel Magalhães da Costa; Angela Maria dos Santos Pessoa; Leslyene Maria de Freitas; Tomil Ricardo Maia de Sousa;
Ana Kelly Firmino da Silva; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini* 44

AValiação DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA MAIS PRODUTIVAS EM
SISTEMAS COM INOCULAÇÃO COM RIZÓBIO

*Carlos de Sousa Silva; Lucas Matias Gomes; Sâmela Beutinger Cavalheiro; Leonardo Cunha Melo;
Thiago Lívio Pessoa Oliveira; Helton Santos Pereira* 45

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA PARA SELEÇÃO DE GENITORES TOLERANTES AO ALUMÍNIO POR MEIO DE CARACTERES DE RAIZ	
<i>Ana Carolina de Souza; José Marcelo Soriano Viana; Matheus Pereira Ribeiro; Vinícius Costa Almeida; Leonardo Alves Risso; Hélcio Duarte Pereira</i>	46
AVALIAÇÃO DE PRODUÇÃO TOTAL E NÚMERO DE RAÍZES DE BATATA-DOCE DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EPAGRI	
<i>Candida Elisa Manfio; Gerson Henrique Wamser; Daniel Pedrosa Alvez; João Vieira Neto; Fabio Satoshi Higashikawa; Renata Sousa Resende</i>	47
AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE <i>PHYSALIS IXOCARPA</i> COM BASE EM DESCRITORES DE FRUTO	
<i>Jainara Ferreira Leal; Jonathan Said Tejeda Orellana; Luiz Claudio Costa Silva; Adriana Rodrigues Passos</i>	48
AVALIAÇÃO QUÍMICA DE GENÓTIPOS DE CAFÉ CONILON IRRIGADO NO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL	
<i>Sônia Maria Costa Celestino; Pedro Ivo Aquino Leite Sala; Renato Fernando Amabile; Juaci Vitória Malaquias; Igor Alencar de Carvalho; Adriano Delly Veiga</i>	49
BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE SERINGUEIRA (<i>HEVEA SPP.</i>) DA EMBRAPA CERRADOS	
<i>Josefino de Freitas Fialho; Wanderlei Antônio Alves de Lima; Ailton Vitor Pereira; Nilton Tadeu Junqueira; Marcelo Fideles Braga</i>	50
CARACTERÍSTICAS BIOMÉTRICAS DE SEMENTES DE <i>ANNONA SQUAMOSA L.</i> PROVENIENTES DE CANDIBA, BAHIA	
<i>Jaqueline Alves Rocha; Luã Gabriel Santos Barreto; Carolaine Teles Pereira; Alcebíades Rebouças São José; Adriana Dias Cardoso</i>	51
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS DE SORGO FORRAGEIRO EM CULTIVOS DE SEGUNDA SAFRA	
<i>Denise Caragnato Parisotto; Janaine Aparecida Poli dos Santos; Maria Antonia Bortolucci da Rosa; Adriano Nicoli Roecker; José Avelino Santos Rodrigues; Flávio Dessaune Tardin</i>	52
CARACTERIZAÇÃO BIOMÉTRICA DOS FRUTOS DO TUCUMÃ-DO-AMAZONAS COMERCIALIZADOS NO MUNICÍPIO DE ITACOATIARA-AM	
<i>Tâmiza Barros Martins; Maria do Socorro Barros Martins; Tânia Nunes Rodrigues; Fábio Medeiros Ferreira; Fernando Carlos Ribeiro Solimões; Auria Régis Nascimento da Silva</i>	53
CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE FEIJÃO DO GRUPO CARIOCA E PRETO POR MEIO DE ATRIBUTOS NUTRICIONAIS	
<i>Alison Fernando nogueira;* Jessica Delfini;¹ Luriam A. B. Ribeiro;¹ Nicholas Vieira de Sousa; Silas Mian Alves; Vania Moda Cirino</i>	54
CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANGUEIRA (<i>MANGIFERA INDICA, L.</i>) QUANTO À INCIDÊNCIA DE ANTRACNOSE (<i>COLLETOTRICHUM GLOEOSPORIOIDES PENZ.</i>)	
<i>Ian Santana Freitas; Hermes Peixoto Santos Filho; Nelson Fonseca</i>	55

CARACTERIZAÇÃO EM FRUTOS DE *CAPSICUM ANNUUM L.*

Elisandra da Silva Sousa; Mailson Monteiro do Rêgo; Angela Maria dos Santos Pessoa; Kaline da Silva Nascimento; Cristine Agrine Pereira dos Santos Rodrigues; Elizanilda Ramalho do Rêgo 56

CARACTERIZAÇÃO ENZIMÁTICA DO FILTRADO DO FUNGO MICORRÍZICO DE *WAITEA CIRCINATA*

Jeffé Barbosa Silva; Fabrícia Paula de Faria; Rosália S. Amorim; Leila Garcia de Araújo 57

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE CAJUÍ (*ANACARDIUM SP.*) DO CERRADO SUL MARANHENSE.

Ana Carolina de Assis Dantas; Kaelly de Maria Alves França; Layla Fernanda Camara Sousa; Luis Fernando Camara Sousa Rocha; Richardson Soares de Souza Melo 58

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA CULTIVADAS POR AGRICULTORES FAMILIARES

Abraão Rodrigues de Almeida; Alciele da Silva Leite; Jane Clésia Silva dos Santos; Isabel Correia da Silva; Iane Rodrigues de Almeida; José Carlos da Costa 59

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS E COMERCIAIS DE MILHO CULTIVADAS NO ESPÍRITO SANTO

Wagner Bastos dos Santos Oliveira; Diego Pereira do Couto; Jéssika Santos de Oliveira; Sheila Cristina Prucolli Posse; Adésio Ferreira; Marcia Flores da Silva Ferreira 60

CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL DE ACESSOS DE FEIJÃO VAGEM

Alison Fernando Nogueira; Jessica Delfini; Aida Satie Suzuki Fukuji; Nicholas Vieira de Sousa; José dos Santos Netos; Vania Moda Cirino 61

COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA EM ÍNDICES DE SELEÇÃO COM BLUPS NO MELHORAMENTO DE TRIGO

Higor de Queiroz Ribeiro; Cleiton Renato Casagrande; Henrique Caletti Mezzomo; Tiago Mateus de Oliveira; Giulia Heloisa Lima Oliveira; Maicon Nardino 62

CONCENTRAÇÕES DE AGENTE GELIFICANTE NA MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE *DIOSCOREA SPP.*

Leila Vasconcelos Costa Nobre; Camila Rodrigues Pinto; Denise dos Santos Vila Verde; Maria Inês de Souza Mendes; Karen Cristina Fialho dos Santos; Antônio da Silva Souza 63

CONSERVAÇÃO EX SITU DA ESPÉCIE *RADDIA GUIANENSIS* EM DOIS AMBIENTES DE RESTRIÇÃO LUMINOSA

Luciana Santos Lobo; Francisco dos Santos Neto; Viviane de Jesus Carneiro; Marielly da Luz Santos; Reyjane Patrícia de Oliveira; Claudinéia Regina Pelacani 64

CONTRIBUIÇÃO DOS CARACTERES E DESCARTES DE DESCRITORES EM <i>OPUNTIA FÍCUS-INDICA</i> MILL. UTILIZANDO O COEFICIENTE DE PONDERAÇÃO DAS VARIÁVEIS CANÔNICAS <i>Gabriela Barreto Mota; Mariana Santos de Jesus; Adriana Passos Rodrigues</i>	65
CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE HASTES FLORAIS DE PALMA DE SANTA RITA <i>Maria Helena Menezes Cordeiro; Leidiane Santana das Neves; Rafael Benetti; Kamilla Ferreira Rezende;² Celice Alexandre Silva</i>	66
CORRELAÇÃO ENTRE COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE GRÃOS DE MILHO AVALIADO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO <i>Jessica dos Santos Oliveira; Eduarda Santos Silveira; Paula Cristina Ferreira Bispo; Laila Gabrieli dos Santos Vitor; Darliton Alex Silva Feitosa;¹ Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira</i>	67
CORRELAÇÃO GENOTÍPICA E FENOTÍPICA ENTRE CARACTERES DE FRUTOS DE PEQUIZEIRO (<i>CARYOCAR BRASILIENSE</i>) COM E SEM ESPINHOS NO ENDOCARPO <i>Bruno Henrique Gomes; Mariana Gonçalves Mendes; Marcos Vieira de Faria; Ana Maria Bonetti; Ana Paula Oliveira Nogueira</i>	68
CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES FISIOLÓGICOS E AGRONÔMICOS DE TRIGO TROPICAL UTILIZANDO REML/BLUP <i>Victor Silva Signorini; Henrique Caletti Mezzomo; Cleiton Renato Casagrande; Caique Machado e Silva; Jucilene Araujo; Maicon Nardino</i>	69
CORRELAÇÕES DE MÚLTIPLOS CARACTERES PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE <i>PHYSALIS ANGULATA</i> <i>Rafael Cruz Cordeiro; Adriana Rodrigues Passos; Edgar dos Santos Batista; José Williano de Souza Farias; Jonathan Said Tejada Orellana; Luiz Cláudio Costa Silva</i>	70
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE COMPONENTES FENOLÓGICOS DE GENÓTIPOS DE MILHO AVALIADOS NO SEMIÁRIDO SERGIPANO <i>Barbara Nascimento Santos; Eduarda Santos Silveira; Kelvin Paixão Farias Ferreira; Darliton Alex Silva Feitosa; Alex Florentino da Silva; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira</i>	71
CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS ENTRE VARIÁVEIS FISIOLÓGICAS E AGRONÔMICAS DE LINHAGENS DE TRIGO <i>Chainheny Gomes de Carvalho; Henrique Caletti Mezzomo; Cleiton Renato Casagrande; Caique Machado e Silva; Higor Ribeiro; Maicon Nardino</i>	72
CRESCIMENTO VEGETATIVO DE CLONES DE <i>COFFEA CANEPHORA</i> EM ESTÁDIO JUVENIL, NO AMAZONAS <i>Raniel Costa da Silva; Joebe Mello Batista; Erickson Oliveira da Silva; Cauê Trivellato; Andrey Luís Bruyuns de Souza; Fabio Medeiros Ferreira</i>	73

DEPÓSITOS DE DADOS GENÔMICOS PARA <i>HANCORNIA SPECIOSA</i> GOMES <i>Valdinete Vieira Nunes; Crislaine Costa Calazans; Juliana Lopes Souza; Sara Lorena de Pádua Souza; Izabel de Jesus Candido; Renata Silva-Mann</i>	74
DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO EM CONDIÇÕES SEMIÁRIDAS <i>Beatriz Barreto de Lima; Paula Cristina Ferreira Bispo;¹ Eduarda Santos Silveira; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira</i>	75
DESEMPENHO DE PÉS FRANCOS DE SERINGUEIRA DA REGIÃO AMAZÔNICA EM SOLO DO CERRADO <i>Wanderlei Antônio Alves de Lima; Leo Duc Haa Carson Schwartzhaupt; Josefino de Freitas Fialho; Ailton Vitor Pereira; Nilton Tadeu Vilela Junqueira.</i>	76
DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES MODERNAS DE SOJA <i>Ana Cláudia Rosa; Maiara Cecilia Panho; Laura Alexandra Madella;¹ Marcio Andrei Capelin; Fabiana Barrinouevo; Giovani Benin</i>	77
DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE <i>PHYSALIS IXOCARPA</i> BROT., BASEADA EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS <i>Jonathan Said Tejeda Orellana; José Williano de Souza Farias; Rafael Cruz Cordeiro; Edgar dos Santos Batista; Luiz Cláudio Costa Silva; Adriana Rodrigues Passos</i>	78
DIVERSIDADE GENÉTICA A PARTIR DE DADOS COMPUTACIONAIS SIMULADOS PARA FINS DE CONSERVAÇÃO EM POPULAÇÕES NATURAIS SOB DERIVA GENÉTICA <i>Lucas Gabriel Souza Santos; Aldair Silva Franca; Luciana Lima dos Reis; Daniela Acosta Brito; Ricardo Franco Cunha Moreira.</i>	79
DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE PALMA FORRAGEIRA (<i>OPUNTIA FÍCUS-INDICA</i> MILL.) UTILIZANDO DESCRITORES AGRONÔMICOS E BROMATOLÓGICOS <i>Mariana Santos de Jesus; Adriana Passos Rodrigues</i>	80
DIVERSIDADE GENÉTICA EM HÍBRIDOS DE <i>PHYSALIS ANGULATA</i> L. PARA CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS <i>José Williano de Souza Farias; Jonathan Tejeda Orellana; Rafael Cruz Cordeiro; Edgar dos Santos Batista; Adriana Passos Rodrigues; Luiz Cláudio Costa Silva</i>	81
DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÃO DE <i>STIGMAPHYLLON PARALIAS</i> <i>Witalo da Silva Sales; Maílson Monteiro do Rêgo; Angela Maria dos Santos Pessoa; Joabe Freitas Crispim; José Ayron Moraes de Lima; Elizaniilda Ramalho do Rêgo</i>	82
DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MACAÚBA (<i>ACROCOMIA ACULEATA</i>) BASEADA EM CARACTERES DE FLORAÇÃO <i>Pauliana Aparecida da Silva; Edilson Marques Junior; Emilano Henriques; Lucas Fagundes da Silva; Luana Aparecida de Oliveira</i>	83

EFEITO DE BAP E TDZ NO CULTIVO <i>IN VITRO</i> DE SEGMENTOS NODAIS DE MIRTILO <i>Grazieli Minozzo; Daiane Aparecida Carpenedo; Danieli Ferneda Candido</i>	84
EFEITO DO ESPAÇAMENTO NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E NA PRODUTIVIDADE DE CLONES HÍBRIDOS DE EUCALIPTO (<i>EUCALYPTUS SP.</i>) <i>Rodrigo de Sousa Oliveira; Jéssica Leite André; Evandro Novaes</i>	85
ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO NO SEMIÁRIDO SERGIPANO <i>Eduarda Santos Silveira; Alex Florentino da Silva; Alisson de Menezes Santos; Beatriz Barreto de Lima; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira</i>	86
ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE <i>GLYCINE MAX</i> MEDIANTE AVALIAÇÃO DE DOENÇAS FOLIARES <i>Rânia Nunes Oliveira Moraes; Fernando Hígino de Lima e Silva; Gustavo André Simon</i>	87
ESTIMATIVA DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS EM FRUTOS VIA ANÁLISE DE IMAGEM DIGITAL <i>Adrielen Laiza Valiguzski; Cleudiane Lopes Leite; Fabio Romario Guerra; Kevelin Barbosa Xavier; Dalcirlei Pinheiro Albuquerque; Sergio Alessandro Machado Souza</i>	88
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES DE PRODUÇÃO DE FEIJÃO-FAVA <i>Guilherme Alexandre Luz da Costa Raimunda Vieira de Pinho Maria de Fátima Brito Vieira Verônica Brito da Silva Ângela Celis de Almeida Lopes Regina Lucia Ferreira Gomes.</i>	89
ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES EM ESTADIO INICIAL EM PROGÊNIES DE BARUEIRO EM DIFERENTES ESTAÇÕES DO ANO <i>Láisse Danielle Pereira; Helen Cristine da Silva Cruvinel; Daniel Victor Gonçalves Santos; Carlos Henrique de Lima e Silva; Cinthia Azevedo Silva; Fernando Hígino de Lima e Silva</i>	90
ESTIMATIVA DO NÚMERO CROMOSSÔMICO EM <i>CALOPHYLLUM BRASILIENSE</i> CAMBESS <i>Lavínia Barbosa Oliveira; * Guilherme Mendes de Almeida Carvalho; Jéssica Coutinho Silva; Wellington Ronildo Clarindo</i>	91
ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES DE FRUTO DE TOMATE CEREJA <i>Viviane Cruz de Almeida; Marilene Hilma dos Santos; Pâmella Roberta Tavares Pequeno; Thiago Franco de Paulo; Lucas Guedes Rodrigues</i>	92
ESTRUTURA E FUNÇÃO DE GENES CLOROPLASTIDIAIS EM <i>PTERODON EMARGINATUS</i> E <i>PTERODON PUBESCENS</i> (LEGUMINOSAE) <i>Juliana Borges Pereira Brito Freitas; * Adriana Maria Antunes; Thannya Nascimento Soares.</i>	93

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA CONTEÚDO DE ÓLEO, PROTEÍNA E ÁCIDOS GRAXOS EM SEMENTES DE SOJA <i>Bianca Muriel Gonçalves; Keyla de Oliveira Ribeiro; Pedro Henrique de Souza; Miriam Suzane Vidotti; Alexandre Siqueira Guedes Coelho; Leila Garcês Araújo.</i>	94
ESTUDO DO USO ALTERNATIVO DO SORBATO DE POTÁSSIO NO PROCESSO REGENERATIVO E CONTROLE DE CONTAMINAÇÕES <i>IN VITRO</i> EM CITROS <i>Maria Inês de Souza Mendes; Denise dos Santos Vila Verde; Leila Vasconcelos Costa Nobre; Gabriel Mendes Conceição da Paz; Walter dos Santos Soares Filho; Antônio da Silva Souza.</i>	95
ESTUDOS DE VALIDAÇÃO DE MARCADOR MOLECULAR LIGADO A APOMIXIA PARA SELEÇÃO PRECOCE EM HÍBRIDOS DE <i>PANICUM MAXIMUM</i> JACQ <i>Lucélia de Fátima Santos; Mateus Figueiredo Santos; Andréa Raposo; Liana Jank; Gustavo Vitti Mõro.</i>	96
GERMINAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE <i>CATTLEYA WALKERIANA</i> G. (1843) (ORCHIDACEAE) DO CERRADO <i>Gabriela Divina Alves de Oliveira; * Andréa Mara de Oliveira; Jefferson Moreira de Sousa; Marília Pereira Miranda; Paula Carvalho Vieira; Yara Rodrigues de Souza Deodata.</i>	97
GGE BIPLLOT EM PROGÊNIES DE <i>CORYMBIA</i> PARA GERAÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS <i>Filipe Manoel Ferreira; * Emanuel Ferrari do Nascimento; Leonardo Lopes Bhering.</i>	98
HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES GENÉTICAS EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE MELANCIA <i>Tiago Lima do Nascimento; Flávio de França Souza; Rita de Cássia Souza Dias; Joice Simone dos Santos; Karina Branco de Almeida; Nataniel Franklin de Melo.</i>	99
IDENTIFICAÇÃO DE MÓDULOS DE COEXPRESSION GÊNICA E REGULADORES TRANSCRICIONAIS EM <i>COFFEA ARABICA</i> <i>Samara Mireza Correia de Lemos; * Alexandre Rossi Paschoal; Douglas Silva Domingues.</i>	100
IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE CULTIVARES DE BANANEIRA COM USO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES <i>Gustavo Henrique Ferrero Klabunde; Ramon Felipe Scherer.</i>	101
IMPORTÂNCIA RELATIVA DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E DE DESENVOLVIMENTO GLADIÓLOS SOB CONDIÇÕES DO CENTRO-OESTE BRASILEIRO <i>Rafael Benetti; Maria Helena Menezes Cordeiro; Leidiane Santana das Neves; Kamilla Ferreira Rezende; Celice Alexandre Silva.</i>	102
ÍNDICE DE SELEÇÃO EM TRIGO VIA VALORES GENOTÍPICOS <i>Gabriel Wolter Lima; Cleiton Renato Casagrande; Henrique Caletti Mezzomo; Caique Machado e Silva; Diana Jhulia Palheta de Sousa; Maicon Nardino.</i>	103

INFLUÊNCIA DE LOCAIS DE CULTIVO E ARMAZENAMENTO NO POTENCIAL FISIOLÓGICO DE SEMENTES DE SOJA DE ORIGEM GENÉTICA <i>Fabiana Barrionuevo; Marcio Andrei Capelin; Laura Alexandra Madella; Maiara Cecilia Panho; Ana Cláudia Rosa; Giovani Benin</i>	104
INVESTIGAÇÃO SOBRE O USO E CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NA REGIÃO LESTE DO MARANHÃO <i>Letícia Lima Souza; Antonia Maria Lima Teixeira; Thaísa Viana da Silva; Renata Dourizete Costa Campos; Maria Francisca de Sousa Silva; Gérson do Nascimento Costa</i>	105
LEVANTAMENTO ETNOBOTÂNICO DA JANAGUBA EM COMUNIDADES MARANHENSES <i>Matheus Gomes da Costa; Domingos de Conceição de Sousa; Marilha Vieira Brito</i>	106
MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS NO CONTROLE DA VESPA DA GALHA: INOVAÇÕES TECNOLÓGICAS <i>Crislaine Costa Calazans; Valdinete Vieira Nunes; Juliana Lopes Souza; Fernanda Evangelista de Almeida; Renata Silva-Mann</i>	107
MORFOGÊNESE <i>IN VITRO</i> DE <i>PASSIFLORA OVALIS</i> E <i>PASSIFLORA CONTRACTA</i> <i>Aline dos Santos Bergamin; Cristiana Torres Leite; Milene Miranda Praça Fontes</i>	108
NÍVEL DE PLOIDIA EM GENÓTIPOS DE VINCA (<i>CATHARANTHUS ROSEUS (L.) G. DON.</i>) COM TAMANHOS DE FOLHA CONTRASTANTES <i>Vivian Torres Bandeira Tupper; Tatiana de Oliveira Pinto; Gustavo Torres dos Santos Amorim; Ana Rafaela Oliveira de Jesus dos Anjos; Pedro Corrêa Damasceno Júnior</i>	109
OTIMIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DE <i>CATTLEYA COCCINEA</i> PARA <i>CATTLEYA LUETZELBURGII</i> <i>Maryelle Vanilla de Abreu Cerqueira; André Pinto Lima; Cassio van den Berg</i>	110
OTIMIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM <i>CATTLEYA PFISTERI</i> (PABST & SENGHAS) VAN DEN BERG TRANSFERIDOS DE <i>C. COCCINEA</i> <i>André Pinto Lima; Maryelle Vanilla de Abreu Cerqueira; Cassio van den Berg</i>	111
PARÂMETROS FENOLÓGICOS E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE SORGO GRANÍFERO NO SEMIÁRIDO SERGIPANO <i>Alisson de Menezes Santos; Alex Florentino Silva; Barbara Nascimento Santos; Eduarda Santos Silveira; Paula Cristina Ferreira Bispo; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira</i>	112
PARÂMETROS GENÉTICOS DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL <i>Igor Alencar de Carvalho; Rodolfo Dias Thomé; Felipe Augusto Alves Brige; Samara Dias Rocha Ramos; Pedro Ivo Aquino Leite Sala; Renato Fernando Amabile*</i>	113

<p>PERFIL DOS PRODUTORES QUE REALIZAM CONSERVAÇÃO ON FARM DE VARIEDADES DE FEIJÃO COMUM EM COELHO NETO, MARANHÃO</p> <p><i>Michelle dos Santos Nascimento; Maria Santa de Sousa Silva; Vanessa de Araújo Sousa; Denilson Lopes; Gérson do Nascimento Costa; José Ribamar de Assunção Filho</i></p>	114
<p>POLIETILENOGLICOL COMO INDUTOR DE DÉFICIT HÍDRICO NO SCREENING DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI</p> <p><i>Vanessa Silva Romanoski; *Adérico Júnior Badaró Pimentel; Paulo Roberto de Moura Souza Filho</i></p>	115
<p>PRODUTIVIDADE DE CULTIVARES E POPULAÇÕES AVANÇADAS DE CEBOLA CULTIVADAS EM ITUPORANGA-SC SEM A APLICAÇÃO DE FUNGICIDAS</p> <p><i>Daniel Pedrosa Alves; Gerson Henrique Wamser; Cândida Elisa Manfio; Edivânio Rodrigues de Araújo; Fábio Satoshi Higashikawa</i></p>	116
<p>PRODUTIVIDADE DO FEIJÃO-COMUM TRATADO COM MICRORGANISMOS MULTIFUNCIONAIS</p> <p><i>Cássia Cristina Rezende; Laylla Luanna de Mello Frasca; Mariana Aguiar Silva; Anna Cristina Lanna; Marta Cristina Corsi de Filippi; Adriano Stephan Nascente</i></p>	117
<p>PROGRESSO GENÉTICO EM CARACTERES AGRONÔMICOS DE SOJA</p> <p><i>Maiara Cecilia Panho; Laura Alexandra Madella; Ana Cláudia Rosa; Fabiana Barrinouevo; Marcio Andrei Capelin; Giovani Benin</i></p>	118
<p>PROPAGAÇÃO POR ESTAQUIA DE UVAIA (<i>EUGENIA PYRIFORMIS</i> CAMBESS)</p> <p><i>Jaqueline Lima da Conceição Souza; Muza do Carmo Vieira; Cássia Cristina Rezende; Angélica Daiane Lemos do Prado; Luciana Borges e Silva; Eli Regina Barboza de Souza</i></p>	119
<p>REAÇÃO DE CULTIVARES DE CEBOLA À PODRIDÃO BACTERIANA</p> <p><i>Renata Sousa Resende; Edivânio Rodrigues de Araújo; Cândida Elisa Manfio; Daniel Pedrosa Alvez</i></p>	120
<p>RELAÇÃO DA EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO (EUN) COM A RESPONSABILIDADE DO MILHO À BACTÉRIA PROMOTORA DE CRESCIMENTO <i>AZOSPIRILLUM BRASILENSE</i></p> <p><i>Victor Rodrigo Carneiro Pinheiro; Mariana Zago Marchi; Vinícius Filgueiras Nogueira; Pablo Henrique Pereira de Melo; Marco Aurelio Pureza Inacio; Miriam Suzane Vidotti</i></p>	121
<p>RELAÇÃO ENTRE CARACTERES ANATÔMICO-NUTRICIONAL E DE PRODUÇÃO EM GENÓTIPOS DE GRAMÍNEAS FORRAGEIRAS (<i>CYNODON SP.</i>) VIA ANÁLISE DE TRILHA</p> <p><i>Emanuel Ferrari do Nascimento; Arthur Mayrink Elizeu; Marco Antônio de Amorim Peixoto; Flávio Rodrigo Gandolfi Benites; Fausto de Souza Sobrinho; Leonardo Lopes Bhering</i></p>	122
<p>RELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS DE MILHO</p> <p><i>Marcela de Souza Lopes; Laís Lopes de Castro; Marcio Lisboa Guedes; Marcela Pedrosa Mendes Resende</i></p>	123
<p>REPETIBILIDADE EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS FRUTOS DE TUCUMÃ-DO-AMAZONAS</p> <p><i>Tânia Nunes Rodrigues; Fábio Medeiros Ferreira; Tãmiza Barros Martins; Gercy Correia Barros Filho; Fernando Carlos Ribeiro Simões; Cauê Trivellato</i></p>	124

REPETIBILIDADE ENTRE SEMENTE E PLANTA EM GENÓTIPOS DE MACAÚBA

Silvia Ferreira de Sá; Sergio Yoshimitsu Motoike; Kacilda Naomi Kuku; Geís Ferreira Neves;
Carlos Mario Gallo Giraldo; Wassali Valadares de Sousa 125

RESGATE E MANUTENÇÃO DE SEMENTES DE ESPÉCIES AGRÍCOLAS CRIOULAS NA MICRORREGIÃO DE IPIRANGA DO PIAUÍ

Beatriz de Sousa Santos; Isis Gomes de Brito Souza 126

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO: UMA ABORDAGEM COM MULTI-CARACTERÍSTICAS, MULTI-AMBIENTES E IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPO-IDEÓTIPO

Marco Antônio Peixoto; Emanuel Ferrari do Nascimento; Igor Ferreira Coelho; Jefferson Fernando Naves Pinto;
Edésio Fialho dos Reis; Leonardo Lopes Bhering 127

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM PARA ATRIBUTOS AGRONÔMICOS COM AMPLA ADAPTABILIDADE

Eduardo Almeida Alves; Saulo Muniz Martins; Ludivina Lima Rodrigues; Josivaldo Alves Machado Júnior;
Helton Santos Pereira; Leonardo Cunha Melo 128

SELEÇÃO DE LINHAGENS SUPERIORES DE SOJA PARA A MACRORREGIÃO SOJÍCOLA 2 VIA ÍNDICE FAI-BLUP

Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista; Emanuel Ferrari do Nascimento; Leonardo Lopes Bhering 129

SELEÇÃO DE LINHAS PURAS EM LINHAÇA DOURADA

Ana Caroline B. Konkol; Ana Carolina da C. L. Fioreze; Karol Anne Krassmann; Alison Lucas Garcia;
Clarice Elisabete Antunes; Círio Parizotto 130

SELEÇÃO DE PROTEÍNAS E PEPTÍDEOS DE SEMENTES DE SOJA GERMINADAS COM POTENCIAL AÇÃO CONTRA PATÓGENOS

Wassali Valadares de Sousa; Meire de Oliveira Barbosa; Paulo Roberto Gomes Pereira; Maria Cristina Baracat Pereira 131

SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA PARA CICLO E PRODUTIVIDADE DE SEMENTES DE LINHAÇA DOURADA

Ana Carolina da C. L. Fioreze; Ana Caroline B. Konkol; Karol Anne Krassmann; Alison Lucas Garcia;
Clarice Elisabete Antunes; Círio Parizotto 132

SENESCÊNCIA FOLIAR TARDIA E TOLERÂNCIA À SECA EM ARROZ DE TERRAS ALTAS (O. SATIVA L.) SUPEREXPRESSANDO O GENE OSCPK5

Thaís Ignez da Cruz; Dhióvanna Corrêia Rocha; Rosana Pereira Vianello; João Antônio Mendonça; Claudio Brondani 133

SOLUBILIZAÇÃO DE FOSFATO POR FUNGOS ISOLADOS DA RIZOSFERA DE SOJA

Denise Almeida Fonseca Fiuza; Natasha Taline dos Santos Trombela; Tenille Ribeiro de Souza; Cintia Faria da Silva;
Luciana Cristina Vitorino; Edson Luiz Souchie 134

SUPEREXPRESSION DO GENE OVP1 NA CULTIVAR DE ARROZ BRSMG CURINGA (<i>ORYZA SATIVA L.</i>) <i>Dhiôvanna Corrêia Rocha; Thaís Ignez da Cruz; João Antônio Mendonça; Rosana Pereira Vianello; Claudio Brondani</i>	135
SUPERFAMÍLIAS DE ELEMENTOS TRANSPONÍVEIS IDENTIFICADAS NO GENOMA PARCIAL DE <i>PTERODON PUBESCENS BENTH.</i> (<i>LEGUMINOSAE</i>) <i>Júlio Gabriel Nunes Stival; Thannya Nascimento Soares; Adriana Maria Antunes Taquary</i>	136
TRANSFORMAÇÃO MEDIADA POR <i>AGROBACTERIUM RHIZOGENES</i> EM DUAS VARIEDADES DE <i>MIMOSA GRACILIS BENTH.</i> (<i>FABACEAE - MIMOSOIDEAE</i>) PARA INDUÇÃO DE RAÍZES ADVENTÍCIAS <i>Gabriel Mamédio de Freitas; Sergio Tadeu Sibov</i>	137
VALIDAÇÃO DE MARCADORES SNP ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA A DOENÇAS EM FEIJOEIRO COMUM <i>Lucas Matias Gomes; Joney Pereira Monteiro Júnior; Luana Alves Rodrigues; Leonardo Cunha Melo; Helton Santos Pereira; Rosana Pereira Vianello;⁴ Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza</i>	138
VIABILIDADE POLÍNICA DE ACESSOS DE ARAÇAZEIROS (<i>PSIDIUM CATTLEYANUN</i>) <i>Kevelin Barbosa Xavier; Larissa Souza Viana; Adrielen Laiza Valiguzski; Telma Nair Santana Pereira</i>	139
VIGOR DE SEMENTES DE SOJA COM E SEM APLICAÇÃO DE NITROGÊNIO <i>Marcio Andrei Capelin; Laura Alexandra Madella; Fabiana Barrinouevo; Maiara Cecília Panho; Ana Claudia Rosa; Giovani Benin</i>	140

“SHELF LIFE” DE SEMENTES DE SOJA PRODUZIDAS EM DIFERENTES REGIÕES EDAFOCLIMÁTICAS

Rogê Afonso Tolentino Fernandes;^{1*} Marcio Andrei Capelin;² Laura Alexandra Madella;³
Ana Claudia Rosa;³ Fabiana Barrinouevo;¹ Giovani Benin⁴

Um fator importante na cultura da soja é a qualidade de sementes, definida pelos parâmetros genéticos, físicos, fisiológicos e sanitários. A variabilidade de ambientes no Brasil pode alterar o comportamento da cultura da soja, afetando a quantidade e a qualidade dos grãos colhidos. Arelado a todas as variáveis citadas anteriormente está a armazenagem, que tanto pode retardar, quanto antecipar os processos deteriorativos da semente. Dentre os elementos climáticos, a temperatura é um dos fatores que mais interfere na composição química dos grãos. Variações ambientais que ocorram em qualquer uma das etapas de formação da semente podem impedir que a proteína seja corretamente formada, interrompendo o processo e favorecendo a síntese de óleo e outros compostos. De modo geral, o déficit hídrico associado às altas temperaturas favorece a síntese de óleo em detrimento à proteína nos grãos de soja. Essas variações nos locais de cultivo promovem alterações bioquímicas que podem afetar o período de *Shelf Life* das sementes de soja. O objetivo do presente trabalho foi verificar por meio da análise de envelhecimento acelerado o período de *Shelf Life* de 28 cultivares de soja cultivadas em dois distintos ambientes, inverno de 2018 em Formoso do Araguaia – TO, e na safra 2018/19 em Guarapuava – PR (GUA), bem como, identificar qual local de produção promove maior período de *Shelf Life* nas cultivares testadas após 120 dias de armazenamento. Os genótipos avaliados foram: M5917IPRO, BMXPONTAIPRO, M5730IPRO, BMXGARRAIPRO, M5705IPRO, BMXRAIOIPRO, DM5958IPRO, BMXÍCONEIPRO, BMXELITEIPRO,

AS3730IPRO, AS3610IPRO, BMXLANÇAIPRO, M6210IPRO, NS5959IPRO, NS6909IPRO, NS7709IPRO, M6410IPRO, NS6906IPRO, NS6006IPRO, NA5909RG, M5838IPRO, P95R51IPRO, NS5445IPRO, NS6601IPRO, NS7300IPRO, M5947IPRO, NS6828IPRO e TMG7062IPRO. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. A colheita foi realizada em estádio de maturação fisiológica (R8) com correção para 13% de umidade. O teste de envelhecimento acelerado (EA) para identificação do vigor utilizadas 200 sementes por repetição, e cada amostra será subdividida em quatro subamostras de 50 sementes. Foram utilizadas caixas de poliestireno transparente com tampa (gerbox), contendo 40 ml de água destilada. Sobre os recipientes foi utilizada uma tela de 2mm para a sustentação das sementes. As caixas foram mantidas à temperatura de 41 °C por 48 horas. Após esse período, as sementes foram colocadas para germinar. O local de armazenamento foi à sombra em barracão protegido de umidade sem controle de temperatura. Logo após o período de colheita, observou-se que o vigor médio obtido das cultivares produzidas em Guarapuava-PR e Formoso do Araguaia-TO foram 92,77% e 92,65% respectivamente e, após 120 dias de armazenamento, o vigor médio observado foi de 80,00% e 65,15% respectivamente. Esse resultado demonstra a variação no vigor com maior período de *Shelf Life* para as sementes produzidas na localidade de Guarapuava-PR.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Vigor; *Shelf Life*.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco - PR, Brasil. *afonso412@gmail.com.

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

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

4. Professor da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco - PR, Brasil.

AÇÃO DO PACLOBUTRAZOL NA CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DE GERMOPLASMA DE MANDIOCA

Marcus Dhilermando Hora de Souza;^{1*} Juciemy Ferreira de Sá;² Maria Inês de Souza Mendes;³ Jorge Eduardo dos Santos Melo;⁴ Karen Cristina Fialho dos Santos;⁵ Antônio da Silva Souza⁶

Em programas de melhoramento, é primordial a manutenção da variabilidade genética de plantas, como forma de prevenir a erosão genética. A conservação *in vitro* de germoplasma pode solucionar esse problema, porém ajustes devem ser realizados a fim de promover uma redução nas taxas de crescimento das plantas, que demandam constante manutenção e tornam a atividade dispendiosa. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar a ação de concentrações de Paclobutrazol (PBZ) em variedades de *Manihot esculenta* Crantz, a fim de aprimorar seu protocolo de conservação *in vitro* sob condições de crescimento mínimo. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em delineamento inteiramente casualizado e esquema fatorial 5 x 5, sendo cinco genótipos (BGM 2041, BGM 0264, BGM 2017, TME 14 e 98 180-06) e cinco doses de PBZ (0,0 mg L⁻¹; 0,1 mg L⁻¹; 0,2 mg L⁻¹; 0,3 mg L⁻¹ e 0,4 mg L⁻¹), com 15 repetições. Miniestacas com 1 cm de comprimento foram introduzidas em tubos de ensaio contendo 10 mL do meio de cultura MS acrescido das doses de PBZ e cultivadas por 120 dias em sala de crescimento, sob temperatura de 27 ± 1°C, fotoperíodo de 16 horas e intensidade luminosa de 30 μmol m⁻² s⁻¹. Foram avaliadas as variáveis altura da planta (AP, cm), número de folhas vivas (NFV), número de folhas senescentes (NFS), número de miniestacas (NME), número de brotos (NB), massas frescas de parte aérea

(MFPA, mg) e de raízes (MFR, mg) e massas secas de parte aérea (MSPA, mg) e de raízes (MSR, mg). Todas as variáveis apresentaram comportamento altamente significativo para a interação entre os fatores. Para AP, o menor valor foi obtido nas doses de PBZ de 0,21 mg L⁻¹ para TME 14 (9,12 cm). O maior valor para NFV foi alcançado na concentração de 0,13 mg L⁻¹ para BGM 98 180-06 (2,25). Para NFS, foi observada a menor média na dose de 0,4 mg L⁻¹ do PBZ para BGM 0264 (5,25). Quanto ao NME, o genótipo 98 180-06 foi o mais expressivo, atingindo o valor de 12,14 em 0,1 mg L⁻¹ de Paclobutrazol. Os melhores índices em NB foram registrados na ausência de PBZ, destacando-se o BGM 0264 (5,33). Para MFPA e MSPA, o genótipo 98 180-06 produziu os maiores valores na concentração de 0,09 mg L⁻¹ de PBZ (881,2 mg), enquanto que para MFR e MSR destacou-se o BGM 2017 na concentração de 0,23 mg L⁻¹ do regulador (579,27 mg). Os resultados evidenciam grande dependência do genótipo com a concentração do PBZ, contudo as doses entre 0,20 mg L⁻¹ e 0,40 mg L⁻¹ mostraram-se mais eficazes na conservação *in vitro* de M. esculenta, preservando a viabilidade das plantas.

Palavras-chave: PBZ; Conservação de Germoplasma; Cultura de Tecidos.

Agradecimento: FAPESB.

1. Graduando em Engenharia Florestal. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas-BA, Brasil. *dhilermandohora@hotmail.com.
2. Doutoranda em Ciências Agrárias. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas-BA, Brasil.
3. Doutoranda em Genética e Biologia Molecular. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil.
4. Graduando em Biologia. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas-BA, Brasil.
5. Analista da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.
6. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.

ÁCIDO GIBERÉLICO E MEIOS DE CULTURA NO CRESCIMENTO *IN VITRO* DE EMBRIÕES IMATUROS DE TANGERINEIRA 'CLEÓPATRA'

Denise dos Santos Vila Verde;^{1*} Maria Inês de Souza Mendes;² Camila Rodrigues Pinto;³
Karen Cristina Fialho dos Santos;⁴ Walter dos Santos Soares Filho;⁵ Antônio da Silva Souza⁵

Em variedades cítricas altamente poliembriônicas, a maturação da semente leva à perda da capacidade germinativa do embrião zigótico, dificultando o melhoramento genético. Nesse sentido, o cultivo de embriões imaturos pode permitir o resgate do indivíduo zigótico mediante adequação de protocolos. Assim, este trabalho teve como objetivo determinar a concentração de ácido giberélico (AG_3) e o estágio de desenvolvimento do embrião que proporcione os melhores resultados no crescimento *in vitro* de embriões imaturos da tangerineira 'Cleópatra' (*Citrus reshni* hort. ex Tanaka). O trabalho foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, Bahia. Foram coletados frutos da tangerineira 'Cleópatra' com diâmetros entre 20 mm e 40 mm, sendo os embriões excisados das sementes e introduzidos nos meios MS, para o primeiro experimento, e WPM, para o segundo experimento. Ambos foram montados em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 4 x 5, correspondendo a quatro estágios de desenvolvimento dos embriões (<1,0 mm; 1,0 mm - 1,9 mm; 2,0 mm - 2,9 mm; >2,9 mm) e cinco concentrações de AG_3 (0 mg L⁻¹; 0,1 mg L⁻¹; 0,4 mg L⁻¹; 0,7 mg L⁻¹ e 1,0 mg L⁻¹), com 10 repetições. Após 30 dias de cultivo, procedeu-se a primeira avaliação e o subcultivo das plântulas, nos mesmos meios de cultura, sem a adição do AG_3 por 9 meses. Foram avaliadas as variáveis altura de parte aérea (cm), número de folhas verdes e senescentes, número de miniestacas e de raízes. Os da-

dos obtidos foram analisados no programa estatístico R. No primeiro experimento, nos meios MS e WPM, as maiores médias ocorreram no tamanho >2,9 mm. No meio MS a dose ótima de AG_3 para altura de parte aérea foi de 0,73 mg L⁻¹, já na ausência do fitoregulador ocorreu a maior formação de folhas verdes, em todos os tamanhos dos embriões. No meio WPM, considerando-se essas duas variáveis e o tamanho de embriões de 1,0 mm - 1,9 mm, os melhores resultados ocorreram na ausência de AG_3 , já para o número de folhas verdes das plântulas oriundas dos embriões >2,9 mm, a dose ótima foi de 0,43 mg L⁻¹. O número de raízes foi significativo apenas em meio WPM, apresentando para os embriões <1,0 mm as menores médias na ausência e na dose de 0,4 mg L⁻¹ do AG_3 . No segundo experimento, as plantas oriundas do meio MS não sobreviveram. No meio WPM, as plantas originadas dos embriões >2,9 mm geraram as maiores médias na altura de parte aérea e número de miniestacas. Desta forma, no crescimento *in vitro* de embriões imaturos de tangerineira 'Cleópatra' os melhores resultados foram em meio WPM sem a adição de AG_3 . O tamanho >2,9 mm favoreceu maiores médias de desenvolvimento dos embriões.

Palavras-chave: embrião zigótico; poliembriônia; *Citrus reshni* hort. ex Tanaka.

Agradecimento: Embrapa, CAPES.

1. Doutoranda em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil. *denisevilaverde@hotmail.com.
2. Doutoranda em Genética e Biologia Molecular. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil.
3. Estudante de Licenciatura em Biologia. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas-BA, Brasil.
4. Analista da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.
5. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.

ÁCIDO INDOLBUTÍRICO NO ENRAIZAMENTO DE ESTACAS DE PÊRA-DO-CERRADO

Angélica Daiane Lemos do Prado;¹ Jaqueline Lima da Conceição Souza;² Luciene Machado da Silva Neri;³ Muza do Carmo Vieira;⁴ Eli Regina Barboza de Souza⁵

A maioria das espécies com potencial econômico do bioma Cerrado é explorada de forma extrativista e possuem poucas tecnologias difundidas para sua propagação e conservação. Dentre estas espécies encontra-se a *Eugenia klotzschiana* Berg., conhecida popularmente como pêra-do-cerrado, pêra-do-campo ou cabacinha-do-campo. É uma espécie frutífera, pertencente à família Myrtaceae que possui alto valor nutricional em seus frutos, que podem ser aproveitados em sucos, sorvetes e geleias, além do potencial efeito ornamental da planta. Sua propagação é realizada principalmente por sementes, que apresenta taxas de germinação variável entre 70 a 90%. Porém devido à dificuldade de encontrar a espécie em ambiente natural e realizar a coleta dos frutos, torna-se necessário a avaliação de alternativas para a propagação da espécie, tais como a propagação vegetativa por meio da estaquia. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes doses de ácido indolbutírico na formação de raízes adventícias em estacas de *E. klotzschiana*. O material foi coletado no período matutino e transportado para o laboratório de Horticultura da Universidade Federal de Goiás. As estacas foram preparadas realizando-se corte em bisel em sua base e foram deixadas apenas um par de folhas reduzidas. Em seguida foram submetidas aos seguintes tratamentos: 0; 1000; 2000; 3000 e 4000 mg L⁻¹ de ácido indolbutírico (AIB). Após o preparo, o material foi inserido

em tubetes (280 cm³) contendo o substrato comercial Carolina® e encaminhados para estufa com sistema de nebulização intermitente. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, com 4 repetições e 4 estacas por parcela. As avaliações foram realizadas mensalmente mensurando as seguintes variáveis: porcentagem de estacas sobreviventes, com folhas persistentes, brotações e calos. Aos 60 dias observou-se que o maior valor de estacas sobreviventes e persistência das folhas foi obtido para a testemunha em que não ocorreu a aplicação de AIB, sendo os valores de 87,5% e 56,5%, respectivamente. Constatou-se que o aumento das doses de AIB acarretou menor taxa de sobrevivência das estacas e que para o tratamento 5 (4000 mg L⁻¹) 100% das estacas não sobreviveram. A aplicação de AIB acelera a senescência foliar e diminui a taxa de sobrevivência das estacas.

Palavras-chave: Myrtaceae; *Eugenia klotzschiana*; AIB; estaquia.

Agradecimento: CNPQ.

1. Doutoranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *pradoadl@hotmail.com.
2. Doutoranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
3. Mestranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
4. Pós-doutoranda EA-UFG; Técnico Administrativo, Engenheira Agrônoma, Laboratório de Biotecnologia. Instituto Federal Goiano. Urutaí-GO, Brasil.
5. Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE SOJA QUANTO AO RENDIMENTO DE GRÃOS

Vinicius Kunz Fernandes;^{1*} Marcio Andrei Capelin;² Laura Alexandra Madella;³ Maiara Cecília Panho;³ Fabiana Barrinouevo;¹ Giovani Benin⁴

Programas de melhoramento genético de soja têm como objetivo principal o desenvolvimento de cultivares altamente produtivas, com ampla adaptabilidade e estabilidade a diferentes ambientes de cultivo. Contudo, a interação genótipo x ambiente (GxA) interfere diretamente no trabalho do melhorista, dificultando a seleção de genótipos superiores. Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja com vistas a recomendação de cultivares adaptadas a ambientes específicos de cultivo. O experimento foi conduzido na safra 2018/19 em quatro locais: Abelardo Luz – SC (ABL), Guarapuava – PR (GUA), Medianeira – PR (MED) e Realeza – PR (REA). Os genótipos avaliados foram: M5917IPRO, BMXPONTAIPRO, M5730IPRO, BMXGARRAIPRO, M5705IPRO, BMXRAIOIPRO, DM5958IPRO, BMXÍCONEIPRO, BMXELITEIPRO, AS3730IPRO, AS3610IPRO, BMXLANÇAIPRO, M6210IPRO, NS5959IPRO, NS6909IPRO, NS7709IPRO, M6410IPRO, NS6906IPRO, NS6006IPRO, NA5909RG, M5838IPRO, P95R51IPRO, NS5445IPRO, NS6601IPRO, NS7300IPRO, M5947IPRO, NS6828IPRO e TMG7062IPRO. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. As unidades experimentais foram compostas por quatro fileiras de cinco metros. No estágio de maturação R8, as duas fileiras centrais foram colhidas, trilhadas, corrigidas para 13% de umidade e pesadas para obtenção do rendimento de grãos (RG) em kg ha⁻¹. As análises de adaptabilidade e estabilidade foram realizadas no

software GGe Biplot. A cultivar TMG7062 IPRO apresentou o maior rendimento, além de maior estabilidade. A cultivar BMXGARRA IPRO também apresentou valores de rendimento acima da média geral, seguidas pelas cultivares M5705 IPRO, BMXÍCONE IPRO e M5730 IPRO que tiveram um rendimento próximo à média geral. Já a cultivar NS6906 IPRO obteve o menor rendimento médio. A cultivar AS3730 IPRO apresentou a maior instabilidade. Na análise de “with won where” (quem venceu onde), o polígono formado foi dividido em sete setores: A, B, C, D, E, F e G. O setor A foi composto pelas localidades de ABL e GUA, onde a cultivar TMG7062 IPRO apresentou-se maior média, concomitantemente com a M5705 IPRO. No setor B, composto pelo local de RLZ o genótipo M5730 IPRO apresentou-se no vértice do setor, apresentando maior média. No setor C onde se encontra o ambiente MED, a cultivar BMXGARRA IPRO apresentou maior média juntamente com as cultivares BMXPONTA IPRO, BMXÍCONE IPRO e NS6601 IPRO. As demais cultivares se encontram dentro dos setores D, E, F e G que não possuem nenhum ambiente contido nestes. Essas cultivares são aquelas que se mostraram desfavoráveis para o conjunto de ambientes analisados. A cultivar TMG7062 IPRO apresentou a maior média produtiva além de ampla adaptabilidade e estabilidade ao conjunto de ambientes avaliados.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; genótipo ideal; produtividade de grãos.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco -PR, Brasil. *viniciusf.1998@alunos.utfpr.edu.br.
2. Doutorando em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco – PR, Brasil.
3. Mestranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco - PR, Brasil.
4. Professor Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco - PR, Brasil.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE SOJA QUANTO AO RENDIMENTO DE ÓLEO E PROTEÍNA

Laura Alexandra Madella;¹ Marcio Andrei Capelin;² Maiara Cecilia Panho;¹ Fabiana Barrinouevo;³ Ana Claudia Rosa;¹ Giovani Benin⁴

O grão de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) contém elevadas concentrações médias de óleo (20%) e proteína (40%), sendo assim matéria prima de diversos produtos como rações, óleos, biocombustíveis, entre outros. O rendimento de óleo e proteína impacta diretamente na fabricação destes produtos em quantidade e qualidade. Contudo, a composição química do grão de soja apresenta variações quando cultivada em diferentes ambientes, impactando diretamente no rendimento industrial. Caracterizar os efeitos da interação genótipo x ambiente (GxA), pode auxiliar os programas de melhoramento no direcionamento de cultivares adaptadas a ambientes específicos, bem como, identificar cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade, possibilitando assim melhores resultados no rendimento industrial. O objetivo do presente trabalho foi verificar a ocorrência da interação GxA para composição química de sementes de soja cultivadas em distintos ambientes, bem como, identificar quais cultivares possuem ampla adaptabilidade e estabilidade quanto ao rendimento de óleo e proteína. O experimento foi conduzido na safra 2018/19 em quatro locais de cultivo: Abelardo Luz – SC (ABL), Guarapuva – PR (GUA), Medianeira – PR (MED) e Realeza – PR (REA). Os genótipos avaliados foram: M5917IPRO, BMXPONTAIPRO, M5730IPRO, BMXGARRAIPRO, M5705IPRO, BMXRAIOPRO, DM5958IPRO, BMXÍCONEIPRO, BMXLITEIPRO, AS3730IPRO, AS3610IPRO, BMXLANÇAIPRO, M6210IPRO, NS5959IPRO, NS6909IPRO, NS7709IPRO, M6410IPRO, NS6906IPRO, NS6006IPRO, NA5909RG, M5838IPRO, P95R51IPRO, NS5445IPRO, NS6601IPRO, NS7300IPRO, M5947IPRO, NS6828IPRO e TMG7062IPRO. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao

acaso com três repetições. A colheita foi realizada em estágio de maturação fisiológica (R8) com correção para 13% de umidade. A porcentagem de óleo e proteína foram realizadas em equipamento NIR – *Near Infrared Reflectance*. O rendimento de óleo e proteína (kg ha⁻¹) foram encontrados por meio da multiplicação do teor encontrado nas sementes x rendimento de grãos. Para rendimento de óleo, a cultivar BMXGARRA IPRO teve o maior rendimento médio, contudo apresentou alta instabilidade. Todavia, a cultivar TMG7062 IPRO, além de apresentar rendimento de óleo acima da média geral, apresentou boa estabilidade. As cultivares BMXÍCONE IPRO, M5705 IPRO e M5730 IPRO também apresentaram rendimento de óleo próximos a média geral. Já a cultivar NS6906 IPRO apresentou o pior rendimento de óleo. Para o caractere rendimento de proteína, as cultivares TMG 7062 IPRO, BMXGARRA IPRO e BMXÍCONE IPRO apresentaram rendimento acima da média geral, com destaque para TMG7062 IPRO, que além de possuir maior rendimento médio de proteína, apresentou boa estabilidade. O menor rendimento médio foi da cultivar NS6906 IPRO. A cultivar AS3730 IPRO apresentou a maior instabilidade. Já a NS5959 IPRO a maior estabilidade, contudo seu rendimento de proteína não foi satisfatório. A composição química das sementes dos genótipos de soja avaliados foi influenciada pelo ambiente de cultivo. A cultivar TMG7062 IPRO apresentou boa adaptabilidade e estabilidade nos ambientes avaliados, possuindo as maiores médias produtivas de óleo e proteína.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; interação GxA; rendimento industrial.

1. Mestrandas em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil. *laura-madella12@hotmail.com.

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

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

4. Professor Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM LINHAGENS DE TRIGO

Davi Soares de Freitas;^{1} Caíque Machado e Silva;¹ Cleiton Renato Casagrande;² Henrique Caletti Mezzomo;³ Natália de Oliveira Godinho;⁴ Maicon Nardino⁵*

Na fase final de programas de melhoramento de trigo, a ocorrência da interação entre genótipo e ambiente (G x A) tem grande relevância na recomendação de genótipos. É essencial identificar genótipos com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípica. O objetivo deste trabalho foi selecionar, por meio da metodologia de Lin e Binns modificada por Carneiro, linhagens de trigo com maior adaptabilidade e estabilidade para produção de grãos em ambientes gerais, ambientes favoráveis e ambientes desfavoráveis. Neste trabalho, foram usados dados de produtividade de grãos oriundos de três ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) de trigo realizados nos municípios de Rio Paranaíba-MG (2018 e 2019) e Viçosa-MG (2019). Foram utilizadas 26 linhagens de trigo tropical desenvolvidas pelo Programa Trigo da Universidade Federal de Viçosa (UFV) e duas cultivares recomendadas para a região Central do Brasil. Os experimentos foram conduzidos em delineamento blocos ao acaso, com três repetições, sendo as parcelas constituídas de cinco linhas com 5 m, espaçadas em 0,20 m e com densidade de 350 sementes por m². Os tratos culturais foram realizados seguindo as recomendações técnicas do cultivo de trigo para a região, adotando-se os mesmos procedimentos para os três ambientes. Após a avaliação da produtividade de grãos (kg ha⁻¹), os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta, posteriormente realizou-se a decomposição da interação G x A em partes simples e complexa. Após a identificação de interação predominantemente complexa, estimou-se os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade pelo método

de Lin e Binns e prosseguiu-se com a decomposição do modelo para o agrupamento dos genótipos em ambientes favoráveis e desfavoráveis de acordo com a metodologia de Carneiro. A seleção de genótipos a serem recomendados para cultivo na região Central do Brasil foi feita com base nos valores de Pi geral, que é estimativa da medida de adaptabilidade e estabilidade de comportamento do genótipo, este parâmetro foi desmembrado em Pi para ambientes desfavoráveis e Pi para ambientes favoráveis ao cultivo do trigo. Quanto menor o valor do parâmetro Pi maior serão a adaptabilidade e estabilidade do genótipo para produtividade de grãos. As médias de Pi, Pi favorável e Pi desfavorável de todos os genótipos avaliados foram respectivamente 884308,6839; 1110935,647 e 770995,2021. As linhagens que serão recomendadas para cultivo em ambiente geral, ambiente favorável e ambiente desfavorável na região centro sul do Brasil são VI 14194 (Pi = 148426,08), VI 141045 (Pi favorável = 0) e VI 14026 (Pi desfavorável = 64664,32) respectivamente. Por meio da metodologia de Lin e Binns modificada por Carneiro, serão recomendadas linhagens com menor valor de Pi por expressarem comportamento mais similar ao do genótipo hipotético ideal, além de se levar em consideração a similaridade das condições edafoclimáticas dos locais, bem como a precisão de cada experimento.

Palavras-chave: melhoramento de trigo; Lin e Binns; interação genótipo x ambiente.

Agradecimento: Capes; CNPq.

1. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *davi.freitas@ufv.br.
2. Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Doutorando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Graduanda em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
5. Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA DE LINHAGENS DE TRIGO EM AMBIENTE TROPICAL VIA MODELOS MISTOS

Caique Machado e Silva;^{1*} Cleiton Renato Casagrande;² Henrique Caletti Mezzomo;³
Gabriel Wolter Lima;¹ João Paulo de Souza Barros;⁴ Maicon Nardino⁵

A ocorrência de interação genótipo \times ambiente do tipo complexa torna necessário o uso de metodologias para avaliação e recomendação de genótipos com alta produtividade e ampla adaptabilidade e estabilidade em trigo. Para tanto, o objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de trigo com ampla adaptabilidade e estabilidade em regiões de clima tropical através da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG). Três ensaios foram conduzidos nos municípios de Rio Paranaíba, MG e Viçosa, MG, nos anos de 2018 e 2019. Foram utilizadas 26 linhagens de trigo tropical desenvolvidas pelo Programa Trigo da Universidade Federal de Viçosa (UFV) e duas cultivares recomendadas para a região Central do Brasil. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo as parcelas constituídas de cinco linhas com cinco m, espaçadas 0,20 m e com densidade de 350 sementes m⁻². Os tratos culturais foram realizados seguindo as recomendações técnicas do cultivo de trigo para a região, adotando-se os mesmos procedimentos para os três ambientes. Após a avaliação da produtividade de grãos (kg ha⁻¹), os dados foram submetidos a análise de variância individual e conjunta, posteriormente realizou-se a decomposição da interação G \times A em partes simples e complexa. Após a identificação de interação predominantemente complexa, estimou-se os valores genotípicos de produtividade das linhagens via meto-

dologia REML/BLUP e procedeu-se com a análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método MHPRVG no *software* Selegen, conforme o modelo 54. Pela análise de variância individual houve diferença significativa ($p < 0.05$) para produtividade das 28 linhagens avaliadas nos três ambientes. No resultado da análise de variância conjunta houve diferença significativa ($p < 0.05$) para o efeito da interação G \times A, evidenciando o comportamento diferencial dos genótipos em ambientes distintos. A decomposição da interação genótipo \times ambiente revelou a existência de interação complexa dos genótipos nos três ambientes avaliados. Esse fato é explicado pelas baixas estimativas de correlação entre os ambientes. As linhagens de melhor desempenho quanto aos valores genotípicos para estabilidade (MHVG) e adaptabilidade (PRGVG*MG) também foram as de melhor performance na análise conjunta da adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos multiplicados pela média geral (MHPRVG*MG) (VI 14194, VI 14026, VI 14127, VI 14197, BRS 264 e VI 14208). Estas linhagens serão selecionadas para ambientes tropicais de produção de trigo em virtude da alta produtividade e ampla adaptabilidade e estabilidade de produção de grãos.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L; REML/BLUP; MHPRVG; produtividade de grãos; valores genotípicos.

Agradecimentos: CAPES, CNPq.

1. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *caiquemo8@gmail.com.
2. Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Doutorando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
5. Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

AGRUPAMENTO DE TOCHER COM BLUP NA DISCRIMINAÇÃO DE LINHAGENS DE TRIGO

Diana Jhulia Palheta de Sousa;^{1} Cleiton Renato Casagrande;² Henrique Caletti Mezzomo;³ Tiago Mateus de Oliveira;⁴ Gabriel Freitas Roberto;⁴ Maicon Nardino⁵*

A avaliação da diversidade genética é uma etapa importante em um programa de melhoramento de trigo. A identificação de genótipos mais divergentes e com alta média para caracteres de interesse favorece a composição de blocos de cruzamentos, como os dialelos com maior possibilidade de sucesso para combinações favoráveis de alta capacidade de combinação. Diante disso, os objetivos desse trabalho foram avaliar a diversidade genética entre 41 genótipos de trigo tropical para caracteres agrônômicos. O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa - UFV, em Viçosa - MG, e semeado durante na safra de inverno 2019. Foi avaliado um conjunto com 41 genótipos de trigo tropical sob o delineamento de blocos casualizados, como três repetições. As parcelas foram constituídas de 5 m², com 0,20 m entre linhas e densidade populacional de 350 sem m⁻². Os caracteres avaliados foram: dias até a floração (DF, em dias), nota de doença (ND, através da escala de 1 a 5), altura da planta (AP, cm), altura de folha bandeira (AFB, cm), massa de espiga (ME, g), peso do hectolitro (PH, kg 100 L⁻¹) e rendimento de grãos (RG kg ha⁻¹). Os dados foram submetidos a análise de deviance para verificar existência de variância genética entre os genótipos e para predição dos valores genotípicos (BLUP's). Os valores genotípicos foram usados para o cálculo da distância genética dos genótipos por meio da Distância Euclidiana Média Padronizada. A matriz de distância (41 x 41) foi analisada por meio do método de Agrupamento por Otimização de Tocher. Os genótipos foram agrupados em três gru-

pos, sendo o maior grupo constituído por 34 genótipos, representado basicamente por linhagens desenvolvidas pelo Programa Trigo-UFV e pelas cultivares da Embrapa: BRS 254, BRS 264 e BRS 394. O segundo maior grupo foi constituído por 6 genótipos, 5 deles provenientes da empresa Biotrigo Genética e uma linhagem UFV (EPL 18161). O genótipo Tbio Aton não agrupou com nenhum outro genótipo, constituindo assim o terceiro e último grupo da análise. O genótipo Tbio Aton destaca-se pelo seu alto desempenho produtivo e quanto a sanidade foliar e de espigas. Os genótipos provenientes do grupo 2, embora não agruparam juntamente com o Tbio Aton, comportam-se de forma altamente similar, somente com valores genotípicos ligeiramente inferiores quanto a ND e RG. Já, o primeiro grupo consta com exemplares de ciclo precoce, menor altura de planta e produtividade de grãos satisfatória. A composição de um esquema dialélico visando a obtenção de linhagens de alta desempenho agrônômico pode ser realizado por meio do cruzamento entre os genitores superiores do grupo 1 e 2 com o genitor do grupo 3. Os resultados do agrupamento de Tocher com valores de BLUPs demonstram pequena distância genética entre os genótipos.

Palavras-chave: modelos mistos; diversidade genética; distância euclidiana.

Agradecimento: CNPq e CAPES pelo apoio financeiro e concessão de bolsas.

1. Mestranda em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *dianajhuliap@gmail.com.

2. Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

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

4. Graduandos do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

5. Professor da Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

ANÁLISE DA DIVERSIDADE ENTRE OS ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DO MILHO COM GRÃOS DENTADOS E BRANCO

Thiago da Silva Rodrigues;^{1} Flávia França Teixeira²*

A Embrapa mantém os recursos genéticos do milho através do Banco Ativo de Germoplasma do Milho (BAG Milho), possuindo mais de 4000 acessos em sua coleção. O objetivo desse trabalho foi analisar a diversidade genética de acessos do BAG Milho com grãos do tipo dentado e branco por meio dos dados de passaporte e caracterização. Utilizando dados da caracterização do BAG Milho foram selecionados 128 acessos com grãos brancos e dentados. Os dados de passaporte quantificaram os acessos quanto sua origem: coletados, introduzidos e melhorados; no caso de coletados, as regiões do Brasil onde ocorreram as coletas, os demais dados de passaporte foram usados para analisar esses grupos. Os seguintes descritores compõem os dados de caracterização: número de dias para florescimento masculino (FM) e feminino (FF), número de ramificações no pendão (RP), alturas de planta (AP) e espiga (AE), número de folhas acima da espiga (FA) e número de folhas total (FT), diâmetro do colmo (DC), nota de qualidade de espigas (NQ), comprimento (CE) e diâmetro (DE) de espigas, número de fileiras (NF) e de grãos por fileira (NG) por espiga, pesos de espiga (PE) e de grãos (PG), diâmetro do sabugo (DS) e peso de mil sementes (PM). Foram calculadas as médias destes caracteres para todo o grupo de acessos com grãos brancos e dentados, para os grupos coletados na região Sul do Brasil e nas demais regiões, introduzidos e melhorados. Os dados de passaporte foram separados em três grupos de acordo com a origem: coletados no Brasil (73), introduzidos (42) e melhorados (13). No grupo dos introduzidos a maioria dos acessos foi coletada na região Sul do Brasil. As coletas nas demais regiões somam apenas 18 acessos e não há acessos coletados na região Nordeste com grãos brancos e dentados. O grupo introduzido, pos-

sui a maioria dos acessos originária do México, apenas 3 acessos africanos. Quanto aos acessos melhorados, observa-se que muitos acessos têm nomenclatura similar aos introduzidos, o que sugere que estes acessos tenham sido introduzidos e depois melhorados. Destacando os caracteres de importância em programas de melhoramento, o grupo de acessos coletados na região Sul tendem a apresentar menores números de espigas e de grãos, porém maiores pesos de 1000 sementes que a média geral e dos demais grupos. Os acessos melhorados tendem a apresentar menores alturas de plantas e de espigas, de ramificações no pendão, espigas mais compridas, pesadas e de melhor qualidade, assim como maior número de fileiras de grãos e grãos por fileira nas espigas. Os resultados apresentados agregam valor ao BAG Milho, e se aplicam em programas de melhoramento voltados ao desenvolvimento do milho com grãos dentados e branco.

Palavras-chave: BAG Milho, melhoramento de milho; milho-branco.

Agradecimento: Embrapa Milho e Sorgo.

1. Discente do Curso de Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de São Carlos. Buri-SP, Brasil. *thiago.rodrigues@estudante.ufscar.br.

2. Pesquisadora. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas-MG, Brasil.

ANÁLISE DE ALTA RESOLUÇÃO DO GENOMA DE VARIEDADES DE FEIJÃO VIA RESSEQUENCIAMENTO GENÔMICO COMPLETO

Beatriz Rosa de Azevedo;^{1*} Alexandre Siqueira Coelho;² Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza;³ Claudio Brondani;⁴ Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser;⁵ Rosana Pereira Vianello⁶

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância nutricional e socioeconômica, de modo que a manutenção e o aumento da produtividade desse grão é essencial para o Brasil. Abordagens de ressequenciamento do genoma completo (*Whole Genome Sequencing* - WGS) são uma excelente alternativa para analisar todo genoma quando se tem disponível um genoma de referência, possibilitando identificar SNPs e variantes estruturais dentro e entre genótipos. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo realizar o re-sequenciamento completo do genoma de variedades de feijão e identificar variantes moleculares de alta resolução com distribuição ampla e homogênea pelo genoma. O DNA genômico total foi obtido de amostras de tecido foliar de 11 variedades de feijão relevantes para o programa de melhoramento de feijão e enviado para WGS na empresa Illumina (EUA). O sequenciamento foi realizado a partir de bibliotecas Nextera® DNA flex utilizando NovaSeq PE150. As sequências foram submetidas a análise de qualidade e remoção de regiões de baixa qualidade utilizando as ferramentas de bioinformática FastQC e Trimmomatic. Posteriormente foi realizado o alinhamento com o genoma de referência G2333, variedade

Andina. A busca por variantes polimórficas foi feita utilizando o Genome Analysis Toolkit (GATK). Revelou-se uma excelente qualidade de sequenciamento, inexistindo sequências de baixa qualidade. Obteve-se ~6 milhões de sequências com tamanho médio de 151 pb, totalizando ~906Gb de sequência. A cobertura média foi de 15x por rodada, e 180x por indivíduo. O alinhamento com o genoma de referência foi da ordem de 97,5%. A plataforma GATK identificou 11,5 milhões de SNPs, com 1,8 transições por transversões, dos quais foram filtrados 236 mil de alta qualidade, amplamente distribuídos nos 11 cromossomos e fora de regiões repetitivas. A identificação de milhares de polimorfismos distribuídos em todo genoma é fundamental para realizar análises genômicas amplas em feijão e maior resolução em regiões-alvo favorece o desenvolvimento de ferramentas moleculares para seleção assistida por marcadores (SAM).

Palavras-chave: genômica; re-sequenciamento; marcadores moleculares; SNPs; bioinformática.

Agradecimento: Embrapa Arroz e Feijão.

1. Graduanda em Biotecnologia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *beatrizdeazevedo@gmail.com.
2. Professor da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
3. Doutor em melhoramento genético de plantas. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.
4. Doutor em Biologia Molecular. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.
5. Mestre em Genética e Biologia Molecular. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.
6. Doutora em Biologia molecular. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS DE GOIABEIRAS (*PSIDIUM GUAJAVA* L.)

Maria Francisca de Sousa Silva;^{1*} Rafael da Costa Almeida;² Gérson do Nascimento Costa³

A goiabeira (*Psidiumguajava* L.) pertence à família Myrtaceae e apresenta grande diversidade genética, sendo o seu fruto uma matéria-prima bastante requisitada para fabricação de inúmeros produtos industrializados e para o consumo *in natura*. Entre as análises multivariadas, destaca-se a análise de componentes principais, como um método em que são obtidas combinações lineares das variáveis originais e visa reduzir o número de variáveis a um número menor de índices (componentes principais) e que expliquem grande parte da variância das mesmas. O objetivo desse estudo foi verificar a variabilidade genética entre genótipos de *P.guajava* L. de três cidades do leste maranhense (Coelho Neto, Duque Bacelar e Buriti), utilizando-se de caracteres morfoagronômicos, visando identificar genótipos mais produtivos para o comércio local e demonstrar diversidade para a região. A coleta do germoplasma foi realizada no período de janeiro a junho de 2020 e a caracterização foi realizada no laboratório de Ciências Biológicas da Universidade Estadual do Maranhão, campus Coelho Neto, também no mesmo período. Foram analisados 18 genótipos, sendo 12 da cidade de Buriti (G1, G2, G6, G7, G8, G9, G10, G11, G12, G13, G14 e G18), 2 de Coelho Neto (G3 e G4) e 4 de Duque Bacelar (G5, G15, G16 e G17). Para cada genótipo foram coletados 10 frutos e 10 folhas adultas para a avaliação dos seguintes descritores: Peso do fruto (PDF), comprimento do fruto (CDF), largura do fruto (LDF), comprimento da folha (CDFol), largura da folha (LDFol) e comprimento do pecíolo (CDP). Para a obtenção da divergência genética, foi realizada análise de componentes principais

com base em caracteres quantitativos, a partir do *software* R. Foram acumulados 79,5% da variância nos dois primeiros componentes, o primeiro denominado componente de fruto e o segundo denominado componente foliar. Peso do fruto e largura da folha foram os caracteres que mais influenciaram o primeiro e segundo componente, respectivamente. Os genótipos G4, G11 e G18 se agruparam em relação aos caracteres de produção (CDF, LDF e PDF), sendo os frutos de G4 os que apresentaram melhor desempenho. Os genótipos G2, G9, G15 e G16 se agruparam por apresentarem os maiores valores para CDP, CDFol e LDFol, sendo G15 e G16, os genótipos com as médias superiores para esse componente. A dispersão gráfica revelou a existência de divergência entre os genótipos coletados na região leste do Maranhão, sendo G4 o genótipo mais produtivo e promissor como genitor em futuros estudos de melhoramento ou para a direta comercialização, seguido por G11 e G18 que também apresentaram alta produtividade de frutos.

Palavras-chave: diversidade genética; melhoramento; leste maranhense.

Agradecimentos: À Universidade Estadual do Maranhão.

1. Graduanda do Curso de Ciências Biológicas - Licenciatura. Universidade Estadual do Maranhão. Coelho Neto - MA, Brasil.

* mariasilva63@aluno.uema.br.

2. Professor do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do Instituto Federal do Piauí. Pedro II - PI, Brasil.

3. Professor do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas da Universidade Estadual do Maranhão. Coelho Neto - MA, Brasil.

ANÁLISE DE GANHOS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES/ PROCEDÊNCIA DE *CORDIA TRICHOTOMA* (VELLOZO) ARRABIDA EX STEUDEL (LOURO-PARDO)

Marlon dos Santos Pereira Birindiba Garuzzo;^{1*} Andrei Caíque Pires Nunes;² Aline Pinto dos Santos;³
Felipe Garbeleni Marques⁴

A espécie *Cordia trichotoma* é uma árvore nativa do Brasil conhecida popularmente como Louro-pardo ou Freijó. Essa ocorre do nordeste ao sul do país, abrangendo o bioma Mata Atlântica, Amazônia, Cerrado e Caatinga. A espécie tem alto potencial para plantios com fins econômicos, uma vez que sua madeira é de ótima qualidade e seu tronco pode atingir de 40 a 90 cm de diâmetro. Além disso, o preço do metro cúbico da madeira serrada no mercado doméstico está entre 900 a 1.200 dólares. Nesse sentido, visando o oferecimento de produtos madeireiros de *C. trichotoma*, o presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e selecionar potenciais genitores e clones superiores para o caractere silvicultural diâmetro a altura do peito (DAP, cm). Para isso, as árvores foram avaliadas para forma do fuste e DAP aos 2,9 anos em um teste instalado no distrito de Trancoso nas áreas da empresa Symbiosis Investimentos e Participações S. A. Esse foi formado por 23 famílias, oriundas de diferentes municípios dos estados do Espírito Santo, Minas Gerais e Rio de Janeiro. O plantio foi realizado em delineamento estatístico de blocos ao acaso, sendo estabelecido 10 plantas por famílias em espaçamento de 4x4 m e uma única árvore na parcela. Os dados foram analisados via *software* Selegen. Após análise, os indivíduos pertencentes a diferentes famílias com efeitos genéticos aditivos positivos foram selecionados de acordo com o valor genético (u+a), valor genotípico (u+g) e forma do fuste ideal. A estimativa dos parâmetros mostrou para o caráter DAP, herdabilidade individual no sentido restritivo (h^2a) igual a 0,45. A es-

timativa de h^2a é classificada em: moderada, quando varia de 0,15 a 0,50. Logo, a variabilidade do teste é de magnitude moderada. O coeficiente de determinação dos efeitos de procedências (c^2proc) revela valor de 0,20, indicando que existe variação entre as procedências. Os valores preditos para os ganhos genéticos (u+a) do caráter DAP na seleção dos potenciais genitores, revelam estimativas que variam de 25,82% a 37,79% para os dez potenciais genitores. O ganho do melhor genitor, o qual pertence a família 2, apresenta valor aditivo considerado de alta capacidade de transmitir seu mérito genético aos descendentes, sendo importante para programas de recombinação. Na seleção dos clones, os ganhos referentes ao valor genotípico (u+g) dos indivíduos para o caráter DAP mostram valores para os dez potenciais clones que variam de 36,60% a 47,07%. Esses indivíduos podem ser recomendados para propagação vegetativa, principalmente o primeiro classificado que pertence a família 10. Contudo, os parâmetros genéticos estimados evidenciam variabilidade genética suficiente para a seleção de materiais no teste de progênies. Além disso, a seleção de potenciais genitores e clones mostra indivíduos com alto valor genético e genotípico para o caráter DAP conciliado a qualidade do fuste.

Palavras-chave: melhoramento florestal; espécie nativa; silvicultura; seleção genética.

Agradecimento: CNPq & Symbiosis

1. Graduando em Engenharia Florestal. Universidade Federal do Sul da Bahia. Itabuna-BA, Brasil. *marlongaruzzo@gmail.com.
2. Professor do Centro de Formação em Ciências Agroflorestais. Universidade Federal do Sul da Bahia. Itabuna-BA, Brasil.
3. Doutoranda em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil.
4. Pesquisador Florestal. Symbiosis Investimentos e Participações S.A. company. Trancoso-BA, Brasil.

ANÁLISE DISCRIMINANTE DE ACESSOS DE COCO-DE-PEDRA *SYAGRUS GLAUDESCENS* E ESTIMATIVA DE DIVERSIDADE GENÉTICA PELO MÉTODO DE TOCHER

Geís Ferreira Neves;^{1*} Sérgio Yoshimitsu Motoike;² Kacilda Naomi Kuki;³ Sebastián Giraldo Montoya;²
Silvia Ferreira de Sá;⁴ Carlos Mario Gallo Giraldo⁵

A palmeirinha-azul também conhecida como coco-da-pedra, *Syagrus glaucescens* Glaz. ex Becc. é uma palmeira endêmica e restrita aos campos rupestres da Serra do Espinhaço em Minas Gerais. A espécie considerada ameaçada de extinção foi inserida na Lista Vermelha da União Internacional para a Conservação da Natureza e dos Recursos Naturais (IUCN) em 1998. O fator preponderante que contribui para a vulnerabilidade da palmeira é a intensa destruição do habitat decorrente da ocupação indiscriminada das atividades pecuária e mineradoras na região. O objetivo desse trabalho foi realizar um estudo de análise Discriminante utilizando 6 descritores morfológicos da planta a fim de estimar a variabilidade genética de duas populações previamente definidas, procedentes dos municípios mineiros de Olhos D'Água (pop1) e Couto de Magalhães (pop2), respectivamente com 34 e 21 acessos. Os descritores morfológicos avaliados *in situ* foram: altura de planta (H), número de folhas por planta (NF), projeção diametral da copa (PC), diâmetro da estirpe (DE), quantidade numérica de inflorescências (NI) e de cachos (NC). A análise Discriminante de Fisher apontou uma taxa de erro de 21.8% na classificação das duas populações que se distanciavam uma da outra aproximadamente 90 km, sendo que 12 dos 55 genótipos avaliados foram alocados fora da população original. O agrupamento de Tocher baseado na Distância Euclidiana Média obteve a formação de 8 grupos, a maior parte com presença de

indivíduos de ambas as localidades: o grupo I foi formado por 20 indivíduos da pop 1 e 7 indivíduos da pop 2, o grupo II foi composto por 4 indivíduos da pop 2 e 6 indivíduos da pop 1, o grupo III alocou 2 indivíduos da pop 1 e 3 indivíduos da pop 2, o grupo IV permaneceu com seus 4 indivíduos da pop 2, o grupo V com 5 indivíduos da pop 1 e 1 indivíduo da pop 2, o grupo VI e o grupo VIII obteve apenas um indivíduo da pop 1 e o grupo VII um único indivíduos da pop 2. A formação de diversos grupos pelo método de Tocher associados com o elevado erro aparente na classificação das duas populações evidencia um possível fluxo de material genético entre ambas as populações. Esse fenômeno pode estar relacionado com zoocoria, uma vez que os frutos e as sementes fazem parte da dieta de roedores e aves. Assim, existe forte indício de grande diversidade genética entre os acessos avaliados, independente da procedência. Esta informação é extremamente importante para uma espécie que se encontra ameaçada de extinção pois há maior garantia de conservação de sua espécie. Trabalhos futuros de variabilidade genotípica podem ser realizados para validar a estimativa de diversidade genética encontrada.

Palavras-chave: Análise multivariada; Variabilidade Fenotípica; Conservação de espécie ameaçada.

Agradecimento: CNPQ.

1. Mestranda do Programa de Pós-graduação em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *geis.nevesufv@gmail.com.

2. Professor do Departamento de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

3. Pesquisadora do Departamento de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

4. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

5. Graduando em Agronomia. Universidad de Caldas, Manizales. Caldas-Colômbia.

ANÁLISE MULTIVARIADA PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO

Alex Florentino da Silva;^{1*} Eduarda Santos Silveira;¹ Alisson de Menezes Santos;¹
Beatriz Barreto de Lima;¹ Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²

O milho (*Zea Mays L.*) apresenta qualidades nutricionais e alto valor energético, baixo teor de fibra, colheita mecanizada facilitada e bom padrão de fermentação da silagem e essas qualidades fazem do milho um destaque entre as plantas forrageiras. No entanto, a cultura do milho, componente socioeconômico importante dessa região, sofre grande instabilidade de cultivo, ocasionada, principalmente, pelas condições edafoclimáticas e escolha de genótipos inadequados para a região semiárida. O experimento foi implantado na Fazenda experimental da Embrapa - Semiárido no município de Graccho Cardoso, região do Alto Sertão Sergipano, entre os meses de maio e novembro. O delineamento experimental foi utilizado blocos casualizados com duas repetições e 36 tratamentos. Variáveis analisadas foram: altura da espiga (AE), altura da planta (AP), diâmetro do colmo (DC), comprimento do pendão (CP), massa de mil grãos (MMG), peso da parcela (PP), diâmetro da espiga (DE), comprimento da espiga (CE), número de espigas (NE), número de ramificações do pendão (NR), número de fileira de grãos por espiga (NFG), número de grãos por fileira (NGF). As análises foram submetidas pelos softwares SAS, R e Genes. Os CV% foram, magnitude baixa para a maioria das características (MMG, PP, AE, NFG, CE, DE, AP, DC, CP e NR). Para as variáveis NE e NGF, a estimativa de CV foram altas. A ANOVA apresentou resultados significativos ($0,01 \leq p \leq 0,05$) para PP, NFG, CE, DE e NE. No *biplot* “quem-ganhou-onde”. O primeiro grupo formado pela variável CE, o segundo AE, o terceiro MMG, NE e PP, e o quarto NGF, NFG e DE. Assim os genótipos UFVM100(HS)C1 e CMS 36 (BR 5036) foram o destacaram por apresentar maior desempenho para a variável CE. No segundo grupo o genótipo AL 3022 se destacou na AE. O terceiro grupo, o genótipo HTC-SP1 foi o mais responsivo para as variáveis MMG, NE e PP. O quarto grupo apresentou o genótipo HTC771, apresentando maior NGF, NFG e DE. Os

demais são considerados não responsivos. No *biplot* média vs estabilidade, os genótipos HTC-SP1, HTC771, HTC795, PC0905, BRS 4107 e HTC781, exibiram produtividade próxima ao genótipo ideal. Os genótipos HTC771 e PC0905 foram considerados mais estáveis. O genótipo HTC771 apresentou a melhor produtividade e melhor estabilidade. No GT Biplot correlação as variáveis NGF, NFG e DE são positivamente correlacionadas. No gráfico denominado discriminante vs representativo as variáveis NGF, PP e DE, foram consideradas altamente discriminantes. Já as variáveis DE e NGF foram não representativas. As variáveis CE e AE não foram destacadas como discriminantes nem como representativas. O dendrograma de 35 genótipos de Milho avaliados com base na distância de Mahalanobis, sugere-se a formação de três grupos de cruzamentos. O grupo I - DSS 1, MC 50, HI(707xHTMV1), HI(717 x HTMV1), HI(795 x HTMV1), HIV 2564260, UFVM200(HS)C1, BRS 4107 e UFVM100(HS)C1; grupo II - CMS 36 (BR 5036), MUCURIBE, Potiguar e BR5037-Cruzeta; e grupo III - COPACABANA, HBC2018 - 18, AL PARAGUAÇU, HTC717, HTC-SP1, HI(771xHTMV1), PC0904, PC0905, HSmsxHTMV1, DSS 1, MC 60, HTC697, MC 20, HTC771, HTC795, BRS 4105, HTCms15672, IPR164, BR2121 QPM, AL AVARÉ e AL 3022. Os genótipos HI(717 x HTMV1) e HTC717 apresentaram uma alta divergência genética. Portanto, conclui-se que as análises multivariadas sugerem a seleção dos genótipos HI(717 x HTMV1) (10), HTC717 (12) e HI(795 x HTMV1) (14),

Palavras-chave: *Zea Mays L.*; Melhoramento Vegetal; Semiárido.

Agradecimento: CNPQ, GEMS.

1. Graduando em Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.
*Alex.tecagropecuario7@gmail.com.

2. Professor do Núcleo em Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.

ANÁLISE QUALITATIVA E QUANTITATIVA DE ARTIGOS CIENTÍFICOS DE UMA ESPÉCIE DO CERRADO (*CAMPOMANESIA ADAMANTIUM*)

Jaciele Oliveira da Silva;^{1*} Edésio Fialho dos Reis;² Fabiana Gonçalves dos Reis;³ Jefferson Fernando Naves Pinto⁴

A espécie *Campomanesia adamantium*, conhecida popularmente como gabiroba-do-campo, é uma frutífera nativa do Cerrado, facilmente encontrada em regiões de cerradão, campo sujo ou mata ciliar. O interesse econômico sobre a gabiroba, apesar da popularidade do consumo, tem despertado a busca pela sua preservação, conservação e domesticação, visando o aproveitamento sustentável e seu cultivo comercial. Entretanto, estes dados ainda são escassos, havendo necessidade de mais estudos científicos para maior entendimento sobre a espécie. Desta forma, pesquisas com foco em estratégias que visam minimizar a ameaça de extinção dessa planta são necessárias, pois contribuem para o conhecimento científico e utilidade pública, principalmente, em programas de melhoramento que se esforçam em contribuir para a evolução da espécie. Com isso, esta pesquisa teve como objetivo avaliar a quantidade e qualidade das publicações científicas desenvolvidas com *C. adamantium*, no intuito de verificar quais os assuntos mais estudados com a espécie em questão nos últimos anos. No que diz respeito ao procedimento metodológico, a pesquisa foi classificada por relevância na base de dados Google Scholar. O período de busca e análise de dados foi realizada durante os meses de fevereiro a abril de 2020. Somente artigos científicos que apresentaram a *C. adamantium* como material de estudo foram analisados e registrados nos resultados. Neste período foram avaliados 210 artigos em um período de 48 anos de publicações (1972 a 2020). Estes foram organizados conforme número de publicações por ano, sendo 2019 o ano com maior número (38); número de publicações por áreas de

pesquisa (Botânica (28), Ecologia (59), Fisiologia (98), Genética (14) e Taxonomia (11)) – nesta etapa foram levadas em consideração o título, objetivo, metodologia, informações da área de pesquisa do primeiro autor, e revista, para classificação; Instituições de Ensino Superior (41 envolvidas, sendo 80% destas brasileiras); idiomas publicados (português (118), inglês (90), turco (1), espanhol (1); e fator de impacto (JCR) de acordo com o periódico, havendo um número significativo de publicações em revistas B1 e B2 de acordo com o Qualis CAPES. Contudo, foi possível observar que ainda há poucas publicações científicas com esta espécie, quando comparadas a outras plantas nativas, apesar de um aumento significativo de publicações entre o período de 2006 até o momento. A maioria das publicações são voltadas para a área de fisiologia, de acordo com a metodologia imposta. Muitas Instituições de Ensino estão envolvidas na pesquisa com *C. adamantium*, principalmente no Brasil, colocando em destaque a UFGD e UFG com 47 e 26 publicações, respectivamente. O número de publicações em inglês, ou em outro idioma estrangeiro, ainda é muito baixo, o que indica que as publicações têm caráter regionalizados. A maior parte dos trabalhos apresentam baixo fator de impacto (JCR) e são disponibilizados, em sua maioria, na língua portuguesa.

Palavras-chave: cienciometria; domesticação; Família Myrtaceae; planta perene.

Agradecimento: CNPq.

1. Mestranda em Produção Vegetal - UFJ. Jataí-GO, Brasil. *jacieleoliveira5@gmail.com.

2. Professor da Unidade Acadêmica Especial de Ciências Biológicas - UFJ. Jataí-GO, Brasil.

3. Instituto de Ciências Biológicas - UFG. Goiânia – GO, Brasil.

4. Doutorando em Biotecnologia e Biodiversidade - UFG. Goiânia-GO, Brasil.

ANÁLISE TRANSCRIPTÔMICA DA INTERAÇÃO ARROZ- *RHIZOCTONIA SOLANI*

Jéssica Leite André,^{1*} Priscilla Aguiar Möller;² Kellen Cristhina Inácio Sousa;³ Leila Garcês de Araujo⁴

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o segundo cereal mais produzido no mundo, com cerca de 769,6 milhões de toneladas colhidas no ano de 2019. A queima da bainha causada pelo fungo necrotrófico *R. solani* Kuhn é a segunda doença mais importante de arroz irrigado com perdas significativas de até 50% na produtividade. Essa doença é caracterizada por manchas ovaladas, elípticas ou arredondadas, de coloração branco-acinzentada e bordas marrons bem definidas, situada da bainha até a base da haste do arroz. Em casos severos observam-se manchas semelhantes nas folhas, porém com aspecto irregular, que podem causar seca parcial ou total das folhas. Estudos buscam compreender a complexa rede de respostas vegetais durante estresses abióticos e bióticos, usando ferramentas como a análise do transcriptoma via RNAseq. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o transcriptoma do arroz durante a interação com *R. solani*, a fim de identificar os genes diferencialmente expressos em resposta à infecção. Plantas da cultivar BRS Tropical foram avaliadas em casa de vegetação, utilizando controle (plantas não inoculadas) e as plantas inoculadas com o patógeno 55 dias após o plantio. A coleta das amostras (*pool* de bainhas e folhas) ocorreu 48 horas após a inoculação do patógeno. O RNA total foi extraído e o sequenciamento das bibliotecas de cDNA foi realizado na plataforma Illumina HiSeq 2500 do Centro de Genômica Funcional da ESALQ-USP. As sequências obtidas passaram por filtragem de qualidade e alinhamento no genoma do arroz (*O. sativa* japonica Nipponbare

MSU versão 7). A análise de expressão diferencial foi realizada primeiramente com a contagem bruta dos *reads*, seguido da normalização dos dados utilizando o pacote DESeq2 do R/Bioconductor. Como resultado, 127 genes foram *Up* regulados e 80 genes foram *Down* regulados, totalizando 207 genes diferencialmente expressos. Esses resultados indicam tanto uma inibição quanto uma ativação de genes de defesa da planta hospedeira durante o processo de infecção.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; RNAseq; estresse biótico;

Agradecimento: à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa ao primeiro autor.

-
1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *jessica.la@hotmail.com.
 2. Pós-Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
 3. Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
 4. Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

ANÁLISES MULTIVARIADAS PARA CARACTERIZAÇÃO DE DIVERGÊNCIA EM POPULAÇÃO DE MUTANTES DE ARROZ

Felipe José Estevão;^{1*} Jámille Silva dos Santos;² Oscar Emilio Ludtke Harthmann;³
Jefferson Gonçalves Acunha;³ Luiz Henrique Pegoraro Padilha;¹ Giselle Camargo Mendes³

O melhoramento genético de plantas tem sido um grande aliado a incrementos no rendimento de grãos, bem como na obtenção de plantas mais tolerantes a estresses bióticos e abióticos. Neste contexto, a técnica de mutagênese induzida por irradiações pode contribuir para a obtenção de materiais superiores. Aliados a isso, métodos estatísticos eficientes como análises multivariadas podem ser empregadas para alcançar resultados satisfatórios no tocante a bancos de germoplasma. O cultivo de arroz irrigado se concentra principalmente nos estados de Santa Catarina e do Rio Grande do Sul, sendo que parte das suas áreas de cultivos apresentam problemas relacionados à salinidade. O objetivo deste trabalho é utilizar análises multivariadas para selecionar plantas de arroz mutantes que apresentem tolerância a estresse por salinidade, visando a um ganho de produtividade em áreas salinização. Inicialmente, sementes de arroz da cultivar SCS 121 CL foram submetidas a três níveis (250 Gy, 275 Gy e 300 Gy) de Radiação oriundas de Cobalto 60, no Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA-USP). Estes materiais irradiados foram levados a campo, de onde se colheram sementes da geração M1, formando-se, assim, um banco de germoplasma de 1541 possíveis mutantes. À colheita das sementes, coletaram-se dados referentes à estatura de planta, data de colheita e dimensões das panículas. A partir das estatísticas descritivas destes caracteres e de informações do seu comportamento a campo, 200 materiais foram pré-selecionados para análises posteriores. Em laboratório, sementes pré-germinadas e não irradiadas foram submetidas a testes de germinação, em

caixas gerbox, sobre papel para testes de germinação e com água contendo diferentes concentrações de cloreto de sódio (NaCl), com o objetivo de encontrar-se uma concentração que causasse estresse ao arroz sem ser letal nos seus estádios iniciais. Este experimento foi conduzido em delineamento experimental inteiramente casualizado, com três repetições e quatro tratamentos, referentes a diferentes concentrações de salinidade da água de embebição, a saber: 0,0 mM (milimolar), 200,0 mM, 300,0 mM e 400,0 mM de NaCl. A concentração que obteve o melhor resultado, ou seja, tendo causado aparente estresse, mas não de forma letal às plântulas, foi a de 200 mM. Esta concentração será utilizada na comparação entre possíveis mutantes obtidos por mutagênese induzida com a cultivar que lhes deu origem, de modo a detectar-se diferenças quanto aos seus níveis de tolerância ao estresse salino. A seleção dos materiais a serem testados foi realizada através de técnicas multivariadas de análise (análise de componentes principais e de agrupamentos), utilizando-se o *software* R, tendo como base as 200 plantas pré-selecionadas. As duas primeiras componentes principais explicaram 51,70% da variância detectada entre os materiais, os quais foram agrupados em 3 *clusters*. O terceiro (15 plantas) conteria os melhores materiais para serem submetidos aos testes de tolerância à salinidade.

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; mutagênese induzida; estresse salino; PCA.

Agradecimento: CNPQ.

1. Graduandos em Agronomia. Instituto Federal Catarinense - Campus Rio do Sul. Rio do Sul, Brasil. *felipejoseestevao@gmail.com.

2. Professora do Instituto Federal de São Paulo – Campus Avaré. Avaré-SP, Brasil.

3. Professores do Instituto Federal Catarinense – Campus Rio do Sul. Rio do Sul-SC, Brasil.

APLICAÇÕES CITOGENÉTICAS PARA AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DO EXTRATO AQUOSO FOLIAR DE *PIPER AMALAGO* EM BIOENSAIO VEGETAL

Maria Eliza Soares Queiroz;^{1*} Thayllon de Assis Alves;² Thammyres de Assis Alves;³
Milene Miranda Praça Fontes⁴

A citogenética é constituída como uma importante ferramenta para a avaliação do potencial toxicogênico de um agente teste, pois permite identificar, avaliar e entender o seu modo de ação, bem como estimar os seus efeitos sobre as células e, consequentemente, sobre os organismos alvo. Os organismos usados em ensaios toxicogênicos são denominados de bioindicadores e o alvo do estudo de “end points”, também conhecidos como citotoxicidade, genotoxicidade, mutagenicidade e alterações epigenéticas. A citotoxicidade pode ser conceituada como a capacidade que uma substância apresenta de inibir a proliferação celular ou causar danos e lesões às células, assim como, interferir no seu índice mitótico. Assim, as substâncias citotóxicas podem diminuir a capacidade de autorrenovação de um tecido, ou causar a sua degeneração por morte das células. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito do extrato aquoso de folhas de *Piper amalago* no ciclo celular, por meio de células meristemáticas de raiz de alface, verificando possíveis alterações do seu índice mitótico e seu efeito mitodepressivo. Infusão de folhas adultas liofilizadas de *P. amalago* foram preparadas e diluídas nas concentrações: 100mg/mL, 50mg/mL, 25mg/mL e 12,5mg/mL. Para o bioensaio utilizou-se 10 sementes de alface tendo cinco repetições/tratamento e como controle utilizou-se água destilada. O material

tratado permaneceu em câmara de germinação por 48h. As raízes emitidas foram fixadas e as lâminas preparadas por esmagamento e coradas comorceína acética 2%. Analisou-se 1000 células por lâmina, diferenciando as fases da mitose. Os resultados obtidos foram submetidos ao teste de Dunnett ($p < 0,05$) no programa Genes. Nas duas maiores concentrações não houve emissão de raízes. O índice mitótico em 12,5mg/mL foi 7,26 aproximadamente 30% de inibição comparando com a água. Em 25mg/mL foi de 4,68 representando aproximadamente 55% de inibição, também comparado com a água, que foi 10,38. Apenas a menor concentração não foi efetivamente tóxica, uma vez que o agente teste, para ser considerado efetivamente tóxico, deve reduzir acima de 50% o índice mitótico.

Palavras-chave: Mitodepressão; Toxicogenética; Índice Mitótico.

Agradecimento: CNPQ, FAPES, CAPES, UFES.

1. Graduanda em Ciências Biológicas. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre- ES, Brasil. *mariaelizasq@gmail.com.
2. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre- ES, Brasil.
3. Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre- ES, Brasil.
4. Doutora em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Professora da Universidade Federal do Espírito Santo.

ASPECTOS MORFOMÉTRICOS DE SEMENTES DE *ANNONA SQUAMOSA* L. PROVENIENTES DE ARACATU, BAHIA

Luã Gabriel Santos Barreto;^{1*} Jaqueline Alves Rocha;¹ Carolaine Teles Pereira;¹ Alcebíades Rebouças São José;² Adriana Dias Cardoso²

A pinha (*Annona squamosa* L.) é uma planta que pode ser propagada por via sexuada (sementes) ou assexuada (vegetativa), no entanto, a forma mais empregada é a sexuada. A caracterização morfométrica de sementes tem importância para a taxonomia, ajuda na identificação de variedades e para verificar a ocorrência de variações fenotípicas. Análises morfométricas de sementes apresentam-se ainda como importantes ferramentas para detectar a variabilidade dentro e entre populações, além de atuarem como instrumentos na definição da relação de fatores ambientais e a variabilidade genética. Diante disso, objetivou-se com este trabalho avaliar as características morfométricas de sementes de pinha coletadas no município de Aracatu, BA. O trabalho foi realizado no Laboratório Biofábrica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, campus Vitória da Conquista. Os frutos de pinha foram coletados no mês de fevereiro de 2020 em Aracatu-BA. As sementes foram retiradas de frutos fisiologicamente maduros, sendo selecionadas 100 sementes para avaliação. As características morfométricas das sementes avaliadas foram comprimento longitudinal, largura e espessura, medidas na linha mediana das sementes. Os dados foram submetidos à estatística descritiva e para cada característica foram calculadas a média, amplitude entre valores mínimos e máximos, mediana, moda, desvio padrão e variância. O tamanho médio das sementes em comprimento, largura e espessura foram 12,56 mm, 7,24 mm e 4,85 mm, respectivamente. Para o comprimento, a ampli-

tude entre valores mínimos e máximos observados se encontra no intervalo de 9,49 a 15,37 mm, a espessura no intervalo de 3,28 a 6,30 mm, e a largura entre 5,62 a 9,01 mm. Dentro da mesma espécie pode haver variações no tamanho das sementes por causa de diferentes níveis de estresse no ambiente. Fatores como luminosidade, temperatura, umidade, tipo de solo, ataque de insetos e fungos são as principais causas da ocorrência dessa variação morfométrica. Os valores de mediana e moda encontrados foram 12,62 e 12,41 mm, 7,23 e 7,22 mm, 4,88 e 5,08 mm para comprimento, largura e espessura, respectivamente. Para desvio padrão e variância, o comprimento mostrou-se maiores (1,45 e 2,01, respectivamente) e a espessura menores valores (0,58 e 0,34 respectivamente). Portanto, as sementes de pinha apresentam variabilidade em todas as características estudadas, sendo a espessura mais homogênea, e o comprimento mais disperso.

Palavras-chave: biometria; pinheira; variabilidade.

1. Graduando em Engenharia Agrônoma, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista-BA, Brasil. *luangsb@gmail.com.

2. Engenheiro Agrônomo, Professor, Dsc, Departamento de Fitotecnia e Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista-BA, Brasil.

ASSOCIAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS DO FRUTO E DA PLANTA EM TUCUMANZEIRO-DO-AMAZONAS

Fernando Carlos Ribeiro Simões;^{1*} Fábio Medeiros Ferreira;² Tãmiza Barros Martins;¹
Tânia Nunes Rodrigues;³ Gercy Correia Barros Filho;³ Maria do Socorro Barros Martins³

A espécie *Astrocaryum aculeatum*, conhecida como tucumã-do-amazonas, tem a polpa dos frutos amplamente consumida no Amazonas. São poucas as ações de melhoramento da espécie e, por conseguinte, escassas investigações sobre associações genéticas entre características do fruto e da planta. Conhecer a associação entre variáveis permite direcionar estratégias de seleção, quando há dificuldades em razão de baixas herdabilidades ou problemas de medição. Objetivou-se quantificar as relações fenotípicas entre características de peso, diâmetro, comprimento, volume, espessura do fruto e seus constituintes – casca, polpa e caroço – e algumas características da planta, como altura, diâmetro do estipe (caule), número de frutos por cacho, peso do cacho e rendimento da polpa por cacho. As correlações fenotípicas foram estimadas com base em 47 observações, que representavam as palmeiras identificadas e coletadas, as margens do rio Anebá, em Silves-AM. Os dados relacionados aos frutos e suas estruturas corresponderam a média de 10 unidades. Altas correlações positivas e significativas foram observadas entre o peso do fruto com medidas de dimensão do fruto, e medidas de peso da casca, polpa e caroço. Ou seja, frutos mais pesados são mais volumosos e com mais volume de caroço, casca e polpa. Medidas de espessura – da casca e polpa – não se correlacionaram com medidas de dimensão dos frutos e do caroço. Contudo, a espessura, o peso e rendimento da polpa no cacho, se relacionaram significativamente, de modo negativo moderadamente alto com a

proporção do peso do caroço no fruto (-0,69, -0,59, -0,70, respectivamente), apresentando, portanto, boa tendência de que frutos com muita polpa possuam caroços menos pesados. A altura da planta e diâmetro do estipe não se correlacionaram com características do fruto. O número de frutos por cacho se relacionou de modo moderadamente baixo com o peso do fruto (-0,50) e volume dos frutos (-0,49), indicando que nem sempre cachos cheios de frutos possuem em maioria frutos pequenos, ou vice-versa, podendo então, vislumbrar a seleção de plantas com muitos frutos volumosos no cacho. Frutos de tucumã-do-amazonas mais pesados apresentam caroços mais pesados ($r = 0,94$, significativa). O peso da polpa se correlacionou de maneira significativa e moderadamente baixa com as dimensões do tegumento (peso, 0,50; diâmetro, 0,35; comprimento, 0,41 e volume, 0,42), indicando, a partir desta avaliação, ser possível direcionar estratégias de seleção e obter ganhos para frutos com mais polpa e menor caroço, destinando a exploração do fruto para consumo ou à agroindústria.

Palavras-chave: *Astrocaryum aculeatum* G. Mey; correlações lineares; seleção indireta.

Agradecimento: FAPEAM e CAPES.

1. Mestrandos em Ciência e Tecnologia para Recursos Amazônicos. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.
*fcrsolimoes@gmail.com.

2. Professor do Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.

3. Graduandos em Agronomia. Universidade Federal do Amazonas. Itacoatiara-AM, Brasil.

AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE CULTIVARES DE GLADIÓLOS CULTIVADOS NAS CONDIÇÕES DO CENTRO-OESTE BRASILEIRO

Leidiane Santana das Neves;^{1} Maria Helena Menezes Cordeiro;¹ Rafael Benetti;² Kamilla Ferreira Rezende;³ Celice Alexandre Silva⁴*

O gladiolo é uma importante flor de corte que devido a sua grande beleza aliada ao ciclo curto e fácil condução, conquistou floricultores e consumidores do estado de São Paulo desde meados do século XX. Essa espécie de clima tropical e subtropical adapta-se a uma grande faixa de temperatura, o que representa potencial de exploração econômica em todo o território brasileiro. No entanto, para que seja introduzida em determinada região com intuito de exploração comercial são necessários estudos a fim de identificar as cultivares mais adaptadas condições ambientais locais, com capacidade de produção de hastes com padrão comercial. Nesse sentido, o objetivo do presente estudo foi realizar a avaliação biométrica de três cultivares de gladiolos cultivados nas condições do Centro-Oeste Brasileiro. O experimento foi desenvolvido em casa de vegetação na Universidade do Estado de Mato Grosso, campus Tangará da Serra, utilizando delineamento inteiramente casualizado com três cultivares (White Goddess, San Martin, Yester Gold) e seis repetições, com uma planta por parcela. As características avaliadas foram altura da planta, massa, comprimento, diâmetro e número de flores da inflorescência. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de Tukey a 5% de probabilidade. Diferenças significativas entre as cultivares foram observadas apenas para a característica altura de planta, onde a cultivar Yester Gold apresentou altura de planta de 134,00 cm dife-

rindo significativamente da cultivar White Goddess, que apresentou altura de 111,67 cm. Para a cultivar San Martin, a altura da planta foi de 126,40 cm, não diferindo significativamente da cultivar Yester Gold. As hastes florais das cultivares avaliadas apresentaram número de flores entre 10 e 12 por inflorescência, o tamanho da inflorescência variou de 40,25 a 43,83 cm e o diâmetro da inflorescência foi de 7,76 mm. As cultivares avaliadas nas condições do Centro-Oeste apresentaram características de hastes florais compatíveis com o padrão comercial exigido para comercialização.

Palavras-chave: Flores de corte; Palma de Santa Rita; Biometria.

Agradecimento: FAPEMAT, CNPq, CAPES.

-
1. Bacharelado em Ciências Biológicas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.
 2. Pós-Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil. *helenagromc@gmail.com.
 3. Mestre em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Goiás. Ipameri-GO, Brasil.
 4. Professor do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra - MT, Brasil.

AValiação DA ORDEM DE GENES DOMINANTES NA HERDABILIDADE DA TOLERÂNCIA AO ALUMÍNIO EM CARACTERES DE RAIZ DE MILHO-PIPOCA

Matheus Pereira Ribeiro;^{1} José Marcelo Soriano Viana;² Vinícius Costa Almeida;³ Aloísio Fernando da Silva Ribeiro;⁴ Leonardo Alves Rizzo;⁵ Hécio Duarte Pereira³*

Muitas espécies vegetais apresentam algum tipo de mecanismo genético de tolerância a ações nocivas do alumínio (Al) no sistema radicular. O objetivo do estudo foi avaliar a ordem de genes dominantes para herança da tolerância ao Al por meio da caracterização radicular. Para isto, foi realizado um dialelo com oito linhagens advindas do Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca da UFV, sendo uma sensível, uma tolerante e seis intermediárias. Estas as linhagens e seus híbridos F1 foram avaliadas em conjunto com duas testemunhas tolerantes ao alumínio, em delineamento inteiramente casualizado, contendo duas repetições. As sementes foram preparadas e levadas à câmara de germinação em papel germitest por sete dias. Ao final deste período, as plântulas foram transferidas para uma casa de vegetação, onde foram fotografadas, para mensurar o comprimento inicial, e alocadas em um recipiente contendo oito litros de solução nutritiva por um período de sete dias. Após 24 horas, período de aclimação das plântulas, foi adicionado alumínio na solução nutritiva para indução do estresse. A aeração da solução se dava por meio de ar comprimido e a temperatura da casa de vegetação ficou controlada em 24 °C. Ao final dos setes dias sob estresse, as raízes das plântulas foram coletadas e levadas ao laboratório onde foram escaneadas para mensuração do comprimento final. A caracterização da tolerância ao Al foi relacionada ao comprimento líquido e relativo das raízes axiais, laterais e ao número de raízes.

A adequação dos dados foi realizada testando a homogeneidade da diferença $W_r - V_r$ e se a inclinação da regressão de W_r em V_r é 1, onde W_r é a covariância entre o pai e seus filhos e V_r é a variância dos filhos. A ordem de dominância dos pais é determinada por $W_r + V_r$. A análise do gráfico (W_r, V_r) fornece informações detalhadas sobre a distribuição dos genes dominantes entre os pais e a identificação das linhagens superiores. As linhagens 11-133, 11-403 e 11-383 têm o maior número de genes recessivos (favoráveis) para o comprimento relativo total, lateral e axial da raiz, respectivamente. Em relação ao comprimento total e lateral da raiz e número de pontas das raízes, a linhagem 11-142 apresenta o maior número de genes dominantes (favoráveis). Como o comprimento da raiz axial líquida é determinado por genes dominantes e recessivos favoráveis (dominância bidirecional), as linhagens 11-403 e 11-60 têm o número máximo de genes dominantes e recessivos (favoráveis e desfavoráveis), respectivamente, mas as linhagens superiores são 11-109 e 11-133. Com base na ordem de dominância, podemos inferir que o primeiro possui genes dominantes mais favoráveis e o segundo possui genes recessivos mais favoráveis.

Palavras-chave: melhoramento de milho; genes dominantes; tolerância; alumínio.

Agradecimento: CAPES, CNPQ e FAPEMIG.

1. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *matheus.p.ribeiro@ufv.br.
2. Professor Titular do Departamento de Biologia Geral. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Doutores em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
5. Mestre em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

AVALIAÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE 10 GERMOPLASMAS DE CEBOLA NA REGIÃO DO ALTO VALE DO ITAJAÍ, SC

Gerson Henrique Wamser;^{1*} Daniel Pedrosa Alves;¹ Cândida Elisa Manfio¹

O estado de Santa Catarina é o maior produtor nacional de cebola. Na safra catarinense de 2018 foram colhidas 485,12 mil toneladas, com valor bruto de produção de R\$ 630,60 milhões (Epagri/Cepa, 2019). A produtividade média da safra catarinense foi de 27,63 t.ha⁻¹ (IBGE,2019).

Uma das características de destaque da cebolicultura catarinense é a utilização de cultivares de polinização aberta (OPs), ao contrário do que ocorre em outras regiões do país onde se recorre a utilização de variedades híbridas, principalmente pelos agricultores mais tecnificados. Esta preferência por cultivares OPs se deve em parte pela não existência de híbridos adaptados às condições locais de clima, já que são desenvolvidos em outras regiões e países. Já os cultivares OPs por serem desenvolvidos na região de cultivo e terem uma base genética mais ampla, possuem uma melhor adaptação às variações climáticas. O objetivo do presente estudo foi avaliar 10 genótipos de cebola no Alto Vale do Itajaí-SC no sistema convencional de produção. O experimento foi conduzido no município de Ituporanga, SC, a 475 m de altitude, durante a safra 2018/2019. O delineamento experimental foi a casualização em blocos, com três repetições. Cada parcela foi composta de 390 plantas espaçadas em 0,075m entre plantas e 0,35 m entre linhas. Foram testados dois cultivares híbridos e oito cultivares de polinização livre (OP), sendo cinco populações avançadas e três cultivares comerciais. Para separação dos cultivares mais produtivos foi realizado o agrupamento de médias de Scott-Knott com a utilização do aplicativo computacional GENES[®]. O agrupamento permitiu separar cinco grupos com diferentes produtividades comerciais. O grupo mais produtivo foi composto por

uma população avançada, Bola_Agro e um cultivar comercial, SCS379 Robusta, com produtividade comercial de 50,38 e 48,49 t ha⁻¹; no segundo grupo de maior produtividade (43,14 t ha⁻¹) ficou um cultivar híbrido: Bella Vista; no terceiro grupo ficaram dois cultivares comerciais: Epagri 363 Superprecoce e Em-pasc 352 Bola Precoce, com produtividade de 39,92 e 39,14 t ha⁻¹, respectivamente; no quarto grupo as produtividades variaram de 31,69 a 35,07 t ha⁻¹ para os genótipos: Branca, SCS366 Poranga, Rio das Antas (híbrido) e Cruzamento_05. O germoplasma menos produtivo atingiu 27,14 t ha⁻¹, sendo uma população avançada do programa de melhoramento.

Palavras-chave: melhoramento vegetal; *Allium cepa*; resistência.

1. Pesquisadores da Epagri – Estação Experimental de Ituporanga, Santa Catarina, Brasil. Email: *gwamser@epagri.sc.gov.br.

AValiação de diferentes métodos de micropropagação de banana maçã cv. Goiana

Anna Karolina Neves dos Santos;^{1*} Maurízia de Fátima Carneiro;² Paulo Roberto Faria;³ Sérgio Tadeu Sibov⁴

Mudas micropropagadas de cultivares de banana em plantios comerciais apresentam ótimo desempenho com aumento da produção, maior período de sobrevivência e menor necessidade quanto ao controle de pragas e doenças. Estes resultados proporcionam ao produtor maior segurança, menor custo de manejo e aumento de produtividade. Para aumentar a produção de mudas *in vitro* e reduzir os custos dessa técnica, o sistema de Biorreatores de Imersão Temporária (BITs) são uma excelente alternativa. BITs oferecem uma série de vantagens como a redução de custos com mão de obra o que resulta em um menor valor final da muda; uso de meio de cultura líquido, que permite melhor nutrição do tecido e maior taxa de crescimento; redução do número de frascos utilizados, reduzindo assim custos de produção; maior uniformidade das mudas no final do processo, e menor estresse gasoso e mecânico. Este trabalho teve o objetivo de comparar dois métodos de micropropagação *in vitro* de Banana Maçã cv. Goiana. Para ambos os métodos foram utilizadas plantas de 6ª repicagem, cedidas pelo Laboratório de Cultura de Tecidos da Emater de Goiânia-GO, sendo um total de 15 plantas para cada método. No cultivo *in vitro* convencional foi colocada uma planta por frasco, em 40 mL de meio de cultura MS suplementado com 30 g/L⁻¹ de sacarose, 2,3 g/L⁻¹ de Gellex®, 3,0 mg/L⁻¹ de 6-benzilaminopurina (BAP), 0,5 mg/L⁻¹ de cinetina (KIN) e 2,0

g/L⁻¹ de carvão ativado. No sistema BITs foram utilizados 5 pares de garrafas, onde foram colocadas 3 plantas por garrafa, em 1,5 L de meio MS suplementado com 30 g/L⁻¹ de sacarose, 3,0 mg/L⁻¹ de BAP, 0,5 mg/L⁻¹ KIN e 2,0 g/L⁻¹ de carvão ativado. Antes do estabelecimento de cada método foi feita uma limpeza das plantas retirando partes oxidadas, folhas e raízes. Após 30 dias, as plantas foram avaliadas quanto ao número de folhas, número de raízes, comprimento do broto e comprimento da maior raiz. Os dados foram submetidos à Análise de Variância – ANOVA, e as médias comparadas pelo teste t-Student ao nível de 5% de probabilidade. As plantas submetidas ao sistema BITs obtiveram maiores médias em comparação as plantas submetidas ao cultivo *in vitro* convencional, em que se observou superioridade em todas as variáveis analisadas. O sistema BITs é o método mais eficiente na micropropagação de mudas de banana.

Palavras-chave: *Musaceae*; cultura de tecidos; biorreator de imersão temporária.

Agradecimento: CAPES, CNPq e Estação Experimental Nativas do Cerrado da Emater de Goiânia-GO.

1. Engenheira-agrônoma, mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *annakarolina.neves@hotmail.com.
2. Bióloga, doutora em Agronomia, pesquisadora da Estação Experimental Nativas do Cerrado da Emater-GO, Goiânia-GO, Brasil.
3. Engenheiro-agrônomo, mestre em Agronomia, pesquisador do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, Brasil.
4. Biólogo, doutor em Genética e Biologia Molecular, professor do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, Brasil.

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO E SORGO QUANTO AO POTENCIAL FORRAGEIRO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO

Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira;^{1*} Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira;²
Maísa Nascimento Carvalho;³ Eduarda Santos Silveira;⁴ Alisson de Menezes dos Santos⁴

A região semiárida do Estado de Sergipe, conhecida como bacia leiteira do alto sertão sergipano, carece de estudos voltados a alternativas sustentáveis para alimentação animal. Tendo em vista a alternância significativa da utilização do milho e sorgo na região, este estudo avaliou o potencial forrageiro destas culturas, visando identificar a melhor alternativa de uso quanto a massa da forragem nas condições de semiárido do Estado. O experimento foi conduzido na área experimental da Embrapa Semiárido - SE, onde foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro e 36 genótipos de milho, em DBC com três repetições e duas repetições, respectivamente. Os genótipos de milho são provenientes de diferentes classes genéticas constituídos por híbridos simples, duplos e triplos, comercial e experimental. No experimento com sorgo forrageiro os tratamentos foram constituídos de genótipos experimentais com duas testemunhas comerciais amplamente utilizada na região. A característica avaliada, em ambos os ensaios, foi a massa de forragem (MF) em kg.ha⁻¹, estimada a partir das variáveis matéria verde e seca, peso das plantas da parcela e estande de plantas da parcela. Foi realizada análise de variância da MF e a seleção dos melhores genótipos foi baseada no teste de Scott-knott ao nível de 5% de confiança. Houve diferenças significativas entre os genótipos de ambos os experimentos ao nível de 1% de significância pelo teste F, indicando alta variabilidade entre os materiais avaliados em ambos os experimentos. Este resultado revela a possibilidade de seleção de indivi-

duos superiores com relação a MF a ser ofertada para alimentação animal na bacia leiteira do Estado de Sergipe. Além disso, observou-se que materiais experimentais foram superiores aos comerciais, amplamente utilizados. Assim há a possibilidade de inclusão desses materiais em programas de melhoramento na região com foco no aumento quantitativo e qualitativo da forragem. Houve significativos veranicos durante a condução dos experimentos e com isso observou-se que os genótipos de sorgo foram mais promissores pois apresentaram uma maior tolerância ao déficit hídrico com relação ao milho, que foram substancialmente prejudicados. O genótipo experimental de sorgo 2013F04019 apresentou o melhor resultado de produtividade de 14.305,55 kg.ha⁻¹, não apresentando diferença estatística do cultivar comercial Ponta-Negra, que apresentou produtividade de 13.159,78 kg.ha⁻¹ de MF. Devido ao déficit hídrico, o potencial de forragem dos genótipos de milho ficou prejudicado, apresentando uma média de 1085,44 kg.ha⁻¹ de MF. Dessa forma indica-se o cultivar Ponta-Negra como alternativa ao milho no fornecimento de forragem na região do alto sertão sergipano e o genótipo experimental de sorgo 2013F04019 como potencial para inclusão em programas de melhoramento em região de semiárido.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; *Sorghum bicolor* L.; Sustentabilidade; Semiárido.

Agradecimento: COPES-UFS.

1. Professor do Núcleo de Graduação de Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil. *gustavo.ufs@ufs.br.

2. Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.

3. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho". Jaboticabal - SP, Brasil.

4. Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Goiânia-GO, Brasil.

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS QUANTO À PRECOCIDADE PARA A PRODUÇÃO DE FEIJÃO VERDE

Emanuel Magalhães da Costa;^{1} Angela Maria dos Santos Pessoa;² Leslyene Maria de Freitas;¹ Tomil Ricardo Maia de Sousa;³ Ana Kelly Firmino da Silva;³ Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini⁴*

No melhoramento do feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] se busca cultivares superiores com várias características, sendo algumas delas: alta produtividade, precocidade, porte ereto, crescimento determinado e resistência a pragas e doenças. A precocidade, em especial, é uma característica muito importante, pois possibilita a realização de até três cultivos por ano, incluindo os cultivos de sequeiro e irrigado, além de potencializar a produção em regiões com longo período de estiagem. Com isso, objetivou-se com esse trabalho selecionar genótipos precoces de feijão-caupi para a produção de feijão verde. Foram avaliados vinte e dois genótipos de feijão-caupi com quatro testemunhas adicionais em experimento conduzido no setor de horticultura da Universidade Federal do Ceará (UFC), em Fortaleza-CE. Foram avaliados os caracteres: número de dias até a floração (DFL), número de dias até a maturação da primeira vagem (DFR), peso da vagem verde (PVV), largura da vagem verde (LVV), comprimento da vagem verde (CVV) e espessura da vagem verde (EVV). O experimento foi analisado no delineamento em blocos aumentados, com três repetições e parcela com seis plantas. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Os genótipos apresentaram comportamento superior às testemunhas principalmente em DFL e DFR, em que apenas uma (Paraguaçu) das quatro testemunhas se sobressaiu em relação a grande parte dos genótipos

e as outras testemunhas. Os tratamentos foram significativos para todos os caracteres. Os genótipos mais precoces foram: CE-114 (53 dias), CE-796 (53,3 dias), CE-244 (53,5 dias), CE-959 (54,3 dias), CE-61 (54,6 dias) e a cultivar Paraguaçu (54,6 dias). O genótipo CE-165 apresentou o maior peso de vagem verde (14,8 g), comprimento de vagem verde (35,4cm) e espessura da vagem verde (1,3 cm). E o genótipo CE-796 apresentou a maior largura da vagem verde (1,1 cm). Os genótipos avaliados apresentaram características desejadas para produção de feijão verde. A partir desses resultados poderá ser realizada seleção e desenvolvimento de linhagens precoces.

Palavras-chave: melhoramento genético; feijão-caupi; feijão verde; precocidade.

Agradecimento: PIBIC UFC

1. Graduando em Agronomia. Universidade Federal do Ceará. Fortaleza-CE, Brasil. *emanuelmagalhaeso@gmail.com.
2. Bolsista DCR/FUNCAP/CNPq. Universidade Federal do Ceará. Fortaleza-CE, Brasil.
3. Engenheiro agrônomo da Universidade Federal do Ceará. Fortaleza-CE, Brasil.
4. Professora do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal do Ceará. Fortaleza-CE, Brasil.

AValiação de Linhagens de Feijão Carioca Mais Produtivas em Sistemas com Inoculação com Rizóbio

Carlos de Sousa Silva;^{1*} Lucas Matias Gomes;¹ Sâmela Beutinger Cavalheiro;¹ Leonardo Cunha Melo;² Thiago Lívio Pessoa Oliveira;² Helton Santos Pereira²

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas consumida de forma direta mais importante para a dieta dos brasileiros, principalmente, por ser excelente fonte de proteínas. Haja vista a sustentabilidade e a redução do custo de produção, a adoção de tecnologias como a fixação biológica de nitrogênio (FBN) é algo positivo em relação ao uso de adubos químicos. No entanto, ainda são poucos os estudos que visam selecionar genótipos de feijão com bom desempenho produtivo em condição de FBN, o que limita a recomendação aos agricultores. Diante disso, o objetivo foi identificar linhagens elite de feijão carioca com alta produtividade no sistema FBN. Foram avaliadas 12 linhagens elite, selecionadas previamente em sistema FBN, juntamente com as testemunhas Pérola e BRS Pontal (alta produtividade em FBN), e BRS Estilo (baixa produtividade em FBN). Os ensaios foram realizados no ano de 2014, na safra das águas, em Anápolis-GO. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições. As parcelas com duas linhas com 4 m de comprimento. Para o sistema de adubação nitrogenada mineral, foi realizada adubação com ureia na semeadura (20 kg ha⁻¹) e na cobertura, totalizando 80 kg ha⁻¹ de nitrogênio (N). No sistema FBN, as sementes foram inoculadas com inoculante turfoso, composto pela mistura das estirpes de *Rhizobium tropici* (SEMIA 4077 e 4088) e *Rhizobium freirei* (SEMIA 4080), na proporção de 500 g de inoculante para 50 kg de sementes. Os ensaios foram realizados lado a lado e ambos foram adubados com P₂O₅ e K₂O no plantio de acordo com análise de solo. Avaliou-se a produtividade de grãos (kg ha⁻¹). Foram realizadas as análises de

variância individuais e conjunta. Aplicou-se o teste de Scott Knott ao nível de 10% de probabilidade. Adicionalmente, estimou-se o índice de coincidência entre as seis melhores linhagens de cada sistema. Observou-se boa precisão experimental (CV<18%), confirmada pelas estimativas de acurácia seletiva altas (AS>0,7). O efeito de linhagem e da interação entre linhagens e fontes de nitrogênio foram significativos (p<0,05), indicando que existe variabilidade genética entre as linhagens quanto a resposta às fontes de nitrogênio. Três das linhagens mais produtivas coincidiram em ambas as fontes de N, observado pelo índice de coincidência de 50%. Houve a formação de dois grupos de médias, em que oito linhagens obtiveram maior produtividade, no entanto não diferindo das cultivares utilizadas como testemunhas. CNFC 15462 (2.166 kg ha⁻¹), CNFC 15483 (1.883 kg ha⁻¹), CNFC 15480 (1.790 kg ha⁻¹), CNFC 15490 (1.773 kg ha⁻¹), CNFC 15497 (1.771 kg ha⁻¹), CNFC 15460 (1.718 kg ha⁻¹), CNFC 15526 (1.670 kg ha⁻¹) e CNFC 15494 (1.662 kg ha⁻¹). Essas linhagens devem ser avaliadas em mais ambientes e se promissoras poderão se tornar cultivares recomendadas para cultivo em condição de inoculação com rizóbio.

Palavras-chave: melhoramento de feijão; fixação biológica de nitrogênio; *Rhizobium*.

Agradecimento: CNPq, Embrapa Arroz e Feijão

1. Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *carlostillva367@gmail.com.

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

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA PARA SELEÇÃO DE GENITORES TOLERANTES AO ALUMÍNIO POR MEIO DE CARACTERES DE RAIZ

Ana Carolina de Souza;^{1*} José Marcelo Soriano Viana;² Matheus Pereira Ribeiro;³
Vinícius Costa Almeida;⁴ Leonardo Alves Risso;⁵ Hélcio Duarte Pereira³

Em solos ácidos, o efeito nocivo do alumínio (Al) reduz o crescimento radicular de plantas sensíveis, constituindo um fator limitante à produtividade das culturas. O objetivo do estudo foi identificar linhagens de milho-pipoca tolerantes ao Al por meio da caracterização radicular. Para isto, foi realizado um dialelo com oito linhagens advindas do Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca da UFV, sendo uma sensível, uma tolerante e seis intermediárias. Estas as linhagens e seus híbridos F1 foram avaliadas em conjunto com duas testemunhas tolerantes ao alumínio, em delineamento inteiramente casualizado, contendo duas repetições. As sementes foram preparadas e levadas à câmara de germinação em papel germitest por sete dias. Ao final deste período, as plântulas foram transferidas para uma casa de vegetação, onde foram fotografadas, para mensurar o comprimento inicial, e alocadas em um recipiente contendo oito litros de solução nutritiva por um período de sete dias. Após 24 horas, período de aclimação das plântulas, foi adicionado alumínio na solução nutritiva para indução do estresse. A aeração da solução se dava por meio de ar comprimido e a temperatura da casa de vegetação ficou controlada em 24 °C. Ao final dos setes dias sob estresse, as raízes das plântulas foram coletadas e levadas ao laboratório onde foram escaneadas para mensuração do comprimento final. A caracterização da tolerância ao Al foi relacionada ao comprimento líquido e relativo

das raízes axiais, laterais e ao número de raízes. A análise dialélica de Hayman é um método para investigar o controle genético de caracteres com base em médias, variâncias e covariâncias. Através deste método é possível calcular os limites de seleção (YR e YD) para características controladas por genes dominantes e recessivos, respectivamente. Para crescimento relativo da raiz, a média da linhagem tolerante ao Al se aproximou à média das testemunhas e apresentou desempenho superior e contrastante à linhagem sensível ao Al, como era esperado. A média dos híbridos F1 foi inferior à todas as linhagens. As demais características avaliadas apresentaram resultados semelhantes aos resultados de crescimento relativo. Apesar disso, quando as médias das linhagens foram comparadas com os limites de seleção obtidos pela análise dialélica de Hayman, nenhuma linhagem apresentou média superior aos limites de seleção. Sendo assim, de acordo com o resultado da análise, apesar do desempenho contrastante, não se recomenda a seleção de nenhuma linhagem para genitor dentro do programa de melhoramento buscando características herdáveis.

Palavras-chave: melhoramento de milho; milho-pipoca; seleção; tolerância; alumínio.

Agradecimento: CAPES, CNPQ e FAPEMIG.

1. Graduanda em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *ana.souza18@ufv.br.
2. Professor Titular do Departamento de Biologia Geral. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Doutores em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
5. Mestre em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

AValiação de produção total e número de raízes de batata-doce do banco ativo de germoplasma da Epagri

Candida Elisa Manfio;^{1*} Gerson Henrique Wamser;¹ Daniel Pedrosa Alvez;¹ João Vieira Neto;¹
Fabio Satoshi Higashikawa;¹ Renata Sousa Resende¹

A procura dos agricultores e consumidores por cultivares com características nutraceuticas e que atendam a questão produtividade tem sido fator importante em programas de melhoramento de batata doce. Sendo assim os trabalhos com coleções de germoplasma são fontes de materiais genéticos promissores. Na Epagri, em 1985, iniciaram trabalhos de coleta e obtenção de materiais e este banco já contou com 700 genótipos obtidos de propriedades de agricultores e intercâmbio com instituições de pesquisa nacionais e internacionais. Esta coleção atualmente conta com 128 acessos. Neste período foi distribuído material propagativo de genótipos que se destacaram nas avaliações, aos agricultores do estado, de estados vizinhos, bem como para outras instituições de pesquisa. Um dos principais resultados deste trabalho foi a seleção, desenvolvimento, registro e lançamento de três cultivares em 2011 e mais outros três em 2014. Sendo assim, torna-se importante avaliar e caracterizar os acessos desse banco, para a sua utilização em programas de melhoramento e obtenção de novos cultivares. Neste sentido o trabalho teve por objetivo avaliar a produção total e o número de raízes produzidas dos acessos do banco de germoplasma no ano de 2019. Os experimentos foram realizados em blocos casualizados com três repetições e sete plantas por parcela, sendo as cinco plantas centrais avaliadas para as características produção total por hectare e número de raízes comerciais. Para separação dos acessos foi realizado o agrupamento de médias de Scott Knott com a utilização do aplicativo computacional R. O agrupamento permitiu separar cinco grupos com diferentes produtividades totais e número de raízes comerciais. O

grupo mais produtivo (84,72 a 70,05 t ha⁻¹) foi composto por seis acessos. No segundo grupo de maior produtividade ficaram agrupados dois acessos (58,50 a 58,55 t ha⁻¹), no terceiro 23 acessos (36,05 a 55,18 t ha⁻¹), no quarto 57 (18,11 a 34,14 t ha⁻¹) acessos e no quinto grupo 40 acessos (1,35 a 17,85 t ha⁻¹). A separação dos cinco grupos formados para a característica número de raízes teve distribuição distinta em relação à produtividade. No primeiro grupo com maior número de raízes produzidas ficaram dois acessos (30,7 e 27,0 raízes), no segundo grupo cinco acessos (19,7 a 22,6 raízes), no terceiro grupo 26 (11,7 a 18,3 raízes), no quarto 51 (6,4 a 11,3 raízes) e no quinto e último 44 acessos (0,0 a 6,0 raízes). Foi possível observar forte correlação linear positiva (0,90) entre produtividade e número de raízes, ou seja, tendência dos materiais mais produtivos com maior número de raízes. O ano agrícola do experimento foi climaticamente ideal para a cultura da batata doce e neste estudo verificamos que 68,75% dos acessos (88) produziram acima da média nacional, que é de aproximadamente 18 t.ha⁻¹. Mesmo assim, ainda podemos observar que três acessos não produziram raízes comerciais (tamanho entre 100 a 500 g) e apenas um acesso não produziu.

Palavras-chave: *Ipomea batatas* L.; diversidade; melhoramento vegetal.

1. Pesquisadores da Epagri – Estação Experimental de Ituporanga, Santa Catarina, Brasil. Email: candidamanfio@epagri.sc.gov.br.

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE *PHYSALIS IXOCARPA* COM BASE EM DESCRITORES DE FRUTO

Jainara Ferreira Leal;^{1*} Jonathan Said Tejada Orellana;² Luiz Claudio Costa Silva;³
Adriana Rodrigues Passos⁴

A *Physalis ixocarpa* Brot. é originário do México, sendo muito utilizado na agroindústria para a produção de molhos, e na produção de fármacos em função das suas propriedades medicinais. É uma espécie subexplorada, e em decorrência da sua rusticidade e adaptabilidade apresenta potencial de cultivo para pequenos produtores. O objetivo desse trabalho foi avaliar e selecionar progênies de *Physalis ixocarpa* utilizando descritores de fruto. O experimento foi implantado na área experimental do Horto Florestal da Universidade Estadual de Feira de Santana (UNEHF/UEFS), situado no município de Feira de Santana-BA, em delineamento inteiramente casualizado, com 15 tratamentos, três repetições e parcela experimental de duas plantas. Foram avaliados os caracteres altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), eixo longitudinal do fruto (ELF) e eixo transversal do fruto (ETF). Os dados foram submetidos a análise de variância e estimados os parâmetros genéticos herdabilidade (h^2), coeficiente de variação genético (CVg) e relação coeficiente de variação genético e ambiental (CVg/CVe), e para a comparação de médias empregou-se o teste de Scott Knot (1974). Os resultados foram obtidos utilizando o *software* Genes. Não foi observada diferença significativa para os caracteres altura da planta e diâmetro do caule. Entretanto, o ELF e ETF permitiu a formação de dois e três agrupamentos, respectivamente, destacando as progênies 173V, 11R, 128R, 214V, 92V por apresentar as maiores médias. Identificou-se elevadas

herdabilidades para os caracteres ELF e ETF, permitindo constatar facilidades no processo de seleção. O coeficiente de variação genético foi superior a 11% e a relação CVg/CVe foi igual a um, sugerindo que ambos os caracteres podem ser considerados de forma eficiente no processo de seleção.

Palavras-chave: melhoramento genético; parâmetros genéticos; *Physalis ixocarpa* Brot.

-
1. Graduanda em Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil. *ja.inara2010@hotmail.com.
 2. Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
 3. Professor da Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
 4. Orientadora. Professora da Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

AValiação QUÍMICA DE GENÓTIPOS DE CAFÉ CONILON IRRIGADO NO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL

Sônia Maria Costa Celestino;¹ Pedro Ivo Aquino Leite Sala;² Renato Fernando Amabile;¹
Juaci Vitória Malaquias;¹ Igor Alencar de Carvalho;² Adriano Delly Veiga¹

O café é um produto cujo valor tende a crescer com o aumento da qualidade, principalmente pela qualidade de bebida. Logo, produtos de maior qualidade terão melhores preços e aceitação. Fatores genéticos (espécies, variedades, linhagens), ecológicos (diferentes condições ambientais onde é cultivado) e processamento (colheita, preparo, secagem e armazenamento) compõem a qualidade química dos grãos e afeta diretamente a qualidade do café para bebida. A espécie *Coffea canephora* Pierre ex Froehner vem surgindo como uma nova opção para os produtores de café na região do Cerrado, por apresentar boa produção em áreas de alta altitude e suportar temperaturas amenas à noite durante o período da maturação. Os grãos de café produzidos no Cerrado são caracterizados por sua alta qualidade, devido, principalmente, às condições climáticas favoráveis ao seu desenvolvimento. A qualidade do café é avaliada, tradicionalmente, por meio de critérios que envolvem a determinação do seu número de defeitos e o tamanho de grãos. Contudo, sua qualidade também está relacionada a diversos constituintes químicos, que são responsáveis pela doçura, textura, amargor, acidez e aroma característico da bebida. Foram analisados os parâmetros genéticos e fenotípicos associados aos componentes químicos de qualidade de uma coleção de 27 genótipos de café conilon recepado irrigado no Cerrado do Distrito Federal. Grãos crus de genótipos da coleção da Embrapa Cerrados foram utilizados para as análises de açúcares solúveis totais, sólidos solúveis, cafeína, ácido clorogênico (5-cafeoilquínico), perfil de ácidos orgânicos, proteína e extrato etéreo. Os dados obtidos

foram submetidos a análise de variância conjunta e foram estimados os parâmetros genéticos. Foi realizada a análise de componentes principais (ACP) afim de agrupar os genótipos, utilizando método Ward a partir da ACP. Observou-se diferenças significativas entre os genótipos para a maioria das características químicas avaliadas. Os genótipos CPAC194, CPAC28, CPAC27, CPAC196, CPAC28 e CPAC171 foram os mais diferentes entre si, indicando que o cruzamento entre eles possibilita a obtenção de ganhos genéticos em trabalhos de seleção.

Palavras-chave: Conilon; seleção de genótipos; qualidade química.

1. Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, 73301-970 Planaltina, DF, sonia.celestino@embrapa.br.

2. Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Veterinária, Brasília, DF.

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE SERINGUEIRA (*HEVEA* SPP.) DA EMBRAPA CERRADOS

Josefino de Freitas Fialho;^{1*} Wanderlei Antônio Alves de Lima;¹ Ailton Vitor Pereira;¹ Nilton Tadeu Junqueira;¹ Marcelo Fideles Braga¹

O principal objetivo do melhoramento de seringueira é gerar, avaliar e selecionar clones superiores em produção, vigor e resistência às pragas e doenças, visando o aumento da produtividade de borracha e a sustentabilidade dos seringais de cultivo. Uma das formas dos melhoristas buscarem as fontes destes genes superiores é através da variabilidade genética existentes em bancos de germoplasma. No Brasil há uma rica variabilidade genética representada em seringais nativos ou em Bancos Ativos de Germoplasmas, que precisa ser conservada, caracterizada e utilizada nos programas de melhoramento genético e, conseqüentemente, garantir a estabilidade e sustentabilidade da heveicultura. Por possuir sementes com curto tempo de viabilidade (recalcitrantes), que não podem ser armazenadas por longos períodos de tempo, além de apresentar dificuldades de propagação “*in vitro*”, a conservação do germoplasma de seringueira vem sendo feita em condição de campo, na forma de coleções de plantas vivas “*in vivo*”, nas instituições de pesquisas, para facilitar a sua conservação, caracterização, avaliação e utilização. Parte desta variabilidade genética está sendo conservada no Banco Ativo de Germoplasma de Seringueira da Embrapa Cerrados, que foi transferido do Centro Nacional de Pesquisa de Seringueira e Dendê (CNPDS), localizado em Manaus-AM, na década de 90; como também enriquecido com outros genótipos introduzidos do Rubber Research Institute of Malaysia (RRIM), do Institut des Recherches sur le Caoutchouc em Afrique (IRCA) na Costa do Marfim, do Rubber Research Institute of Ceylon/Sri Lanka (RRIC), do Instituto Agrônômico de Campinas (IAC), da CEPLAC e da Fazenda Triângulo em Pontes e Lacerda-MT. Parte da coleção está conser-

vada em condição de jardim clonal, com espaçamento de 1 m²/planta, e parte em condição de seringal com espaçamento de 16-20 m²/planta. Na condição adensada de jardim clonal permite conservar maior número genótipos, para fins de pesquisa e intercâmbio, porém, não permite o pleno desenvolvimento das plantas até a fase adulta e a expressão de todo o seu potencial, sendo necessária a conservação como seringal em espaçamento maior. Atualmente o acervo está composto por 822 genótipos de diferentes espécies, sendo 317 genótipos clonados e 505 pés-francos. As caracterizações foram feitas com base em descritores morfológicos e moleculares. Os genótipos em condição de seringal foram avaliados, quanto ao desenvolvimento em circunferência do tronco, produção e qualidade da borracha. Os resultados evidenciam ampla variabilidade e diversidade genética nos acessos do banco, que contribuirão no manejo e na continuidade dos trabalhos de melhoramento da cultura. As avaliações permitiram a identificação de clones superiores em produtividade de borracha, que serão disponibilizados para uso imediato em plantios comerciais, contribuindo para a diversificação clonal e sustentabilidade dos seringais. Foram realizados intercâmbios com outras instituições de pesquisas e os dados de passaporte foram disponibilizados, para o público, no sistema Alelo da Embrapa.

Palavras-chave: *Hevea brasiliensis*; heveicultura; recursos genéticos; cerrado; variabilidade genética.

1. Pesquisadores da Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, Brasil. * josefino.fialho@embrapa.br.

CARACTERÍSTICAS BIOMÉTRICAS DE SEMENTES DE *ANNONA SQUAMOSA* L. PROVENIENTES DE CANDIBA, BAHIA

Jaqueline Alves Rocha;^{1*} Luã Gabriel Santos Barreto;¹ Carolaine Teles Pereira;¹ Alcebíades Rebouças São José;² Adriana Dias Cardoso²

A pinha (*Annona squamosa* L.), também conhecida como ata ou fruta-do-conde, pertence à família das Anonáceas. No Brasil a cultura da pinheira é encontrada desde a região Norte até a região Sudeste, destacando-se como maiores produtores os Estados da Bahia, Alagoas, São Paulo e Pernambuco. Há uma grande variação nas informações sobre o número de sementes no fruto da pinheira, com variação média de 19 até 87 sementes. O estudo da biometria de sementes é importante por fornecer informações morfológicas sobre a espécie, podendo essas informações serem correlacionadas com a qualidade fisiológica das sementes, atestadas pelos testes de condutividade elétrica e de germinação. Com isso, objetivou-se com este trabalho avaliar as características biométricas de sementes de pinha coletadas no município de Candiba-BA. O trabalho foi realizado no Laboratório Biofábrica da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, campus Vitória da Conquista. Os frutos de pinha foram coletados no mês de fevereiro de 2020 em Candiba-BA. As sementes foram retiradas de frutos fisiologicamente maduros, sendo selecionadas 100 sementes para avaliação. As características biométricas das sementes avaliadas foram comprimento longitudinal, largura e espessura, medidas na linha mediana das sementes. Os dados foram submetidos à estatística descritiva e para cada característica foram calculadas a média, amplitude entre valores mínimos e máximos, mediana, moda, desvio padrão e variância. As amplitudes foram de 10,77 a 15,97 mm, 5,94 a 9,02 mm e 4,27 a 7,36 mm para comprimento, largura

e espessura, respectivamente. Os valores médios para comprimento foram de 13,85 mm, para largura 7,42 mm e espessura 5,31 mm. A mediana e a moda para comprimento foram de 13,77 e 12,93 mm, largura de 7,37 e 7,60 mm, espessura de 5,30 e 4,90 mm, respectivamente. Essa variação nas características biométricas das sementes provenientes de plantas nativas é esperada, devido ao fato de que os seus frutos são polispérmicos, podendo ocorrer competição, interferindo no tamanho final. Outros fatores que podem influenciar a variação nas características biométricas das sementes são a composição genética das plantas matrizes e as condições ambientais. O desvio padrão e variância de comprimento apresentou maior valor, 1,22 e 1,5, respectivamente, indicando maior variação entre os valores quando comparados à largura e espessura com valores de desvio padrão de 0,6 para ambas e de variância de 0,4 e 0,3, respectivamente. As sementes apresentaram variabilidade em todas as características estudadas.

Palavras-chave: fruticultura; morfometria; pinha.

1. Graduando em Engenharia Agrônoma, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista-BA, Brasil. *jaquelinealvesr17@gmail.com.

2. Engenheiro Agrônomo, Professor, Dsc, Departamento de Fitotecnia e Zootecnia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista-BA, Brasil.

CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS DE SORGO FORRAGEIRO EM CULTIVOS DE SEGUNDA SAFRA

Denise Caragnato Parisotto;^{1*} Janaine Aparecida Poli dos Santos;² Maria Antonia Bortolucci da Rosa;³ Adriano Nicoli Roecker;² José Avelino Santos Rodrigues;⁴ Flávio Dessaune Tardin⁴

O sorgo é uma das principais forrageiras utilizadas para ensilagem, mas devido a sensibilidade ao fotoperiodismo, muitos cultivares tem tido baixo desempenho em cultivos de segunda safra. Com o objetivo de identificar materiais adequados para esse período, foram avaliados 25 genótipos de sorgo forrageiro, na Embrapa Agrossilvipastoril, em Sinop, MT, nas segundas safras 2018 e 2019, com semeadura em fevereiro e colheita em maio. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Os materiais foram avaliados quanto à altura (m), acamamento (%) e produtividade de massa verde (Mg ha⁻¹). As médias dos genótipos para as características avaliadas foram submetidas ao teste de agrupamento proposto por Scott-Knott (P<0,05), sendo realizada a análise de variância e o estudo da interação genótipos por ambientes. O *software* GENES foi utilizado para análise dos dados. Apenas produtividade de massa verde demonstrou interação G x A significativa, com os genótipos 2013F02005, 2013F02019, 2013F02021, 2013F02006, BRS Ponta Negra e 2013F04006 se destacando positivamente, com média geral de 42,59 Mg ha⁻¹ no ano de 2018 e de 53,08 Mg ha⁻¹ no ano de 2019. Esses materiais, com exceção de 2013F02005 e 2013F04006, também estiveram entre os de maior altura, com média geral de 2,93 m, juntamente com 2015F30011, 2015F30012, 2015F30013, 2013F03006 e 2013F03019. Quanto ao acamamento, 2013F02006 apresentou a maior média

entre os períodos, com 47,57% de plantas acamadas, seguido por 2013F02005 (33,96%), 2013F02019 (27,13%) e 2013F02021 (21,78%), que estiveram no segundo grupo de maior acamamento. Apesar de estar entre os materiais de maior altura, BRS Ponta Negra se mostrou resistente ao acamamento. Sendo assim, por apresentarem boas produtividades de massa verde e menor incidência de acamamento, os genótipos BRS Ponta Negra e 2013F04006, se mostraram mais promissores para cultivos de segunda safra.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; safrinha; fotoperiodismo; silagem.

Agradecimento: CNPq; FAPEMAT; Embrapa Milho e Sorgo; Embrapa Agrossilvipastoril.

1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Alta Floresta-MT, Brasil. *dcparisotto@gmail.com.
2. Graduandos em Zootecnia. Universidade Federal de Mato Grosso. Sinop-MT, Brasil.
3. Mestranda em Zootecnia. Universidade Federal de Mato Grosso. Sinop-MT, Brasil.
4. Pesquisadores da Embrapa. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo. Sete Lagoas-MG, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO BIOMÉTRICA DOS FRUTOS DO TUCUMÃ-DO-AMAZONAS COMERCIALIZADOS NO MUNICÍPIO DE ITACOATIARA-AM

Tâmiza Barros Martins;^{1*} Maria do Socorro Barros Martins;² Tânia Nunes Rodrigues;² Fábio Medeiros Ferreira;³ Fernando Carlos Ribeiro Solimões;¹ Auria Réggis Nascimento da Silva⁴

A espécie *Astrocaryum aculeatum* é uma palmeira típica da região amazônica, também, é encontrada nos estados do Pará, Roraima, Mato Grosso, Rondônia e Acre, e nos países, Colômbia, Venezuela, Guiana e Bolívia. Apresenta um potencial econômico muito alto, o qual concentra-se em seus frutos, folhas e estipes, podendo ser utilizados na alimentação, confecção de biojóias, produção de biodiesel, confecções de redes de pesca, bolsas, cordas e tecidos, além de construção de cercas, currais e casas. Embora, essa palmeira seja importante para atividade econômica da região, a produção de tucumã é quase que em totalidade extrativista. Existe uma grande variedade de frutos da espécie, porém poucos estudos referentes a classificação dessas variedades. Sendo assim, o objetivo foi caracterizar e descrever os frutos do tucumã do amazonas que são vendidos em pontos e feiras do município de Itacoatiara-Am. O estudo foi realizado entre os meses de outubro de 2019 e março de 2020 em feiras e pontos fixos de venda em Itacoatiara, zona metropolitana de Manaus. Foram amostrados 10 frutos de cada saca das procedências distintas (comunidades), vendidas pelos comerciantes, totalizando 420 amostras. No laboratório foram determinadas as características físicas dos frutos, tais como: a) peso úmido do fruto inteiro; b) peso úmido da casca (epicarpo); c) peso úmido da polpa (mesocarpo); d) peso úmido do pirênio (endocarpo mais amêndoa); e) diâmetro do fruto; f) comprimento do fruto; g) coloração da polpa e; h) tipo do

tucumã. As amostras analisadas foram provenientes de 9 localidades distintas sendo que Anebá/Silves forneceu cerca de 52,38% dos frutos comercializados, os outros lugares foram Rondon/Itacoatiara (11,90%), Sudam/Itacoatiara (11,90%), Terra Santa/PA (7,14%), Arari/Itacoatiara (4,76%), Km 5 - Am 010/ Itacoatiara (4,76%), sendo Km 13 - Am 010/Itacoatiara, Km 36 - Am 010/Itacoatiara e Itapiranga responsáveis por 2,38% cada. Os tipos de tucumãs analisados foram vermelho (80,95%), arara (14,28%) e mesclado (4,76%), o que foi possível identificar através da coloração da polpa, sendo ela nas tonalidades de laranja, amarelo e mescla entre laranja e amarelo, respectivamente. A média do peso dos frutos foi $56,56 \pm 15,17$ (CV 26,2), a média do peso da casca $8,63 \pm 2,28$ (CV 26,39), a média do peso da polpa $16,37 \pm 5,37$ (CV 58,47), a média do peso do pirênio $31,63 \pm 9,19$ (CV 29,06), a média do comprimentos dos frutos foi de $53,24 \pm 6,34$ (CV 11,91) e o diâmetro foi $43,68 \pm 4,56$ (CV 10,44). Sendo assim, o pirênio corresponde a 56% e a polpa do tucumã representa em média 28,9% de todo o fruto. Foi possível observar a variabilidade entre as características dos frutos de tucumã-do-amazonas.

Palavras-chave: biometria; *Astrocaryum aculeatum*; comercialização; conservação; diversidade genética.

Agradecimentos: FAPEAM e CAPES

1. Mestrando em Ciência e Tecnologia para Recursos Amazônicos. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil. *tamiza_barrosm@hotmail.com.

2. Graduando em Agronomia. Universidade Federal do Amazonas. Itacoatiara-AM, Brasil.

3. Professor do Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.

4. Pós-graduanda em Docência no Ensino Superior. Centro Universitário Leonardo Da Vinci – UNIASSELVI, Itacoatiara-AM, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE FEIJÃO DO GRUPO CARIOCA E PRETO POR MEIO DE ATRIBUTOS NUTRICIONAIS

Alison Fernando nogueira;^{1*} Jessica Delfini;¹ Luriam A. B. Ribeiro;¹ Nicholas Vieira de Sousa;²
Silas Mian Alves;³ Vania Moda Cirino⁴

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) está presente diariamente na dieta dos brasileiros, sendo de suma importância para o melhoramento o enriquecimento nutricional. O objetivo desse trabalho foi caracterizar acessos de feijão carioca e preto, quanto aos seus teores de minerais e de proteínas. O experimento foi conduzido em Londrina-PR, onde foram avaliados 6 acessos de feijão no delineamento em blocos casualizados. Para determinação dos minerais, os grãos de feijão foram lavados com HCL 0,1M, seguido de um enxague com água destilada. Em seguida, os grãos foram secos com papel toalha e deixados em ambiente arejado por 24 horas. Após essa limpeza, os grãos foram moídos no moinho Perten 3100. As amostras moídas (0,4 g) foram submetidas à digestão nitroperclórica (HNO₃:HClO₄) na proporção de 3:1, segundo metodologia de Miyazawa *et al.* (1999) e o teor dos minerais foi determinado em espectrofotômetro de emissão atômica -ICP Thermo Jarrel Ash ICAP 61E). O teor de proteínas foi determinado por espectroscopia de infravermelho próximo (NIRS). Os dados foram submetidos à análise de componentes principais (ACP), pheatmap e correlação de Person, as análises estatísticas foram efetuadas com o auxílio do programa Rstudio. Através da análise dos componentes principais, foi possível explicar um total de 82,3% de toda a variabilidade genética, mostrando uma associação dos vetores zinco, enxofre e magnésio com os acessos IPR Uirapuru e IPR Tuiuiú, os vetores fósforo,

potássio e ferro foram associados com o acesso IPR Sabiá, os acessos IPR Curió e BRS Estilo foram associados aos vetores cálcio e manganês, o acesso BRS Esteio apresentou os menores teores de minerais. Pela correlação de Pearson foi possível identificar correlações positivas superiores a 0,7, entre proteína e enxofre; ferro com fósforo, magnésio e cobre; zinco com enxofre e magnésio; cobre com magnésio; magnésio com fósforo e enxofre; e potássio com fósforo. Houve a presença de correlação negativa acima de 0,7 para cálcio com potássio e manganês com ferro. O acesso IPR Uirapuru mostrou-se promissor para os minerais zinco, enxofre e magnésio e o acesso IPR Curió apresenta potencial para os minerais cálcio e magnésio.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; qualidade nutricional; variabilidade genética.

Agradecimento: Capes.

1. Doutorandos(a) em Agronomia. Universidade Estadual de Londrina (UEL). Londrina - PR, Brasil. *allisonfernando@gmail.com.
2. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual de Maringá – UEM Maringá – PR, Brasil.
3. Mestrando em Agronomia. Universidade Estadual de Londrina (UEL). Londrina - PR, Brasil.
4. Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IAPAR-EMATER, Londrina, PR, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANGUEIRA (*MANGIFERA INDICA*, L.) QUANTO À INCIDÊNCIA DE ANTRACNOSE (*COLLETOTRICHUM GLOEOSPORIOIDES* PENZ).

Ian Santana Freitas;^{1*} Hermes Peixoto Santos Filho;² Nelson Fonseca²

A mangueira (*Mangifera indica* L.) é uma fruteira que ocorre principalmente em zonas tropicais e subtropicais. O Brasil é o sétimo maior produtor de manga do mundo, que é uma das frutas de maior importância para o agronegócio nacional. A doença antracnose, causada por fungos do gênero *Colletotrichum*, afeta folhas, flores e frutos, prejudicando a qualidade e interferindo na produção. O uso de cultivares resistentes é o método mais simples e eficaz para controle de doenças de plantas. Contudo para sua aplicação é necessário a identificação e caracterização prévia de recursos genéticos promissores que possam ser incorporados aos programas de melhoramento da cultura, visando à resistência a doenças. O objetivo desse estudo foi caracterizar morfoagronômica 17 variedades e híbridos elites do Banco de Germoplasma de Manga da Embrapa Mandioca e Fruticultura, selecionados pelo Programa de Melhoramento Genético da Mangueira no Brasil, em relação à resistência à antracnose. O trabalho foi desenvolvido em campo experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura, avaliando os genótipos Alfa, Azenha, Beta, CPAC 329/94, CPAC 22/93, CPAC 165/93, CPAC 263/94, CPAC 58/95, Espada Vermelha, Lita, Palmer, Ômega, Rosa 02, Rosa 36, Rosa 46, Roxa Embrapa 141 e Tommy Atkins. As avaliações foram realizadas por dois avaliadores em dois lados da planta, com amostragem ao acaso. A severidade da doença na panícula foi aferida por escala de notas: nível 1: Flores ou frutos tipos chumbinho sem sintoma de antracnose; nível 2: Até 50% das flores afetadas; nível 3: Sintomas nas flo-

res nos frutos e nos râquis; nível 4: Totalmente atacada e enegrecida. Nas folhas, em relação ao percentual da área foliar com sintomas: nível 1: Entre 1% a 2%; nível 2: Entre 2% e 5%; nível 3: Entre 5% e 10%; nível 4: Entre 10% e 20%; nível 5: Entre 20% e 40%; nível 6: acima de 40%. Nos frutos, quanto o percentual de área afetada: Nível 1: Sem lesão; Nível 2: Menor que 5%; Nível 3: Entre 5% e 10%; Nível 4: Entre 10% e 30%; Nível 5: Maior do que 30%. Os dados foram agrupados pelo método UPGMA, com base na distância euclidiana. Quanto ao grau de severidade e incidência da antracnose, os acessos se distinguiram em cinco grupos. O grupo formado pelos genótipos Rosa 46, Rosa 36, CPAC 22/93 e Roxa, apresentou maior incidência e severidade nas lesões de antracnose observadas nas panículas, flores e frutos. O genótipo Espada Vermelha se dispôs isoladamente no dendrograma, assim como o genótipo Azenha, ambos correspondem aos materiais que apresentaram menor incidência de lesões quando comparadas aos supracitados. Palmer, Rosa02, Omega e Tommy Atkins, CPAC 58/95, Alfa e CPAC 263/94 se agruparam como genótipos intermediários. CPAC 165/93, Lita, Beta e CPAC 329/94, foram categorizados como resistentes a antracnose.

Palavras-chave: melhoramento de manga; resistência a doença; seleção de genótipos.

Agradecimento: CNPQ.

1. Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia / Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil. *ianfreitas@gmail.com.

2. Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO EM FRUTOS DE *CAPSICUM ANNUUM* L.

Elisandra da Silva Sousa;^{1*} Mailson Monteiro do Rêgo;² Angela Maria dos Santos Pessoa;³ Kaline da Silva Nascimento;⁴ Cristine Agrine Pereira dos Santos Rodrigues;⁴ Elizanilda Ramalho do Rêgo²

O gênero *Capsicum* pertence à família Solanaceae e compreende as espécies de pimentas e pimentões e são hortaliças consumidas em todo o mundo. As pimentas deste gênero estão intimamente relacionadas à riqueza cultural brasileira, sendo parte valiosa do patrimônio da biodiversidade por apresentarem ampla variabilidade genética para diferentes caracteres, planta, flores e principalmente de frutos. A caracterização morfológica auxilia na seleção de germoplasma e no conhecimento da espécie. Com isso, o objetivo desse trabalho foi caracterizar frutos em genótipos de *Capsicum annuum* L. O experimento foi realizado no laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal do Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba (CCA-UFPB). Utilizou dois genótipos de pimentas ornamentais (*Capsicum annuum* L.), o UFPB-77.3 e o UFPB-137, pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças do CCA, UFPB. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com dois tratamentos (genótipos) e 10 repetições. As características avaliadas foram definidas com base no International Plant Genetic Resource Institute, comprimento do fruto, peso do fruto, comprimento do pedicelo, maior diâmetro do fruto, menor diâmetro do fruto, comprimento da placenta, espessura do pericarpo, número de sementes por fruto, peso do fruto sem semente, manchas de antocianinas, forma do fruto, persistência do fruto com o pedicelo, persistência do pedicelo com o talo, cor do fruto imaturo, cor do fruto intermediário, cor do fruto maduro. Os dados quantitativos foram submetidos ao teste t para dados

independentes, ($\alpha = 0,05$) e os dados qualitativos foram analisados por meio de estatística descritiva e mostrados em tabela de frequência. Dentre os dois genótipos avaliados, o UFPB-77.3 apresentou características de menores valores médios e de qualidades desejáveis para o uso ornamental, sendo importante para ser utilizado com genitor em programa de melhoramento genético de pimentas ornamentais.

Palavras-chave: acessos; melhoramento genético; pimentas.

Agradecimento: UFPB, CAPES e CNPq.

1. Graduanda em Agronomia. Universidade Federal da Paraíba. Areia-PB, Brasil. *elisandra484@gmail.com.
2. Professores do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal da Paraíba. Areia-PB, Brasil.
3. Bolsista DCR/CNPq/FUNCAP. Universidade Federal do Ceará. Fortaleza-CE, Brasil.
4. Doutorandas em Agronomia. Universidade Federal da Paraíba. Areia-PB, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO ENZIMÁTICA DO FILTRADO DO FUNGO MICORRÍZICO DE *WAITEA CIRCINATA*

Jefté Barbosa Silva;^{1*} *Fabrcia Paula de Faria;*² *Rosália S. Amorim;*³ *Leila Garcia de Araújo*³

O fungo micorrízico *Waitea circinata* induz resistência em plantas de arroz contra *Magnaporthe oryzae* (brusone) e *Rhizoctonia solani* (queima da bainha). Esta ação pode ser explicada pela produção de enzimas hidrolíticas. Dessa forma, este estudo teve como objetivo avaliar a produção de xilanases, celulases, glucanases e quitinases do filtrado *W. circinata*. O fungo foi cultivado em BDA por 11 dias, em seguida o micélio foi raspado obtendo-se a suspensão micelial de 20 g por litro de água destilada e autoclavada. A suspensão foi mantida sob agitação constante de 140 rpm por 0, 24, 48, 72, 96, 120, 144, 168 e 192 horas. Após o período de agitação, a suspensão foi filtrada em peneira de 500 *mesh* esterilizada, obtendo-se, assim, a fase líquida denominada filtrado. Os ensaios foram realizados em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições e três réplicas biológicas. As enzimas endoxilanases, endoglucanases, quitinases, celobiohidrolases e celulases totais foram quantificadas. Maiores produções de xilanases, celobiohidrolases e celulases totais foram 335,8, 39,5 e 39,4 U/mg⁻¹, respectivamente, após 24 horas. O pico de endoglucanases foi após 24 horas com 35,5 U/mg⁻¹. Para a quitinase o pico de atividade foi após 168 horas com 0,05 U/mg⁻¹. Os resultados demonstraram que o filtrado produz estas enzimas que poderão ser usadas em formulações bioquímicas.

Palavras-chave: Controle biológico; enzimas hidrolíticas; micorriza.

Agradecimento: LGM, LBF, CAPES

-
1. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia - GO, Brasil. *jefté_barbosa@hotmail.com.
 2. Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia - GO, Brasil.
 3. Professora do Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia - GO, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE CAJUÍ (*ANACARDIUM* SP.) DO CERRADO SUL MARANHENSE.

Ana Carolina de Assis Dantas;¹ Kaelly de Maria Alves França;² Layla Fernanda Camara Sousa;³ Luis Fernando Camara Sousa Rocha;⁴ Richardson Soares de Souza Melo⁵

O cajuí é um fruto nativo do Cerrado brasileiro. Trata-se de uma árvore frutífera rústica, possui grande qualidade nutricional, constitui importante recurso genético que pode ser usado em programas de melhoramento. Essa espécie ainda não é domesticada, deste modo, os estudos devem ser ampliados, principalmente, quanto sua caracterização, cultivo, conservação e beneficiamento, já que se trata de uma atividade potencialmente geradora de renda, sobretudo nas áreas de ocorrência. A caracterização morfológica é de grande importância, para o conhecimento das qualidades que o fruto pode apresentar. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar morfológicamente cajuí (frutos e pedúnculos) coletados no município de São Raimundo das Mangabeiras-MA. No qual foram coletados frutos de quinze árvores/matrizes (genótipos), em seu período de safra, em estágio de maturação completa, foram caracterizados morfológicamente dez parâmetros deste fruto: PMP - Peso Médio do Pedúnculo; PMC - Peso Médio da Castanha; CP - Comprimento do Pedúnculo; CC - Comprimento da Castanha; DAP - Diâmetro Apical do Pedúnculo; DBP - Diâmetro Basal do Pedúnculo; COR - Coloração; FP - Formato do Pedúnculo; pH - Potencial Hidrognônico; SS - Sólidos Solúveis (°Brix). Os resultados mostram que os descritores morfológicos utilizados foram satisfatórios em permitir a detecção de diferenças entre os genótipos, havendo expressão de varia-

ção genética entre os genótipos. Todos os genótipos apresenta PMC < 3,33 g, sendo, portanto, classificada como cajuís de acordo com classificação da indústria de processamento de castanha de caju. Foi verificado também que os genótipos que mais se destacaram foram a genótipo 8 com maior PMP obtendo valor de 14,13g, no PMC com 1,93g, no CC com 20,51mm, o genótipo 10 com maior valor de CP de 35,98mm e SS que foi de 16,67 °Brix. Por fim, o cajuzeiro apresenta-se como uma fruteira nativa bastante promissora, sobretudo na região Nordeste do país. A valorização do formato e do tamanho reduzido dos pedúnculos para a obtenção de produtos diferenciados são iniciativas importantes para favorecer produção e a divulgação comercial das espécies nativas.

Palavras-chave: Conservação; Fruto Nativo; Recursos Genéticos.

Agradecimento: IFMA-SRM.

1. Professora do Instituto Federal do Maranhão. São Raimundo das Mangabeiras-MA, Brasil. ana.dantas@ifma.edu.br.
2. Graduada em Ciências Biológicas. Instituto Federal do Maranhão. São Raimundo das Mangabeiras-MA, Brasil.
3. Graduada em Ciências Biológicas. Instituto Federal do Maranhão. São Raimundo das Mangabeiras-MA, Brasil.
4. Técnico em Agropecuária. Instituto Federal do Maranhão. São Raimundo das Mangabeiras-MA, Brasil.
5. Professor do Instituto Federal do Maranhão. São Raimundo das Mangabeiras-MA, Brasil

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA CULTIVADAS POR AGRICULTORES FAMILIARES

Abraão Rodrigues de Almeida;^{1} Alciele da Silva Leite;² Jane Clésia Silva dos Santos;² Isabel Correia da Silva;² Iane Rodrigues de Almeida;³ José Carlos da Costa⁴*

O feijão-Lima ou fava (*Phaseolus lunatus* L.) é muito cultivado por agricultores familiares da Região Nordeste, garantindo a segurança alimentar, como também é fonte de renda, devido a sua comercialização. Como é uma planta autógama com frequência alogamia, é comum a ocorrência de misturas dos materiais genéticos, possibilitando maior variabilidade genética. Essa variabilidade pode ser avaliada e quantificada a partir da caracterização. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar morfológicamente variedades crioulas de feijão-fava cultivadas por agricultores familiares. O experimento foi conduzido em área experimental do IFPE *campus* Vitória de Santo Antão, em blocos casualizados, com espaçamento 1,5x1,5m, onde avaliou-se 8 acessos de fava provenientes de três municípios: Garanhuns (acesso 5,6 e 8), Limoeiro (acessos 2 e 7) e Lagoa de Itaenga (acessos 1, 3, 4). Os caracteres avaliados foram: crescimento, aberturas das asas, tamanho do botão floral, forma do folíolo, pilosidade da folha, persistência da folha, número de folhas, altura planta, comprimento e largura do folíolo, de acordo com International Plant Genetic Resources Institute. Foi observado que todos os acessos apresentaram folha do tipo glabra e persistente, aberturas das asas paralelas fechadas, padrão de crescimento indeterminado e tamanho de botão floral pequeno. Não sendo utilizados para diferenciar os acessos entre si. A forma do folíolo foi do tipo Oval (Acessos 1, 2 e 8), Redondo (Acesso 3, 4, 6 e 7) e Linear lanceolada (Acesso 5). Ao observar a dissi-

milaridade genética pelo método de Singh (1981) averiguou-se que o comprimento e largura do folíolo foram os mais eficientes para explicar a dissimilaridade entre os acessos. Ambos somados apresentam 81,65% de contribuição relativa para a divergência genética. Os demais caracteres analisados, altura da planta com 30 dias e número de folhas com 30 dias, correspondem, juntos, com 18,35%. Utilizando o dendrograma pelo método de vizinho mais próximo, houve a formação de dois grupos, com 60 e 100% de dissimilaridade. O segundo grupo foi formado isoladamente pelo Acesso 5. A partir dos dados monológicos caracterizados não foi possível separar os acessos por procedência. As variáveis comprimento do folíolo e largura do folíolo foram as mais herdáveis e mais eficientes para explicar a dissimilaridade entre os acessos.

Palavras-chave: pureza genética; variabilidade; sementes; melhoramento.

Agradecimento: IFPE.

1. Graduando em Agronomia. Instituto Federal de Pernambuco. Vitória de Santo Antão-PE, Brasil. *abraaoalmeida98@gmail.com.
2. Graduandas em Agronomia. Instituto Federal de Pernambuco. Vitória de Santo Antão-PE, Brasil.
3. Graduanda em Geografia. Instituto Federal de Pernambuco. Polo Limoeiro, Brasil.
4. Prof. Doutor em Melhoramento Genético de Plantas. Instituto Federal de Pernambuco. Vitória de Santo Antão-PE, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS E COMERCIAIS DE MILHO CULTIVADAS NO ESPÍRITO SANTO

Wagner Bastos dos Santos Oliveira;^{1*} Diego Pereira do Couto;² Jéssika Santos de Oliveira;² Sheila Cristina Prucolli Posse;³ Adésio Ferreira;⁴ Marcia Flores da Silva Ferreira⁴

As variedades crioulas são imprescindíveis na segurança alimentar das comunidades rurais que as conservam, além disso, os programas de melhoramento genético dependem desses recursos para o desenvolvimento de novas cultivares. Diante disso, objetivou-se caracterizar 69 variedades crioulas e comerciais de milho cultivadas no Espírito Santo quanto a fenologia, caracteres agronômicos e de rendimento e injúrias causadas por pragas e doenças. Foram avaliadas 65 variedades crioulas de milho e quatro variedades comerciais cultivadas no estado do Espírito Santo. O experimento foi conduzido em blocos completos casualizados, com três repetições e parcelas contendo três fileiras de 2 x 1 m e cinco plantas por metro. As variáveis fenológicas avaliadas foram: florescimento masculino, feminino e protandria, as agronômicas foram: altura até a espiga principal e altura da planta, os caracteres de rendimento foram: peso das espigas com e sem palha e o peso dos grãos, as variáveis de injúrias foram: incidência de lagarta do cartucho nas plantas, incidência de helmintosporiose, ferrugem e mancha branca nas folhas. A diferença entre os tratamentos foi calculada pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade de erro. Como resultados, para os caracteres fenológicos, três testemunhas comerciais (híbrido transgênico AgrisureViptera, cultivares AG1051 e AG105) agruparam com 20 variedades crioulas que apresentaram FM e FF precoce. As variedades que apresentaram florescimento tardio foram a 10, 53, 56,

57 e 73, com florescimento entre 68 a 72 dias após a emergência. Quanto a protandria, a variedade 65 foi a única que apresentou florescimento masculino e feminino no mesmo dia. Para os caracteres agronômicos de altura, notou-se grande variabilidade entre as variedades de milho em estudo. Para as variáveis relacionadas a produção, nota-se que o híbrido transgênico, se agrupou com as variedades que apresentaram menores pesos. Quanto a incidência de *S. frugiperda*, oito variedades não apresentaram nenhuma das plantas atacadas pela praga, sendo sete variedades crioulas e o híbrido transgênico resistente a praga. Com relação a incidência de doenças fúngicas foliares, destacam-se as variedades 1, 7 e 58, que não apresentaram sintomas de nenhuma das três doenças avaliadas neste estudo. Nota-se que as variedades crioulas de milho cultivadas no estado do Espírito Santo apresentam potencial fenológico, agronômico e de rendimento maior e semelhante a variedades comerciais consolidadas no mercado, além disso há variedades crioulas resistentes a pragas e doenças que podem ser inseridas como genótipos promissores em programas de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: melhoramento de milho; índices de seleção; *landraces*; conservação.

Agradecimento: INCAPER, FAPES, CAPES e CNPQ.

1. Pós doutor em Produção Vegetal. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre-ES, Brasil. *wobastos@yahoo.com.br.
2. Mestrandos em Produção Vegetal e Genética e Melhoramento. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre-ES, Brasil.
3. Pesquisadora do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão – INCAPER. Vitória-ES, Brasil.
4. Professores do Centro de Ciências Agrárias e Engenharias da Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre-ES, Brasil.

CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL DE ACESSOS DE FEIJÃO VAGEM

Alison Fernando Nogueira;¹ Jessica Delfini;¹ Aida Satie Suzuki Fukuji;² Nicholas Vieira de Sousa;^{3*} José dos Santos Netos;³ Vania Moda Cirino⁴

O Feijão vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante fonte de proteína e nutrientes acessível a um baixo custo, dessa forma torna-se importante o enriquecimento nutricional através do melhoramento genético. A seleção de cultivares de interesse para os programas de melhoramento pode ser efetuada levando em consideração os caracteres agrônômicos, morfológicos, nutricionais e moleculares, podendo ser uma ferramenta na busca de variabilidade genética. O objetivo desse trabalho foi caracterizar acessos de feijão vagem, quanto aos seus teores de minerais. O experimento foi conduzido em Londrina-PR, onde foram avaliados 6 acessos de feijão vagem no delineamento em blocos casualizados. Para determinação dos minerais, os grãos de feijão foram lavados com HCL 0,1M, seguido de um enxague com água destilada. Em seguida, os grãos foram secos com papel toalha e deixados em ambiente arejado por 24 horas. Após essa limpeza, os grãos foram moídos no moinho Perten 3100. As amostras moídas (0,4 g) foram submetidas à digestão nitroperclórica (HNO₃:HClO₄) na proporção de 3:1, segundo metodologia de Miyazawa *et al.* (1999) e o teor dos minerais foi determinado em espectrofotômetro de emissão atômica -ICP Thermo Jarrel Ash ICAP 61E). Através da análise dos componentes principais, foi possível explicar um total de 78,2% de toda a variabilidade genética, mostrando uma associação dos vetores zinco, boro, manganês e fósforo com o acesso Archer 9893, os vetores cálcio, magnésio, potássio, cobre e nitrogênio foram associados com os acessos Amarelinho trepador, Black valentine e Branco de vagem, os acessos Bayo e Cachamundinho apresentaram

baixos teores de minerais. Pela correlação de Pearson foi possível identificar correlações positivas superiores a 0,7, entre nitrogênio e cobre; cobre com magnésio e enxofre; enxofre e magnésio; magnésio com manganês e zinco; manganês com zinco e fósforo; zinco e fósforo; e fósforo com potássio. Houve a presença de correlação negativa acima de 0,7 para nitrogênio e boro. O acesso Archer 9893 se mostrou promissor para os minerais zinco, manganês e fósforo e o acesso Branco de vagem possui potencial para os minerais magnésio, cálcio, potássio, cobre e nitrogênio. A caracterização permitiu diferenciar os acessos, evidenciando os mais promissores para programas de melhoramento visando a biofortificação dos principais minerais.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; qualidade nutricional; variabilidade genética.

Agradecimento: Capes.

1. Doutorandos(a) em Agronomia. Universidade Estadual de Londrina (UEL). Londrina - PR, Brasil. *
2. Graduada em Agronomia. Universidade Estadual de Londrina (UEL). Londrina - PR, Brasil.
3. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual de Maringá – UEM Maringá – PR, Brasil.
4. Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná - IAPAR-EMATER, Londrina, PR, Brasil.

COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA EM ÍNDICES DE SELEÇÃO COM BLUPS NO MELHORAMENTO DE TRIGO

Higor de Queiroz Ribeiro;^{1*} Cleiton Renato Casagrande;² Henrique Caletti Mezzomo;³ Tiago Mateus de Oliveira;¹ Giulia Heloisa Lima Oliveira;¹ Maicon Nardino⁴

A aplicação de índices de seleção, corriqueiramente usados sobre valores fenotípicos, em valores genotípicos é bastante recente em programas de melhoramento de trigo. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi obter o coeficiente de coincidência entre cinco índices aplicados em valores genotípicos (BLUPs) para a seleção de linhagens de trigo. Para tanto, 41 genótipos de trigo foram avaliados em um experimento em blocos ao acaso na área experimental do Programa Trigo da Universidade Federal de Viçosa (UFV), com três repetições. Dos 41 genótipos, 32 eram linhagens desenvolvidas pelo Programa Trigo-UFV e os demais, cultivares comerciais de diferentes obtentores. Visando a seleção simultânea por linhagens precoces, com sanidade, de estatura baixa para cultivo irrigado, de alto peso de hectolitro e altamente produtivas, foram avaliados os caracteres: dias para a floração (DF), nota de doença (ND), altura de planta (AP), peso de hectolitro (PH) e produtividade de grãos (PG). Os dados obtidos foram submetidos a análise de deviance seguindo o modelo 21 do *software* Selegen. Os parâmetros genéticos e os valores genotípicos obtidos na análise foram usados para a aplicação dos índices de seleção: índice da soma de ranks (I_{SR}), índice Multiplicativo (I_M), índice Distância Genótipo-Ideótipo (I_{DGI}), índice aditivo (I_A) e índice FAI-BLUP (I_F). Em cada índice foram selecionados 20% dos melhores genótipos (8 selecionados). Para todos os caracteres, houve diferença significativa a 1% de probabilidade pelo tes-

te da máxima verossimilhança. A maior estimativa de coincidência na seleção dos genótipos deu-se para os índices $I_M \times I_F$ selecionando concomitantemente sete genótipos (0,88), seguidos por $I_{SR} \times I_M$ e $I_{SR} \times I_F$ com coincidência de 0,75. Os índices mais divergentes foram $I_{DGI} \times I_F$ e $I_M \times I_F$ concordando somente em dois dos oito genótipos selecionados. Os demais coeficientes de coincidência apresentaram estimativas intermediárias, 0,38 ($I_{SR} \times I_{DGP}$, $I_{SR} \times I_A$ e $I_A \times I_F$), 0,5 ($I_M \times I_A$) e 0,63 ($I_{DGI} \times I_A$). O somatório dos ganhos com a seleção foi de 10,08%, 16,11%, 15,74%, 44,3% e 9,81%, para os índices I_{SR} , I_M , I_{DGI} , I_A e I_F respectivamente. Os genótipos CD 1303, BRS 264, VI 131313, VI 131246, VI 14047, VI 14774, VI 14980 e VI14867, foram selecionados concomitantemente por três ou mais índices, evidenciando superioridade em relação aos demais. A linhagem VI 14980 esteve entre as 20% superiores em todos os índices, portanto revela potencial para ser selecionada pelo programa de melhoramento como registro de uma nova cultivar de trigo para a região Central do Brasil. A estratégia de seleção simultânea usando múltiplos índices baseados em valores genotípicos é promissora e confere ao melhorista maior acurácia na seleção de genótipos superiores.

Palavras-chave: seleção simultânea; modelos mistos; valor genotípico.

Agradecimento: CNPQ; CAPES.

1. Acadêmicos dos Curso de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *higor.queiroz@ufv.br.
2. Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Doutorando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

CONCENTRAÇÕES DE AGENTE GELIFICANTE NA MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE *DIOSCOREA* SPP.

Leila Vasconcelos Costa Nobre;^{1*} Camila Rodrigues Pinto;¹ Denise dos Santos Vila Verde;² Maria Inês de Souza Mendes;³ Karen Cristina Fialho dos Santos;⁴ Antônio da Silva Souza⁵

O inhame é uma tuberosa com características agrônomicas desejáveis, sendo um alimento importante, com elevado conteúdo nutricional, além de ser fonte de trabalho e renda. Diante de aspectos como a baixa e lenta taxa de propagação, os problemas fitossanitários e a falta de material propagativo de qualidade, a multiplicação *in vitro* é uma alternativa satisfatória para obtenção de plantas em larga escala e isentas de patógenos. Contudo, alguns fatores podem influenciar no crescimento *in vitro* das plantas, como as condições do meio de cultura, que inclui as concentrações do agente gelificante. Este trabalho teve como objetivo estabelecer as concentrações ideais de Phytigel[®] para a multiplicação *in vitro* do inhame. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Miniestacas de 1 cm oriundas de plantas previamente cultivadas *in vitro* dos genótipos *Dioscorea alata* L., *D. alata* var. *purpurea* (Roxb.) A. Pouchet e *D. rotundata* Poir. foram introduzidas no meio de cultura 2GGC, na ausência (líquido) e solidificado com Phytigel[®] nas concentrações de 1 g L⁻¹, 2 g L⁻¹, 3 g L⁻¹ e 4 g L⁻¹. O delineamento foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3 x 5 (3 genótipos e 5 concentrações de Phytigel[®]), com 15 repetições. Após 90 dias, foram avaliados altura de parte aérea (cm), números de folhas verdes e senescentes, números de miniestacas, de brotos e de raízes, comprimento da maior raiz (cm), massas fresca e seca de parte aérea e de raízes (mg). Os dados obtidos foram submetidos ao programa

estatístico R, utilizando o pacote ExpDes.pt. Nas condições experimentais estudadas, 94,7% dos explantes foram responsivos. Para todas as variáveis analisadas houve efeito significativo para a interação entre genótipo e concentrações de Phytigel[®]. De modo geral, para o fator genótipo, as maiores médias foram observadas em *D. alata* var. *purpurea*, seguido de *D. alata*, exceto para número de brotos. Em relação às concentrações de Phytigel[®], para *D. alata* var. *purpurea*, as maiores médias obtidas para altura de parte aérea, número de folhas verdes e comprimento da maior raiz ocorreram no meio líquido. Em *D. alata* var. *purpurea* os maiores valores para número de brotos e comprimento da maior raiz também foram obtidos na ausência do gelificante. Ainda no meio líquido, em *D. rotundata*, isso aconteceu /apenas para o número de folhas senescentes. Considerando os meios gelificados, as médias mais altas, para a maioria das variáveis, foram registradas na espécie *D. rotundata*, em concentrações de Phytigel[®] entre 1,75 g L⁻¹ e 2,1 g L⁻¹. Dessa forma, para a multiplicação *in vitro* de *D. alata* var. *purpurea* e *D. alata* recomenda-se utilizar o meio de cultura líquido e para *D. rotundata* gelificado com concentrações entre 1,75 g L⁻¹ e 2,1 g L⁻¹ de Phytigel[®].

Palavras-chave: micropropagação; cultivo *in vitro*; inhame.

Agradecimento: Embrapa, CNPQ.

1. Estudante de Licenciatura em Biologia. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. Cruz das Almas-BA, Brasil. *leilacosta11@hotmail.com.

2. Doutoranda em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil.

3. Doutoranda em Genética e Biologia Molecular. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil.

4. Analista. Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.

5. Pesquisador. Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.

CONSERVAÇÃO EX SITU DA ESPÉCIE *RADDIA GUIANENSIS* EM DOIS AMBIENTES DE RESTRIÇÃO LUMINOSA

Luciana Santos Lobo;^{1*} Francisco dos Santos Neto;² Viviane de Jesus Carneiro;² Marielly da Luz Santos;² Rejjane Patrícia de Oliveira;³ Claudinéia Regina Pelacani

O cultivo *ex situ* é uma ferramenta importante nos estudos de conservação da biodiversidade, principalmente em espécies ameaçadas de extinção, de populações restritas e em locais antropizados a exemplo de *Raddia guianensis* (Poaceae, subfamília Bambusoideae e tribo Olyreae). Esta espécie é nativa, porém, não endêmica, com uma população descrita na Guiana. É encontrada em sub-bosque de florestas húmidas, locais com pouca disponibilidade luminosa e está sob risco de extinção devido a ação antrópica. O objetivo desse trabalho foi avaliar a taxa de sobrevivência e o crescimento de indivíduos de *Raddia guianensis* sob cultivo *ex situ* em dois níveis de luminosidade. Dez indivíduos de *R. guianensis* foram selecionados de uma população já conhecida, localizada na cidade de Cachoeira, Bahia, Brasil, e transportados para o novo local em embalagens individuais contendo o conjunto indivíduo+solo original úmido. Após 5 dias da coleta, os indivíduos foram transplantados para recipientes com capacidade de 5 litros, contendo uma mistura de solo do ambiente natural e local (1:1) da unidade experimental Horto Florestal da UEFS. Após o transplante, metade dos recipientes foi distribuída em viveiros cobertos com tela sombrite preta com 80% e 50% de restrição de luminosidade e permaneceram por 454 dias. Foram analisadas a % de sobrevivência das mudas, emissão de folhas, presença de inflorescência, número de brotos, diâmetro (mm) e comprimento da parte aérea (cm). As luminosidades testadas não interferiram na sobrevivência das mudas, porém não foi observada a presença de

inflorescências durante o período de desenvolvimento. Não houve variações significativas para os dados de crescimento entre os ambientes testados. O número de brotos e folhas foi expressivo nas mudas conservadas a 50% de disponibilidade luminosa, com aproximadamente 47 e 544 respectivamente. Neste ambiente a emissão de novas folhas (biomassa) foi 52% superior quando comparado às plantas mantidas em ambiente de maior restrição de luz. De forma inversa, a altura das plantas e o diâmetro do caule foram favorecidos para aqueles indivíduos cultivados a 20% de disponibilidade de luz (média de 29cm e 0,7mm, respectivamente), correspondendo a 28% e 10% superior às médias observadas nas plantas conservadas em ambiente de maior disponibilidade de luz. Concluímos que a conservação *ex situ* de *R. guianensis* a partir de indivíduos jovens é viável, apresentando alto índice de sobrevivência da espécie. As estratégias de sobrevivência predominante envolvem crescimento em comprimento da parte aérea nos ambientes de pouca luz e formação de biomassa das plantas em ambiente de maior luminosidade. O número reduzido de indivíduos avaliados e a alta plasticidade fenotípica da espécie devem ser considerados na discussão dos resultados.

Palavras-chave: conservação da biodiversidade; antropização; Poaceae-Bambusoideae-Olyreae.

Agradecimento: CAPES, UEFS e o Programa de Pós-Graduação em Botânica.

1. Doutoranda em Botânica. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil. *lucianaslobo@outlook.com.com.
2. Graduandos em Agronomia. Departamento de Ciências Biológicas. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
3. Professor do programa de Pós-graduação em Botânica - PPGBot. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

CONTRIBUIÇÃO DOS CARACTERES E DESCARTES DE DESCRITORES EM *OPUNTIA FÍCUS-INDICA* MILL. UTILIZANDO O COEFICIENTE DE PONDERAÇÃO DAS VARIÁVEIS CANÔNICAS.

*Gabriela Barreto Mota;*¹ *Mariana Santos de Jesus;*² *Adriana Passos Rodrigues*³

O uso de descritores agrônômicos para caracterização do germoplasma, envolve diversas etapas, onde se busca conhecer o mais detalhadamente possível uma espécie em estudo, e possibilita inferir informações que norteiam os programas de melhoramento genético desta espécie. O presente trabalho objetivou identificar a contribuição relativa dos caracteres para onze descritores agrônômicos no estudo da diversidade genética da palma forrageira, e indicar descritores com baixa contribuição para serem descartados. Foram avaliados 65 acessos coletados em 13 populações localizadas em diferentes regiões do Estado da Bahia. O experimento foi estabelecido na estação experimental Rio Seco, localizada no Município de Amélia Rodrigues, com delineamento em blocos casualizados com espaçamento de 1,0 x 0,5m (fileira x plantas). Aos 12 meses após o plantio, procedeu-se a caracterização dos acessos. Os dados coletados foram submetidos a análise estatística utilizando o programa GENES. O coeficiente de ponderação, associado as variáveis canônicas, foram utilizados para estimar a contribuição dos caracteres para a variação observada na espécie. Para identificação dos caracteres de menor importância relativa utilizou-se o critério de corte dos autovetores inferiores 0,70. As quatro primeiras variáveis canônicas reuniram 74,86% da variação total, portanto, explicaram a maior parte da variação total disponível nos dados amostrais. Os descritores AFTC, AC, NTC e CC foram indicados para descarte por apresentarem baixa contribuição relativa para o estudo da diversi-

dade em *O. ficus-indica*. Os descritores com maior contribuição na discriminação dos acessos foram DC, MS, AP, LP e PS respectivamente e devem ser priorizados em programas de melhoramento genético da palma forrageira.

Palavras-chave: melhoramento genético; cactácea; recursos genéticos; caracterização do germoplasma.

Agradecimento: CAPES

-
1. Graduanda em Engenharia agrônômica, Universidade Estadual de Feira de Santana, BA, Brasil *gabi_118b@outlook.com.
 2. Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, Ba. Professora da Universidade Salvador, BA, Brasil.
 3. Professora do programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, BA, Brasil.

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DE HASTES FLORAIS DE PALMA DE SANTA RITA

Maria Helena Menezes Cordeiro;^{1*} Leidiane Santana das Neves;^{2*} Rafael Benetti;³
Kamilla Ferreira Rezende;² Celice Alexandre Silva⁴

A Palma de Santa Rita (*Gladiolus* spp.) é uma espécie de flor de corte mundialmente conhecida. No Brasil apesar dessa cultura originária do continente africano ter sido introduzida na década de 1950, o melhoramento genético ainda é pouco explorado, um dos mais importantes programas de melhoramento do país é desenvolvido pelo Instituto Agrônomo de Campinas, em São Paulo. Nesse sentido, estudos que fomentem os novos programas de melhoramento em outras regiões do país são necessários. A correlação entre caracteres é uma informação importante em um programa de melhoramento por permitir ao melhorista avaliar o quanto a alteração de uma característica pode afetar as demais características de importância econômica de espécie. O objetivo do presente estudo foi avaliar a relação entre caracteres morfológicos de hastes florais de Palma de Santa Rita das cultivares White Goddess, San Martin e Yester Gold. Plantas de Palma de Santa Rita, com hastes em ponto de colheita comercial, foram colhidas e avaliadas quanto à altura e massa fresca da planta, tamanho, diâmetro e número de flores das inflorescências. A partir dos dados obtidos, foram determinados a média, o valor mínimo e máximo, desvio-padrão e o grau de correlação de duas variáveis por meio da análise de correlação de Person. As plantas de Palma de Santa Rita apresentaram altura entre 108,00 e 156,00 cm, a massa fresca média das plantas foi de 126,49 g. As inflorescências apresenta-

ram tamanho entre 34,00 e 53,00 cm e número médio de flores variando de 8,00 a 15,00 por inflorescência. Correlações significativas foram observadas para a relação entre altura de planta x diâmetro inflorescência e altura de planta x tamanho da inflorescência. Os valores de correlação entre essas características foram respectivamente 0,47 e 0,46. Para altura de planta x massa fresca e massa fresca x diâmetro da inflorescência o valor da correlação foi superior a 0,70. As hastes florais de gladiolos avaliadas apresentaram grande variação nos caracteres morfológicos estudados, sendo que as características com maior correlação foram altura de planta, massa fresca e diâmetro da inflorescência.

Palavras-chave: Flores de corte; Gladiolo; correlação.

Agradecimento: FAPEMAT, CNPq, CAPES.

1. Pós-Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.
*helenaagromc@gmail.com.

2. Bacharelado em Ciências Biológicas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.

3. Mestre em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Goiás. Ipameri-GO, Brasil.

4. Professor do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra - MT, Brasil.

CORRELAÇÃO ENTRE COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE GRÃOS DE MILHO AVALIADO NO ALTO SERTÃO SERGIPANO

Jessica dos Santos Oliveira;^{1*} Eduarda Santos Silveira;¹ Paula Cristina Ferreira Bispo;¹ Laila Gabrieli dos Santos Vitor;¹ Darliton Alex Silva Feitosa;¹ Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²

O milho (*Zea mays* L.) é uma das principais culturas mais produzidas mundialmente, sendo importante para alimentação humana e animal. Mas, em regiões com deficiência hídrica, como é o caso do sertão sergipano, o cultivo é limitado e isso afeta o desempenho produtivo, assim as estimativas de correlação entre componentes de produção podem auxiliar na seleção de características e ganhos genéticos em populações em melhoramento. Com isso, o objetivo desse trabalho foi estimar a correlação entre os componentes de produção de grãos de milhos experimentais e comerciais no alto sertão sergipano. O experimento foi realizado no ano agrícola de 2019 na fazenda experimental da EMBRAPA – semiárido, no município de Gracho Cardoso - SE, com plantio de 28 genótipos comerciais e experimentais em delineamento em blocos casualizados, com duas repetições, totalizando 56 parcelas. As variáveis analisadas foram número de espigas (NE) considerando a média de cinco plantas da parcela, comprimento da espiga (CE), número de fileiras de grão/espiga (NFG) e número de grão por fileira (NGF) considerando a média de cinco espigas aleatória da parcela. Os dados foram submetidos ao *software* SAS para realização da análise de correlação usando a matriz fenotípica nxn das variáveis. Para classificar a magnitude da correlação foi considerado a relação de Mukaka que considera muito baixa (0 a 0,3), baixa (0,3 a 0,5), moderada (0,5 a 0,7), alta (0,7 a 0,9) e muito alta (0,9 a 1). Observou-se que as correlações entre NE e CE (0,07), NGF e NFG (0,32), NFG e CE (0,32), NGF e NE (0,45), NFG e NE (0,48) e CE e NGF (0,62) foram positivas, ou seja, em todas essas variáveis foram obtidas uma relação linear positiva em relação aos componentes de produção de grãos. Pode-se destacar que

a correlação entre NE e CE (0,07) foi considerada muito baixa, e as correlações que são entre NGF e NFG (0,32), NFG e CE (0,32), NGF e NE (0,45) e NFG e NE (0,48) são consideradas como sendo baixa, enquanto entre CE e NGF (0,62) pode ser classificada como moderada, sendo essa uma correlação importante por serem variáveis diretamente proporcionais, isso indica possibilidade de seleção de variáveis importantes para avaliação e predição indireta de componentes de produção da espiga. Nota-se que não se pode prever, nas condições do experimento, os componentes do grão com o número total de espiga. No entanto, esta correlação foi positiva, sinalizando um possível aumento dos componentes da espiga com o aumento do número total de espigas por planta. A prolificidade da planta já é considerada um componente de produção importante no melhoramento de variedade e se tratando da região semiárida onde se caracteriza por apresentar uma significativa quantidade de pequenos agricultores, essa variável pode ser explorada em programas de melhoramento como variável principal na seleção indireta de componentes de produção da espiga. Portanto, a correlação existente indica que todas as variáveis tiveram efeitos favoráveis em relação a produtividade de grãos de milho no alto sertão sergipano, e o NE pode ser usado como variável principal na seleção indireta de componentes de produção.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; Sustentabilidade; Semiárido; Alto Sertão.

Agradecimento: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido – GEMS/UFS. Universidade Federal de Sergipe. Embrapa Semiárido.

1. Acadêmico(a) do Núcleo de Graduação de Agronomia, Universidade Federal de Sergipe – Campus Sertão, Nossa Senhora da Glória – Sergipe. *jessicaoliveira61525@gmail.com.

2. Professor do Núcleo de Graduação de Agronomia, Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória – Sergipe.

CORRELAÇÃO GENOTÍPICA E FENOTÍPICA ENTRE CARACTERES DE FRUTOS DE PEQUIZEIRO (*CARYOCAR BRASILIENSE*) COM E SEM ESPINHOS NO ENDOCARPO

Bruno Henrique Gomes;^{1*} Mariana Gonçalves Mendes;² Marcos Vieira de Faria;³ Ana Maria Bonetti;⁴
Ana Paula Oliveira Nogueira⁴

O pequi (*Caryocar brasiliense* Cambess.) é uma espécie frutífera nativa do Cerrado que possui importância econômica, nutricional e social para as populações que dela dependem como fonte de renda. A característica marcante do pequi é a presença de espinhos no endocarpo, no entanto, na região de São José do Xingu (MT) foi encontrada uma árvore que produz frutos sem espinhos. Em programas de melhoramento genético, ao longo do processo de seleção, tem-se como objetivo melhorar um caráter principal, manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente. Dessa forma, o conhecimento das relações existentes entre caracteres, tais como estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao pesquisador e auxiliam no processo seletivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres de fruto de pequi sem e com espinhos no endocarpo, para determinar características que facilitem processos de seleção para melhoramento. Foram coletados 10 frutos por árvore (8 produtoras de frutos com espinhos e 9 produtoras de frutos sem espinhos). Foram avaliados dez caracteres do fruto e do caroço: Massa de Fruto, Altura de Fruto, Comprimento de Fruto, Largura de Fruto, Altura de Pirênio, Comprimento de Pirênio, Diâmetro de Pirênio, Massa de Pirênio, Massa da Cas-

ca e Espessura da Casca. Foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres avaliados utilizando o programa GENES. Foi observado a ocorrência de 15 correlações significativas, pelo Teste t ($p \leq 0,05$), para caracteres de frutos de pequi com espinhos e 31 correlações significativas ($p \leq 0,05$) para caracteres de frutos de pequi sem espinhos. No processo de seleção, com o objetivo de selecionar frutos com maior produção de polpa, sugere-se uma seleção pela massa dos pirênios, devido à alta correlação entre a massa de pirênio e a massa de fruto. Em relação aos frutos sem espinhos, em todos os caracteres analisados, é indicada a seleção pela massa do pirênio, pois ela se correlaciona com o rendimento do pirênios e com a massa do fruto. No pequi com espinhos, ao analisar as correlações entre os caracteres, verificou-se também que a seleção pela massa do pirênio é a mais indicada. Cabe ressaltar que fazer a seleção pela massa do fruto não seria a melhor estratégia, pois a massa do fruto não tem associação linear com o rendimento.

Palavras-chave: melhoramento; frutos do cerrado; seleção.

Agradecimento: FAPEMIG, CAPES, CNPq, FAU, UFU

1. Doutorando em Genética em Genética e Bioquímica. Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia-MG, Brasil.
*b.hgomes@hotmail.com.

2. Doutora em Genética em Genética e Bioquímica. Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia-MG, Brasil.

3. Doutor em Agronomia. Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia-MG, Brasil.

4. Professora/Pesquisadora do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia-MG, Brasil.

CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERES FISIOLÓGICOS E AGRONÔMICOS DE TRIGO TROPICAL UTILIZANDO REML/BLUP

Victor Silva Signorini;^{1*} Henrique Caletti Mezzomo;¹ Cleiton Renato Casagrande;¹ Caique Machado e Silva;¹ Jucilene Araujo;¹ Maicon Nardino¹

A produtividade de grãos em trigo é resultante de uma série de interações de fatores genéticos, fisiológicos e ambientais, sendo necessário o seu estudo por meio de metodologias que permitem estimativas de parâmetros mais precisos, tais como a metodologia REML/BLUP. Portanto, o objetivo desse trabalho foi verificar a existência de correlações canônicas entre caracteres fisiológicos e agronômicos em 40 linhagens de trigo tropical utilizando o método REML/BLUP. Para tal, o experimento foi conduzido na área experimental Professor Diogo Alves de Mello da Universidade Federal de Viçosa em Viçosa-MG, no qual foram avaliadas 38 linhagens de trigo tropical desenvolvidas pelo Programa Trigo UFV, em fase preliminar de desenvolvimento e em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) e duas cultivares comerciais recomendadas para a região do Cerrado, “BRS 264” e CD 151. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com três repetições. As variáveis fisiológicas (grupo I) avaliadas foram temperatura foliar (LT, °C), concentração de CO₂ intracelular (Ci, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), taxa de transpiração (E, $\text{mmol of H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$), condutância estomatal à H₂O (gs, $\text{mol of H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$), e fotossíntese líquida (A, $\mu\text{mol of CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{s}^{-1}$), medidos no momento da antese através do aparelho IRGA (*infrared gas analyzer*). As variáveis agronômicas (grupo II) coletadas foram: dias para o florescimento (DF), nota de doença (DN, notas de 1 a 5), altura da planta (PH, cm), peso do hectolitro (HW, kg 100 L⁻¹), tamanho de espiga (SS, cm), grãos por espiga (NGS) e produtividade de grãos (GY, kg ha⁻¹, 13% U.b.s.). O modelo estatístico genético utilizado foi o 21, calculado pelo programa SELEGEN. A partir dos BLUPs foi realizado o diagnóstico de multicolinearida-

de e calculado a correlação canônica entre os grupos. O teste da razão de verossimilhança indicou efeito significativo para todas as variáveis observadas a 5% de probabilidade. As médias das estimativas de herdabilidade entre os genótipos variaram de 0,55 (GY) até 0,88 (LT e DF). Os valores de acurácia seletiva foram considerados muito altos (>0,9) para LT, DF e HW e altos para o restante das variáveis. Um par canônico foi significativo entre os grupos I e II, resultando em uma correlação de 0,78. Por base deste primeiro par canônico é possível observar que o Ci está correlacionado positivamente ao DN ($r=0,86$) e ao HW ($r=0,28$) e inversamente correlacionado a PH ($r=-0,26$). Assim, genótipos com melhor sanidade mantém maior difusão de CO₂ nos tecidos intercelulares, resultando em maiores valores de peso de hectolitro. O uso de REML / BLUP na predição de valores genotípicos é promissor na estimativa de correlações canônicas em programas de melhoramento de trigo e existe dependência entre as características fisiológicas e agronômicas do trigo tropical.

Palavras-chave: produtividade de grãos; modelos mistos; fotossíntese líquida; análise multivariada; melhoramento de culturas.

Agradecimento: CNPq; CAPES; FAPEMIG.

1. Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. Viçosa - MG, Brasil. *victor.s.signorini@ufv.br.

CORRELAÇÕES DE MÚLTIPLOS CARACTERES PARA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE IRMÃOS COMPLETOS DE *PHYSALIS ANGULATA*

Rafael Cruz Cordeiro;¹ Adriana Rodrigues Passos;² Edgar dos Santos Batista;¹ José Williano de Souza Farias;³ Jonathan Said Tejada Orellana;³ Luiz Cláudio Costa Silva⁴

Physalis angulata L., conhecida popularmente como Camapu, dentre outros, é uma espécie de porte herbáceo, que apresenta potencial medicinal, alimentício e farmacológico. O Melhoramento Genético tem por objetivo a obtenção de populações que apresentem genes superiores a partir de uma coleção de ampla variabilidade genética. Então, fez-se necessário estudar as características apresentadas por híbridos intraespecíficos de *P. angulata*, visando entender suas relações, para auxiliar a seleção de genótipos dentro de uma população F₁ de cruzamento assistido, a partir de descritores morfoagronômicos. O experimento foi conduzido na Unidade Experimental Horto Florestal da UEFS e foi constituído por duas etapas principais: 1º) Polinização artificial de cinco acessos de *P. angulata* para a obtenção dos híbridos F₁s. 2º) Cultivo dos híbridos para avaliação morfoagronômica sob um delineamento em blocos casualizados, 10 tratamentos, três repetições e parcela experimental de quatro plantas. Após a coleta e tabulação dos dados foi realizada a análise de distribuição normal dos dados por Shapiro-Wilk, cálculo das médias genotípicas a partir da metodologia dos modelos mistos da Máxima Verossimilhança Restrita/ Melhor Predição Linear não Viesada (RMLE/BLUP), e posteriormente foi executada a correlação simples de Spearman para Altura da planta (AP) em cm, Diâmetro do Caule (DC) em cm, Produtividade total de Frutos (PF) em gramas, número de Frutos por Planta (FP), Peso Médio de frutos (PM) em gramas

e início da Floração (DF) em dias após a semeadura. A correlação entre PF e FP se destacou como muito forte (valores superior a 90%) para os valores fenotípicos e genotípicos, seguida das correlações moderadas (entre 40% e 69%) observadas entre DC e PF, DC e FP, DC e PM, PF e PM, as quais podem ser utilizadas para auxiliar a seleção indireta no melhoramento da espécie, visto que plantas com maior diâmetro do caule tendem a apresentar desempenho reprodutivo maior. Correlações fracas negativas (entre -10% e -39%) fenotípicas e genotípicas foram observadas para AP e PM, AP e DF, indicando que plantas com maior porte tenderão a iniciar mais cedo seu ciclo reprodutivo e menor peso médio de frutos. Além disso, foram observadas correlações insignificantes (entre -10% e 10%) entre DF e PF genotípicos e fenotípicos, e mudanças de correlação comparando com e sem o efeito do ambiente, tendo destaque a relação entre AP e DC que passaram de fraca negativa fenotípica para insignificante genotípica, o que pode fundamentar a estratégia de seleção de genótipos com porte mais alto e maior diâmetro do caule para que possam haver ganhos na produtividade e tamanho dos frutos, além de plantas mais precoces.

Palavras-chave: Camapu; correlação; híbridos.

Agradecimento: FAPESB, UEFS.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil. *rccordeiro12@gmail.com.
2. Orientadora. Professora da Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
3. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
4. Professor da Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE COMPONENTES FENOLÓGICOS DE GENÓTIPOS DE MILHO AVALIADOS NO SEMIÁRIDO SERGIPANO

Barbara Nascimento Santos;¹ Eduarda Santos Silveira;¹ Kelvin Paixão Farias Ferreira;¹ Darliton Alex Silva Feitosa;¹ Alex Florentino da Silva;¹ Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea pertencente à família *Poaceae*. É uma das culturas que mais se destaca em todo o mundo, pois apresenta uma safra de alto rendimento e é utilizado tanto para alimentação humana quanto para alimentação animal. Por isso vem constantemente passando por vários processos de melhoramento principalmente com o auxílio dos conhecimentos das correlações entre as variáveis. Com isso, objetivou-se avaliar genótipos de milho comercial e experimental a fim de identificar o nível de correlação entre os componentes fenológicos sob condições características da região do alto sertão sergipano. O experimento foi realizado na safra de 2019 na fazenda da Embrapa – Semiárido, no município de Gracho Cardoso/SE, utilizando 28 tratamentos em delineamento por blocos casualizados com 2 repetições. Os tratamentos foram compostos por variedades experimentais e cultivares comerciais amplamente utilizadas na região. Dentre os genótipos experimentais foram avaliadas diferentes classes genéticas como híbrido simples, duplos e triplos. As variáveis avaliadas foram: altura da planta (AP), diâmetro do colmo (DC), altura da espiga (AE) e comprimento do pendão CP). Os dados adquiridos foram submetidos ao *software* SAS para análise de correlação fenotípica entre as variáveis utilizadas. Para classificar as correlações foram utilizadas o modelo de classificação de Mukaka que considera como muito baixa (0 a 0,3), baixa (0,3 a 0,5), moderada (0,5 a 0,7), alta (0,7 a 0,9) e muito alta (0,9 a 1). Observou-se que todas as correlações foram positivas. As variáveis que apresentaram correlações baixas

foram AP e CP (0,41), DC e AE (0,42), CP e DC (0,35) e AE e CP (0,42); foram obtidos uma correlação moderada entre AP e DC (0,58) e uma correlação alta com as variáveis AP e AE (0,78). Vale salientar que apesar da correlação entre AP e AE ter sido alta, deve-se destacar a correlação entre AP e DC que foi considerada moderada, mas são variáveis que contribuem para uma tolerância maior ao acamamento. Tendo em vista o potencial da região com a produção animal, há alta demanda com relação ao uso do milho para forragem, onde plantas mais altas apresentam melhores desempenhos. A tolerância ao acamamento é sempre requerida em programas de melhoramento com esse objetivo, principalmente para a região do semiárido que carece de estudos genéticos voltados para essa espécie. Assim a seleção de genótipos com maiores diâmetros pode possibilitar a seleção indireta de plantas mais altas podendo aumentar a produção e oferta de forragem. Portanto a correlação fenotípica indica que todas as variáveis apresentaram correlações positivas e diretamente proporcionais, observando-se a importância dos programas de melhoramento genético para a prática da seleção indireta e ganhos genéticos com a seleção.

Palavras-chave: Melhoramento de Plantas; Semiárido; *Zea Mays* L.; Sustentabilidade.

Apoio: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS), EMBRAPA Semiárido, EMBRAPA Milho e sorgo, Universidade Federal de Sergipe.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe, Campus do Sertão. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.
*barbaranascimento2804@gmail.com.

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

CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS ENTRE VARIÁVEIS FISIOLÓGICAS E AGRONÔMICAS DE LINHAGENS DE TRIGO

Chainheny Gomes de Carvalho;^{1} Henrique Caletti Mezzomo;² Cleiton Renato Casagrande;³ Caique Machado e Silva;⁴ Higor Ribeiro;⁵ Maicon Nardino⁶*

Em um processo de seleção de novos genótipos, o estudo de correlações genotípicas permite ao melhorista avaliar se a alteração de uma determinada variável pode influenciar as demais variáveis. O objetivo desse trabalho foi analisar as correlações genotípicas entre variáveis fisiológicas e agronômicas de 40 linhagens de trigo tropical, utilizando o método REML/BLUP. Para tal, um experimento foi conduzido na área experimental Professor Diogo Alves de Mello em Viçosa-MG. Foram avaliadas 38 linhagens de trigo tropical em fase preliminar e em fase de Valor de Cultivo e Uso (VCU) e duas cultivares comerciais: BRS 264 (Embrapa) e CD 151 (Coodetec). O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com três repetições. As variáveis fisiológicas: temperatura foliar (TF), concentração intercelular de CO₂ (Ci), taxa de transpiração (E), condutância estomática de H₂O (Gs) e taxa fotossintética líquida (A) foram mensuradas por um analisador de gás infravermelho. As variáveis: dias de floração (DF), nota da doença (ND), altura da planta (AP), peso do hectolitro (PH), tamanho da espiga (TE), número de grãos na espiga (NGE) e produtividade de grãos (PG) foram medidas diretamente no campo. Os valores genotípicos foram obtidos de acordo com o método de REML/BLUP e os coeficientes de correlação genotípica entre as variáveis foram estimados. Houve correlação positiva significativa pelo teste *t* de Student, entre as características fisiológicas e agronômicas TF e NGE (0,39), Ci e ND (0,72), Ci e

PH (0,56). De modo contrário, foi observado correlações negativas entre as variáveis TF e ND (-0,71), TF e PH (-0,56), Ci e NGE (-0,34), E e ND (-0,37) e E e PH (-0,42). Outras correlações positivas foram observadas entre TF e E (0,75), TF e A (0,74), Ci e Gs (0,43), E e A (0,79), DF e ND (0,33), ND e AP (0,39), ND e PH (0,55), TE e NGE (0,33). De forma geral, a matriz de correlação entre as variáveis analisadas demonstra que o processo de fotossíntese influencia diretamente no desempenho da planta. Embora o aumento da temperatura interfira no desempenho das plantas, não foi observado redução da taxa fotossintética líquida. Não foi observado correlações significativas envolvendo a PG. Todavia, tanto os fatores genéticos quanto ambientais afetaram a variabilidade do peso do hectolitro (correlação positiva entre ND (0,55) e negativa entre TF (-0,56)), sendo esse, determinante para a aceitação e comercialização do trigo. A resposta indireta de caracteres mostrou ser uma alternativa eficaz para a seleção de genótipos superiores de trigo tropical. Além disso, o método REML/BLUP para estimativas de correlações genotípicas pode ser utilizado como importante ferramenta dentro de programas de melhoramento de trigo.

Palavras-chave: melhoramento de trigo; análise multivariada; REML/BLUP.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fapemig.

1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *chainheny.carvalho@ufv.br.

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

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

4. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

5. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

6. Professor da Universidade Federal de Viçosa. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

CRESCIMENTO VEGETATIVO DE CLONES DE *COFFEA CANEPHORA* EM ESTÁDIO JUVENIL, NO AMAZONAS

Raniel Costa da Silva;^{1*} Joebe Mello Batista;¹ Erickson Oliveira da Silva;¹ Cauê Trivellato;² Andrey Luís Bruyns de Souza;³ Fabio Medeiros Ferreira⁴

A literatura revela que a taxa de crescimento vegetativo em *Coffea canephora*, representada pelos ramos ortotrópicos e plagiotrópicos pode diferir conforme o genótipo e sofrer variação sazonal ao longo do ano, influenciada, principalmente, por mudanças na temperatura do ar (baixas e altas) associadas a estresse (déficit) hídrico. Isto pode impactar diretamente no rendimento de grãos por planta. Inexistem estudos publicados relacionados ao crescimento vegetativo de *C. canephora*, conhecido como café conilon-robusta, para o Amazonas, provavelmente, em razão desta cultura estar em maior evidência a apenas cinco anos no Estado. Este é um passo inicial para se adotar estratégias para o manejo das lavouras. O trabalho objetivou quantificar as taxas de crescimento vegetativo e o crescimento absoluto em ramos ortotrópico e plagiotrópico de *C. canephora*, no município de Itacoatiara-AM e, comparar este crescimento entre os clones. O ensaio foi constituído por 15 clones, oriundos do programa de melhoramento da Embrapa-RO. Para as mensurações dos ramos foram marcadas, aleatoriamente, 12 plantas por clone, considerando um delineamento inteiramente casualizado, não irrigado. As medidas iniciaram aos 10 meses de plantio e foram obtidas em intervalos de 14 dias durante o período de fevereiro a junho de 2020. As taxas diárias de crescimento vegetativo dos ramos dos diferentes clones foram calculadas, bem como o crescimento absoluto. Os dados foram submetidos a análise de variância e ao teste de Scott-Knott ($P < 0,05$), além da construção de curvas de crescimento por clone. Quanto ao crescimento absoluto dos ramos plagiotrópicos

e ortotrópicos houve diferenças significativas entre os clones. Os clones 12 e 15 se destacaram no crescimento absoluto dos ramos plagiotrópicos, com média superior a 57,9 cm para o período. Estes mesmos clones, juntamente com o clone BRS 3137, foram os que obtiveram os melhores resultados em relação aos ramos ortotrópicos, com crescimento médio superior a 47,3 cm. Os clones que menos se desenvolveram neste período foram BRS2357 para ramos plagiotrópicos e BRS 3220 para ortotrópicos. No geral, em relação as taxas de crescimento (em, mm.dia⁻¹) houve tendência de queda do crescimento diário dos ramos plagiotrópicos dos clones BRS 3137 (o maior), 3213, 2314, 2299, e 2357. O clone 12 embora tenha tido melhor comportamento absoluto, apresentou queda no crescimento dos plagiotrópicos. Esta queda pode estar associada a resposta ao aumento da temperatura e ao estresse hídrico no período que se aproxima da época de seca. No geral, a taxa de crescimento dos ramos ortotrópicos dos clones mostrou-se mais estabilizada, para o período considerado, em relação aos plagiotrópicos. Este trabalho terá continuidade durante mais oito meses, e as relações com fatores climáticos, como temperatura do ar e precipitação devem ser investigadas a fim de melhor compreender a sazonalidade do crescimento vegetativo na região.

Palavras-chave: ramos ortotrópicos; ramos plagiotrópicos; café conilon-robusta

Agradecimento: FAPEAM e EMBRAPA-RO.

1. Graduando em Agronomia. Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil. *ranielcostadasilva@gmail.com.
2. Técnico agropecuário do Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.
3. Professor do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas. Itacoatiara-AM, Brasil.
4. Professor do Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.

DEPÓSITOS DE DADOS GENÔMICOS PARA *HANCORNIA SPECIOSA* GOMES

Valdinete Vieira Nunes;^{1*} Crislaine Costa Calazans;¹ Juliana Lopes Souza;² Sara Lorena de Pádua Souza;³ Izabel de Jesus Candido;⁴ Renata Silva-Mann⁵

As bases de dados moleculares são ferramentas para o compartilhamento e visualização dos dados produzidos para toda a comunidade científica de forma acessível e rápida. Nas últimas décadas, vários bancos de dados têm sido desenvolvidos visando armazenar e organizar sequências genômicas para espécies modelo e não modelo. Entretanto, para a espécie *Hancornia speciosa* Gomes (mangabeira) não existem relatos na literatura científica do número de depósitos de sequências genômicas em bancos de dados públicos. Esta espécie é parte da biodiversidade brasileira com ampla comercialização de frutos e coprodutos, possui potencial farmacológico e importância socioeconômica para comunidades extrativistas. O objetivo desse estudo foi identificar os bancos públicos de dados moleculares que possuem informações sobre *H. speciosa*, tipo de sequência depositada e funções às quais estão relacionadas. Foram prospectadas sequências de nucleotídeos, proteínas e genes nos maiores bancos públicos de dados moleculares, utilizando o termo "*Hancornia speciosa*". A partir da prospecção, foram identificados depósitos de sequências para esta espécie nos bancos: *Genetic Sequence Database* (GenBank), *European Molecular Biology Laboratory* (EMBL-Bank), *DNA Data Bank of Japan* (DDBJ), *Universal Protein Resource* (UniProt) e *Barcode of Life Data System* (BOLD SYSTEMS). A busca por tipo de sequência depositada resultou em 179 sequências de nucleotídeos, 463 de proteínas e 08 de genes, disponíveis nos bancos públicos de dados moleculares. A maior parte destas sequências são oriundas do genoma cloroplastidial (cpDNA) e em menor número do genoma nuclear (DNA). As

sequências obtidas do cpDNA de *H. speciosa* estão relacionadas com a fotossíntese, metabolismo, transcrição, proteínas ribossômicas, controle de qualidade de proteínas e montagem e inserção de membrana. Algumas das sequências de genes depositadas para a espécie são de genes universais, encontrados em praticamente todos os genomas cloroplastidiais. A relevância desta informação consiste na possibilidade do uso destas sequências como códigos de barra de DNA (*Barcoding*) para estudos de taxonomia e filogenética. As sequências de *H. speciosa* encontradas para o genoma nuclear foram referentes ao espaçador externo (ETS - *External Transcribed Spacer*); uma região codificadora do RNA ribossômico 5.8S; um espaçador não-codificante interno (ITS - *Internal Transcribed Spacer*); uma região codificadora do RNAr 18S; outro espaçador não-codificante interno (ITS-2); e uma região codificadora de RNAr 28S. As regiões 5.8, 18 e 28S são altamente conservadas em todos os organismos, no seu tamanho e em sua sequência nucleotídica e servem como marcadores para comparação entre taxa. As regiões ETS e ITS variam entre espécies e populações. Os dados genômicos disponíveis em bancos públicos para *H. speciosa* podem ser úteis para o desenvolvimento de estudos *in silico*, bem como para dar suporte a estudos *in vivo*, como o desenvolvimento de *primers* específicos para estudos de filogenia e expressão gênica.

Palavras-chave: banco públicos; biodiversidade; bioinformática; mangabeira.

Agradecimento: CAPES e CNPQ.

1. Doutoranda em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil. *val_nunes@academico.ufs.br.
2. Doutora em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.
3. Graduanda em Ciências Biológicas. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.
4. Graduanda em Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.
5. Professora do Departamento de Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.

DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO EM CONDIÇÕES SEMIÁRIDAS

Beatriz Barreto de Lima;^{1*} Paula Cristina Ferreira Bispo;¹ Eduarda Santos Silveira;¹
Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²

O sorgo forrageiro (*Sorghum bicolor* L. Moench) é uma das principais gramíneas indicadas para inserir na alimentação do rebanho, devido sua elevada produção de massa para ensilagem e maior adaptabilidade a situações de baixos índices pluviométricos, características que o torna uma importante alternativa de cultivo para região do semiárido. Diante disso, objetivou-se avaliar o desempenho de genótipos experimentais e comerciais de sorgo forrageiro nas condições edafoclimáticas do semiárido Sergipano. Para isso, foi realizado um experimento no período da safra 2019 do Estado de Sergipe, na fazenda experimental da Embrapa – Semiárido, a qual fica localizada no município de Graccho Cardoso, região do Alto Sertão Sergipano, utilizando-se de delineamento experimental de blocos casualizados constituído por 25 genótipos de sorgo forrageiro, sendo 3 cultivares comerciais (Ponta Negra, BRS658 e Volumax) com três repetições, totalizando 75 parcelas experimentais. Avaliou os genótipos quanto à altura de plantas (AP), estande (ST), diâmetro do colmo (DC), comprimento da panícula (CP), peso do colmo (PC), peso da panícula (PPAN), peso da planta (PP), peso da folha (PF), matéria verde (MV) e matéria seca (MS). Os dados obtidos foram submetidos a ANAVA e teste de média, por meio do *software* SISVAR. Observou-se, efeito significativo dos genótipos quanto as variáveis ST, MV, PP, PC, PF e DC ao nível ($p \leq 0,01$) de probabilidade, e AP, PPAN e CP ao nível de ($p \leq 0,05$) de significância, esses resultados demonstram que há variabilidade genética entre os genótipos analisados. Os genótipos que

mostraram superiores no teste de média e obteve as melhores médias na variável AP foi o genótipo experimental 2013f04019 com média de 2,66 cm; já na PP, foram o ponta negra e 2013f04019; DC o experimental 2013f04019 com 1,38 cm, quanto no ST destacaram-se o volumax e o 2013f02006; na MV o ponta negra; no PPAN o 2015f26022; na MS o ponta negra e o 2013f04005; no PC e PF destacou-se o 2013f04019 e ponta negra, por fim, no CP o 2015f26022. Com isso, para obtenção de uma elevada massa de silagem, o genótipo comercial ponta negra e o experimental 2013f04019 se destacaram por apresentarem alta matéria seca e peso de planta, que são características as quais contribuem para alta produção de forragem.

Palavras-chave: Forragem; *Sorghum bicolor* L. Moench; Semiárido.

Agradecimento: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS). Embrapa Semiárido. Embrapa Milho e Sorgo. UFS/ Campus do Sertão.

1. Graduando(a) em Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.
*biahbarreto97@hotmail.com.

2. Professor do Núcleo em Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.

DESEMPENHO DE PÉS FRANCOS DE SERINGUEIRA DA REGIÃO AMAZÔNICA EM SOLO DO CERRADO

Wanderlei Antônio Alves de Lima;^{1*} Leo Duc Haa Carson Schwartzhaupt;² Josefino de Freitas Fialho;³ Ailton Vitor Pereira;⁴ Nilton Tadeu Vilela Junqueira⁵

A seringueira é uma espécie arbórea nativa da Amazônia Brasileira de maior expressão nacional e internacional. Nos seringais nativos existe alta variabilidade genética entre as plantas que pode ser aproveitada na seleção de materiais nacionais promissores. O presente trabalho teve como objetivos estimar parâmetros genéticos para caracteres relacionados à produção de borracha e selecionar materiais genéticos de seringueira promissores para a região do cerrado por meio da aplicação do procedimento de modelos mistos. Foram avaliados os caracteres produção de borracha e circunferência de tronco de 294 pés francos adultos de seringueira do banco ativo de germoplasma da Embrapa Cerrados, procedentes de diferentes locais do Bioma Amazônico, em três anos de sangria. Os coeficientes de repetibilidade foram estimados pelo método do procedimento de modelos mistos da Máxima Verossimilhança Restrita (*Restricted Maximum Likelihood Estimation* - REML) e a predição dos valores fenotípicos e genotípicos pela Melhor Predição Linear Não Viciada (*Best Linear Unbiased Prediction* - BLUP), utilizando o *software* Selegen-REML/BLUP. Para seleção e ranqueamento dos genótipos, foram empregados os índices de seleção Aditivo e Mulamba-Rank. Os pesos econômicos aplicados para o índice Aditivo foram circunferência do caule 20% e produção de borracha 80%. Os caracteres avaliados caracteres produção de borracha e circunferência de tronco,

respectivamente, apresentaram altos valores estimados do coeficiente de repetibilidade 0,83 e 0,99, e de acurácia 0,97 e 1, mostrando ser possível prever o valor real dos indivíduos com base nas três avaliações anuais. Considerando a maior importância do caráter produção de borracha o índice aditivo foi mais efetivo em relação ao ganho obtido. Aplicando-se uma intensidade de seleção de 10%, pode-se obter um ganho genético de até 180% na produção e uma nova média de 1.713 g de borracha seca por planta/ano. Já para a circunferência do caule o ganho esperado será de 40,3% e a nova média 86,9 cm. Quatro pés francos codificados como 403, 499, 312 e 62 destacaram-se no ranqueamento entre os 30 melhores nos dois índices avaliados. A estimativa do coeficiente de repetibilidade para produção de borracha evidencia alto controle genético e estabilidade na repetição da produção em anos consecutivos. A avaliação da produção de borracha de genótipos pés francos adultos durante três anos permite a seleção eficiente de materiais nas condições de Cerrado.

Palavras-chave: *Hevea brasiliensis*; borracha natural; coeficiente de repetibilidade; REML/BLUP; seleção genética.

1. Doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF *wanderlei.lima@embrapa.br.
2. Doutor em Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS.
3. Mestre em Microbiologia Agrícola, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.
4. Doutor em Agronomia, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.
5. Doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Cerrados, Planaltina, DF.

DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE CULTIVARES MODERNAS DE SOJA

Ana Cláudia Rosa;^{1*} Maiara Cecilia Panho;¹ Laura Alexandra Madella;¹ Marcio Andrei Capelin;¹
Fabiana Barrinouevo;² Giovani Benin³

A variabilidade genética em Programas de Melhoria é o ponto chave no desenvolvimento de novas cultivares. A avaliação da dissimilaridade genética permite o melhor direcionamento dos cruzamentos, possibilitando ao melhorista concentrar esforços em combinações híbridas mais promissoras para o aumento da variabilidade. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética de cultivares modernas de soja, afim de identificar genitores promissores e divergentes. O experimento foi conduzido na cidade de Abelardo Luz - SC. As cultivares avaliadas foram: AS3730 IPRO, BMX ICONE IPRO, BMX LANÇA IPRO, BMX PONTA IPRO, BMX RAI0 IPRO, DM5958IPRO, M5705 IPRO, M5838 IPRO, M5917 IPRO, M6210 IPRO, M6410 IPRO, NA 5909 RG, NS5959 IPRO, NS6601 IPRO, NS6906 IPRO, P95R51IPRO, TMG 7062 IPRO. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. As unidades experimentais foram compostas por quatro fileiras de cinco metros. Os caracteres avaliados foram: rendimento de grãos, teores de óleo e proteína, e ácidos graxos: oleico, linoleico, palmítico, aspártico e glutâmico. A análise de dissimilaridade foi realizada com base na Distância generalizada de Mahalanobis pelo método de agrupamento UPGMA. As análises foram realizadas no *software* GENES. Baseado na distância de Mahalanobis foi aplicado um ponto de corte baseado no método de Mojena (1977) na distância de 316,5 o qual corresponde a 9,6% do maior nível de fusão. Com isso, ocorreu a formação de dez grupos: O primeiro composto pelas cultivares M5917 IPRO, NS5959 IPRO e M6410 IPRO. As culti-

vares NS6601 IPRO e P95R51 IPRO apresentaram alta similaridade entre si, formando um segundo grupo. O mesmo ocorreu com as cultivares BMX ICONE IPRO e NS6906 IPRO. O quarto grupo foi composto por BMX RAI0 IPRO, BMX LANÇA IPRO e NA 5909RG. As cultivares DM5958 IPRO e M5917 IPRO formaram o quinto grupo. Já as cultivares M6210 IPRO, M5705 IPRO, TMG 7062 IPRO, BMX PONTA IPRO e AS3730 IPRO formaram grupos isolados, onde cada cultivar pertence a um grupo distinto. Cultivares alocadas dentro de um mesmo grupo apresentam alta similaridade entre si. É possível observar que existe variabilidade genética entre os grupos de cultivares formados. O cruzamento entre cultivares de grupos distintos deve ser priorizado, tendo maiores probabilidades de obter progênies superiores. Visando a obtenção de progênies promissoras, devem ser priorizados os cruzamentos M5917 IPRO x BMX ICONE, M6210 x P95R51 IPRO, BMX RAI0 x TMG 7062 IPRO.

Palavras-chave: melhoramento genético; diversidade genética; método de agrupamento.

1. Mestrando em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil. *pbanaclaudia@hotmail.com.
2. Graduanda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.
3. Professor da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE *PHYSALIS IXOCARPA* BROT., BASEADA EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS

Jonathan Said Tejeda Orellana;^{1*} José Williano de Souza Farias;¹ Rafael Cruz Cordeiro;² Edgar dos Santos Batista;² Luiz Cláudio Costa Silva;³ Adriana Rodrigues Passos³

Os estudos de divergência genética são de grande importância nas populações de plantas, e permite reunir indivíduos similares nos mesmos grupos e indivíduos dissimilares em diferentes grupos, proporcionando critérios para realizar cruzamentos, visando à exploração da heterose. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética por meio de características morfoagronômicas, visando à realização de cruzamentos divergentes para o melhoramento da espécie. O experimento foi realizado no Horto Florestal, pertencente à Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), localizada no município de Feira de Santana, no Estado da Bahia. A população estudada foi composta por 15 progênies de meios irmãos, sendo sete com fruto de cor roxo: 98R, 188R, 189R, 128R, 11R, 123R, 97R; e oito com fruto de cor verde: 173V, 92V, 185V, 93V, 182V, 91V, 214V, 19V. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com 15 tratamentos e seis repetições. Foram avaliados 11 descritores: altura da planta, diâmetro do caule, produção de frutos, número de frutos por planta, comprimento da lâmina foliar, largura da lâmina foliar, longitude do entrenó, início de floração, número de ramos secundários, hábito de crescimento e cor do caule. Na determinação da divergência genética foram utilizados os agrupamentos de Tocher e UPGMA, utilizando as distâncias euclidianas médias como medida de dissimilaridade. Pelo método de Tocher houve a formação de cinco grupos, grupo I: 185V, 92V, 182V, 93V, 19V, 189R, 97R, 123R, 11R e 91V; grupo II: 214V e 188R; grupo III: 173V; grupo IV: 128R e grupo V: 98R. O grupo I

encerrou a maioria das progênies (66,7%), indicando maior similaridade dessas dentro do grupo. Pelo método UPGMA foram formados três grupos: grupo I - 93V, 19V, 123R e 128R; grupo II - 97R, 11R, 188R, 214V, 182V, 91V, 185V, 92V, 189R e 173V; grupo III - 98R, obtendo uma correlação cofenética de 0,79, demonstrando consistência na análise de agrupamento em relação à matriz de dissimilaridade. Houve uma concentração do 66,7% de progênies em um mesmo grupo (II). Tais métodos utilizados apresentaram semelhança parcial, o que implica que possíveis cruzamentos dentro do mesmo grupo diminuem a possibilidade de obtenção de genótipos superiores, sugerindo cruzamentos entre progênies de grupos diferentes, visando favorecer a seleção. Considerando ambos agrupamentos, é interessante ressaltar que os materiais promissores (98R, 128R, 189R, 92V e 173V), quanto às características relacionadas à produtividade (produção de frutos e número de frutos por planta), ficaram distribuídas em todos os grupos; o que significa que, apesar de terem maior produtividade em comparação aos outros genótipos, não apresentam muita semelhança quanto às outras características, tendo assim maiores avanços nos cruzamentos entre indivíduos mais divergentes.

Palavras-chave: tomate de cáscara; dissimilaridade genética; análise multivariada; melhoramento genético.

Agradecimento: CAPES.

1. Mestrandos em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
*jonathanjt7@yahoo.com.

2. Graduandos em Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

3. Professores do Departamento de Ciências Biológicas. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

DIVERSIDADE GENÉTICA A PARTIR DE DADOS COMPUTACIONAIS SIMULADOS PARA FINS DE CONSERVAÇÃO EM POPULAÇÕES NATURAIS SOB DERIVA GENÉTICA

Lucas Gabriel Souza Santos;^{1*} Aldair Silva Franca;¹ Luciana Lima dos Reis;¹ Daniela Acosta Brito;² Ricardo Franco Cunha Moreira³

A intensa ação antrópica nos remanescentes florestais, tem reduzido áreas antes extensas em fragmentos isolados, ocasionando efeitos indesejáveis como deriva genética a qual poderá ocorrer perda de alelos e em longo prazo aumento da endogamia. Estudos com populações simuladas possibilitam o desenvolvimento de métodos estatísticos capazes de auxiliar nas análises de diversidade e da estrutura populacional, com intuito de prever frequências alélicas e genotípicas. O objetivo desse estudo foi testar diferentes procedimentos biométricos, através da simulação de dados provenientes de programas computacionais, a fim de auxiliar nas inferências em relação à conservação dos recursos genéticos de populações naturais sob condições de deriva genética. O *software* GENES 2015.5 foi utilizado para gerar um conjunto de dados de populações multialélicas para marcadores codominantes do tipo microssatélites (SSR) e obter os arquivos necessários para estimar os parâmetros biométricos descritivos através do *software* POPGENE v.1.3.2, após dez gerações de acasalamento ao acaso. Os resultados permitiram identificar que as estimativas de heterozigosidade observada (0.641;0.332;0.281;0.341 e 0.347) foram maiores do que as estimativas de heterozigosidade esperada (0.354; 0.355; 0.280;0.329 e 0.339) para as populações 1,2, 3, 4 e 5 respectivamente, o que sugere um excesso de genótipos homozigotos. Além disso os índices de fixação de Wright permitem inferir sobre

o efeito de populações quando fragmentadas. Os valores médios encontrados para os índices foram: -0,0059 (FIT); 0,2915 (FIS) e 0,5956 (FST) indicando maior grau de endogamia dentro subpopulações devido a maior quantidade de indivíduos homozigotos e frequências alélicas semelhantes causada possivelmente pela deriva genética. Diante disto é possível concluir que as metodologias testadas no estudo demonstraram ser eficientes em detectar diferenciação entre populações simuladas ao passar por processos que afetam as frequências gênicas.

Palavras-chave: avaliação genica; fragmentos florestais; variabilidade genética.

-
1. Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais. Cruz das Almas-BA, Brasil. lgsflorestal@gmail.com.
 2. Doutoranda em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil
 3. Professor Associado; Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; Cruz das Almas-BA, Brasil.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE PALMA FORRAGEIRA (*OPUNTIA FÍCUS-INDICA* MILL.) UTILIZANDO DESCRITORES AGRONÔMICOS E BROMATOLÓGICOS

Mariana Santos de Jesus;^{1*} Adriana Passos Rodrigues²

Em programas de melhoramento genético, é imprescindível a determinação da diversidade genética para a realização de um processo seletivo que resulte em ganhos genéticos significativos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética em acessos de *Opuntia ficus-indica* coletados no estado da Bahia e depositados no banco de germoplasma da Universidade Estadual de Feira de Santana, avaliar a importância relativa de caracteres na determinação dessa diversidade e verificar o potencial genético dos acessos para serem utilizados no programa de melhoramento da palma forrageira. Sessenta e cinco acessos foram coletados em treze populações localizadas em diferentes regiões do estado da Bahia. Os experimentos foram conduzidos em delineamento com blocos ao acaso com três repetições. Um ano após o plantio, foram mensuradas as características de dezessete descritores sendo onze agronômicos e seis bromatológicos. As simulações e as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa GENES. No estudo de diversidade genética, foram realizadas análises de variância agrupada, agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott e agrupamento dos acessos pelo método de UPGMA. A importância relativa de caracteres foi avaliada pelo método de Singh. O método UPGMA separou os acessos em quatro grupos. A maior distância foi observada entre os acessos 05 e 26 e a menor distância entre os acessos 10 e 13. Verificou-se a existência de diversidade genética entre e dentro das populações, com ampla variação entre os caracteres. Proteína bruta foi o descritor que contribuiu para a maior diversidade genética, respon-

dendo por 60,14% da variação. Foi possível identificar materiais promissores quanto aos caracteres agronômicos e bromatológicos que podem ser selecionados e utilizados na formação de populações segregantes, dando seguimento ao programa de melhoramento genético da palma forrageira.

Palavras-chave: melhoramento genético; cactácea, recursos genéticos; banco de germoplasma.

Agradecimento: CAPES

1. Doutorado em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, BA. Professora da Universidade Salvador, BA, Brasil. *maryanamell@gmail.com.

2. Professora do programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, BA, Brasil.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM HÍBRIDOS DE *PHYSALIS ANGULATA* L. PARA CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS

José Williano de Souza Farias;^{1*} Jonathan Tejada Orellana;¹ Rafael Cruz Cordeiro;²
Edgar dos Santos Batista;² Adriana Passos Rodrigues;³ Luiz Cláudio Costa Silva³

A espécie *Physalis angulata* L., pertencente à família Solanaceae, é conhecida por contribuir em trabalhos artesanais e culinários, se destacando por possuir alto valor nutricional e farmacêutico. Diante da importância da espécie, este estudo teve por objetivo avaliar a diversidade genética para características da planta e do fruto a partir de cinco acessos de *P. angulata*, visando ao melhoramento genético da espécie. O experimento foi conduzido na área experimental do Horto florestal da Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana-BA. O experimento foi instalado em delineamento em blocos casualizados (DBC), compondo um total de três blocos, cada qual com 23 parcelas. Os genótipos avaliados foram 10 híbridos, oito recíprocos e cinco genitores. Os genótipos foram avaliados para 20 características morfoagronômicas, onde nove delas foram descartadas por não apresentarem nenhuma ou quase nenhuma variação entre as unidades experimentais, sendo elas forma margem foliar, forma da lâmina foliar, cor da mancha da corola, hábito de crescimento, base foliar, cor do cálice, cor do caule, forma do ápice foliar e forma do cálice. As variáveis que apresentaram variações entre as características avaliadas foram dias para florescimento, altura da planta, diâmetro do caule, frutos por planta, peso do fruto, eixo longitudinal do fruto, eixo transversal do fruto, sólidos solúveis totais, peso das sementes por fruto, quantidade das sementes por fruto e cor do fruto, avaliadas para 23 genótipos de *P. angulata*. Diante do exposto, foram formados agrupamentos entre os genótipos utilizando os modelos

UPGMA e Tocher com base nas matrizes de dissimilaridades média genética Euclidiana e Mahalanobis, no software SELEGEN. Os agrupamentos foram realizados com os valores genéticos utilizando as médias genéticas euclidianas para a formação dos agrupamentos pelos métodos Tocher e UPGMA, onde resultaram na formação de três grupos de genótipos para ambos os modelos analisados. Já os agrupamentos formados com os valores de dissimilaridade genética de Mahalanobis, resultaram na formação de quantidades de grupos diferentes, onde o modelo Tocher gerou a formação de 2 grupos e o modelo UPGMA originou a formação de três grupos de genótipos. Deste modo, o método de Tocher aliado ao método UPGMA, confere uma maior eficiência em discriminar os acessos quanto as suas distâncias genéticas.

Palavras-chave: Camapu; Melhoramento Genético; Selegen.

Agradecimento: FAPESB.

1. Mestrando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
*willianosouzza@gmail.com.

2. Graduando em Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

3. Professores do Departamento de Ciências Biológicas. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÃO DE *STIGMAPHYLLON PARALIAS*

Witalo da Silva Sales;^{1*} Mailson Monteiro do Rêgo;² Angela Maria dos Santos Pessoa;³ Joabe Freitas Crispim;¹ José Ayrton Moraes de Lima;¹ Elizanilda Ramalho do Rêgo²

Plantas nativas do Brasil com potencial ornamental são uma alternativa atrativa ao mercado de plantas ornamentais, e nesse contexto, é papel dos programas de melhoramento em prospectar, avaliar, selecionar e desenvolver cultivares para a produção comercial. O objetivo desse trabalho foi caracterizar e estimar a diversidade genética entre indivíduos de uma população natural de *Stigmaphyllon paralias*. O experimento foi realizado no município de Crato – CE, foram avaliados 30 indivíduos da população natural. Os indivíduos foram selecionados ao acaso, e distanciados por no mínimo 20 metros entre si. As plantas avaliadas foram georreferenciadas e avaliadas para treze características: Altura da planta (AP, em cm), diâmetro do caule (DC, em cm), altura da primeira bifurcação (APB, em cm), comprimento (CF, em cm) e largura da folha (LF, em cm), número de folhas (NF), diâmetro da flor (DF, em cm), comprimento da pétala (CP, em cm), do estame (CEs, em cm), do pistilo (CPi, em cm), do filete (CFi, em cm), número de estames (NE) e a massa fresca da parte aérea (MFPA, em g). Foi realizado o agrupamento de otimização (Tocher) a partir do *software* Genes[®]. O limite da distância do intergrupo variou entre 0,1024 e 0,3574, e a maior distância foi encontrada no indivíduo 12. O agrupamento possibilitou a formação de cinco grupos com base nas distâncias genéticas estimadas, mostrando variabilidade entre os indivíduos avaliados. O primeiro grupo englobou a maior parte dos indivíduos (26), enquanto, os demais grupos foram compostos por um

indivíduo cada. Dessa forma, pode-se constatar a presença de diversidade genética em uma população de *S. paralias* isolada geograficamente, localizada em um raio de distância máximo de 800 metros. Os grupos 1, 2, 3 e 4 apresentaram simultaneamente uma maior distância em relação ao grupo 5, demonstrando que os indivíduos 2, 12, 13 e 30 foram mais contrastantes em relação aos demais avaliados nesse estudo, sendo indivíduos com potencial para iniciar um programa de melhoramento dessa espécie.

Palavras-chave: diversidade genética; população natural; plantas ornamentais.

Agradecimento: CAPES.

-
1. Pós-graduando em Agronomia. Universidade Federal da Paraíba. Areia-PB, Brasil. *witalocrato@hotmail.com.
 2. Professor (a) do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Federal da Paraíba. Areia-PB, Brasil.
 3. Bolsista de desenvolvimento científico regional, nível C. Universidade Federal do Ceará. Fortaleza-CE, Brasil.

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MACAÚBA (*ACROCOMIA ACULEATA*) BASEADA EM CARACTERES DE FLORAÇÃO

Pauliana Aparecida da Silva;^{1*} *Edilson Marques Junior;*¹ *Emilano Henriques;*² *Lucas Fagundes da Silva;*³
*Luana Aparecida de Oliveira*⁴

Em programas de melhoramento, estudos sobre diversidade genética são importantes, pois permitem o gerenciamento de estratégias mais promissoras para o melhoramento genético da espécie. A cultura da macaúba apresenta uma ampla dispersão geográfica e essa distribuição está relacionada à sua diversidade genética. O objetivo desse trabalho é estudar a diversidade genética de acessos de macaúba do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAG – Macaúba) da Universidade Federal de Viçosa (UFV), a partir de caracteres de floração. Para a realização do estudo, 187 acessos de macaúba mantidos no BAG – Macaúba, situado no município de Araponga – MG, foram avaliados quanto a 13 variáveis relacionadas com o período de floração. A diversidade genética entre os acessos foi estudada por meio da matriz de distância euclidiana média e o agrupamento dos genótipos foi realizado pelo método de Tocher. A importância das variáveis para o estudo da diversidade genética dos acessos foi analisada por meio da análise de componentes principais. A maior distância observada foi entre os acessos 61 e 169 (0,64) e a menor entre os acessos 78 e 134 (0,0002). A média das distâncias observadas entre os acessos foi de 0,24. O agrupamento genético, estabelecido pelo método Tocher, permitiu a formação de 22 grupos, demonstrando a presença de diversidades genéticas entre os acessos estudados. Os dois maiores

grupos alocaram, respectivamente, 53,48 e 13,90% dos acessos, enquanto oito acessos agruparam isoladamente. Os três primeiros componentes principais foram responsáveis por 71,74% da variação total dos dados. Dentre as 13 características estudadas, o período de floração, o período de desenvolvimento da primeira inflorescência e a última inflorescência, foram as três que mais contribuíram para a discriminação entre os acessos (36,61, 20,94 e 14,20%, respectivamente). Os acessos estudados do BAG-macaúba apresentaram variabilidade genética quanto às características de floração, o que significa possibilidade em obter sucesso em programas de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: genética de populações; variabilidade genética; macaúba; dissimilaridade; pré-melhoramento.

Apoio financeiro: CNPq; Fapemig e Capes.

-
1. Doutorandos em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *pauliana.pjsilva@gmail.com.
 2. Mestrando em Fitotecnica. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
 3. Doutorando em Fitopatologia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
 4. Mestranda em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

EFEITO DE BAP E TDZ NO CULTIVO *IN VITRO* DE SEGMENTOS NODAIS DE MIRTILO

Grazieli Minozzo;^{1*} Daiane Aparecida Carpenedo;² Danieli Ferneda Candido³

O mirtilo (*Vaccinium ashei* Reade) é uma espécie frutífera pouco conhecida no Brasil, mas tem se adaptado muito bem ao clima brasileiro, além disso, os frutos de coloração azul escura, com sabor doce-ácido dependendo do cultivar, apresentam grande valor comercial. No entanto, a produção de mudas de mirtilo com alta qualidade ainda é um desafio para setor, pois o método de estaquia, comumente utilizado, favorece a multiplicação de doenças, vírus e pragas, reduzindo a qualidade das mudas. Uma das alternativas encontradas para aumentar a qualidade e a sanidade das mudas, além de garantir o efeito do melhoramento genético da espécie sobre sua produtividade, são as técnicas de cultivo *in vitro*, mais especificadamente a micropropagação. A técnica de micropropagação utiliza pequenos segmentos da planta, propagando indivíduos geneticamente idênticos à planta-mãe, de maneira segura, rápida e eficaz. Sendo assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito das citocininas BAP (6-benzilaminopurina) e TDZ (Thidiazuron) sobre o estabelecimento *in vitro* de segmentos nodais de mirtilo. Foram avaliadas diferentes concentrações (0,0; 2,0; 4,0 e 6,0 mg. L⁻¹) das citocininas, e o meio nutritivo utilizado foi o WPM, com pH 4,8, suplementado com 30 g.L⁻¹ de sacarose, 6,0 g.L⁻¹ de ágar, 100 mg.L⁻¹ de mio-inositol, 100 mg.L⁻¹ de ácido ascórbico e 1,0 mg.L⁻¹ de ANA. Foi utilizado o delineamento experimental inteiramente casualizado com quatro repetições e cinco explantes por repetição, totalizando 140 amostras. Os segmentos nodais foram mantidos à temperatura de 25±2°C no escuro por 7 dias e, posteriormente, sob fotoperíodo de 16 h. Não houve influência dos trata-

mentos sobre a sobrevivência e o estabelecimento dos explantes. Em média, 97,1% dos segmentos nodais sobreviveram, enquanto que a média geral de estabelecimento foi de 5,0%. Observou-se que o tratamento com 6,0 mg. L⁻¹ de TDZ permitiu 15% de estabelecimento, porém, as diferentes concentrações de citocininas utilizadas não diferiram estatisticamente entre si. Acredita-se que a concentração de ANA utilizada no meio de cultura exerceu efeito inibitório à ação de BAP e TDZ na formação de brotações nos segmentos nodais de mirtilo.

Palavras-chave: Micropropagação; Citocininas; Sanidade de mudas; *Vaccinium ashei*.

1. Graduada em Agronomia. Universidade do Oeste de Santa Catarina- SC, Brasil. *graziminozzo@gmail.com.

2. Graduada em Agronomia. Universidade do Oeste de Santa Catarina- SC, Brasil.

3. Mestre, docente do curso de Agronomia. Universidade do Oeste de Santa Catarina- SC, Brasil.

EFEITO DO ESPAÇAMENTO NA ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E NA PRODUTIVIDADE DE CLONES HÍBRIDOS DE EUCALIPTO (*EUCALYPTUS* SP.)

Rodrigo de Sousa Oliveira;^{1,2} Jéssica Leite André;³ Evandro Novaes⁴

Os plantios com *Eucalyptus* spp. estão em expansão no Brasil, devido à crescente demanda por produtos à base de madeira nos mercados nacional e internacional, principalmente celulose, papel e bioenergia. Com o avanço das florestas de eucalipto para novas regiões, como Norte e Centro-Oeste do Brasil, é necessário desenvolver novos clones e uma série de ajustes silviculturais para garantir ótimos índices produtivos. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito de diferentes espaçamentos no desenvolvimento de clones híbridos de *Eucalyptus* sp. plantados em uma região do bioma Cerrado. Dois clones, GG100 (*E. urophylla* x *E. grandis*) e CCL55 (*E. saligna* x *E. tereticornis*) foram avaliados em um delineamento sistemático conduzido no município de Corumbá-de-Goiás, com 23 tratamentos com diferentes espaçamentos em 5 repetições. O espaçamento entre linhas foi fixado em 3,0 m, enquanto as distâncias entre linhas variaram de 0,4 a 7,0 m. Assim, o espaçamento por árvore variou de 1,20 m² (8.333 árvores.ha⁻¹) a 21 m² (476 árvores.ha⁻¹). Aos 6 anos de idade, o diâmetro na altura do peito (DAP) e a altura total de todas as árvores foram medidos para estimar a produtividade através do volume de madeira por árvore e do incremento médio anual (IMA). Os parâmetros genéticos foram estimados (REML) e os valores genotípicos foram preditos (BLUP) através de modelos mistos. Análises de regressão foram realizadas para testar o efeito do espaçamento nessas quatro características. Os resultados mostraram que o crescimento da DAP foi afetado positivamente pelo espaçamento, principalmente aos 4 e 6 anos após

o plantio ($R^2 > 0,58$). O DAP teve alto controle genético nos diferentes tratamentos adotados ($h^2 > 0,65$). Consequentemente, as estimativas do volume individual por árvore mostraram uma relação positiva com o aumento do espaçamento entre as árvores. A altura foi a característica menos influenciada pelo espaçamento e ($R^2 < 0,40$) e com o menor controle genético ($h^2 < 0,20$). O IMA também foi altamente influenciado pela densidade populacional, com valores mais altos no espaçamento mais densos. De maneira geral, o IMA teve alto controle genético ($h^2 > 0,55$). O clone GG100 teve desempenho superior em todas as características observadas nos diferentes espaçamentos avaliados, com potencial para estabelecimento e adaptação de plantios comerciais sob diferentes densidades populacionais. Por outro lado, o clone CCL55 se mostrou promissor para ser adotado, sobretudo em espaçamentos mais adensados, que é característico dos plantios adotados para a produção de biomassa para uso energético.

Palavras-chave: Delineamento sistemático, Melhoria florestal, Modelos mistos

Agradecimentos: à CLONAR Resistência a Doenças Florestais, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), JP Florestal e a Suzano pelo suporte financeiro e na condução do experimento. À e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa ao primeiro autor.

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

2. Professor do Centro de Ciências Agrárias. Universidade Estadual da Região Tocantina no Maranhão. Imperatriz-MA, Brasil.

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

4. Professor do Departamento de Biologia. Universidade Federal de Lavras. Lavras-MG, Brasil.

ESTIMATIVA DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SORGO FORRAGEIRO NO SEMIÁRIDO SERGIPANO

Eduarda Santos Silveira;^{1*} Alex Florentino da Silva;¹ Alisson de Menezes Santos;¹
Beatriz Barreto de Lima;¹ Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²

O sorgo forrageiro (*Sorghum bicolor* L.) possui um alto potencial de produção de matéria seca e é destaque por sua adaptabilidade em áreas com estresse por deficiência hídrica, por isso, é visto como uma boa estratégia para a produção de silagem em locais suscetíveis a seca. Diante disto, objetivou-se estimar a divergência genética em genótipos de sorgo forrageiro para formação de blocos de cruzamentos com potenciais para geração de variabilidade genética a ser explorada em programas de melhoramento no semiárido sergipano. O experimento foi implantado na fazenda experimental da Embrapa Semiárido, localizada no município de Graccho Cardoso, região do Alto Sertão Sergipano, no ano agrícola de 2019. Foram avaliados 16 genótipos de sorgo experimentais e comerciais (testemunha). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. As variáveis avaliadas foram: altura da planta (m), diâmetro do colmo (cm), peso do colmo (g), estande final, matéria verde (g), matéria seca (g), peso da panícula (g), peso da parcela (g), peso da folha (g) e comprimento da panícula (cm). Os dados adquiridos foram utilizados na análise de variância, utilizando o *software* SAS, e na geração do dendrograma, pelo método de agrupamento UPGMA, seguido do coeficiente de correlação cofenética (CCC), gerados pelo *software* R. Os genótipos apresentaram diferenças significativas a 1% de confiança pelo teste F para as variáveis matéria verde e comprimento da panícula, e a 5% para matéria seca e peso da parcela. Nas demais variáveis não foi obtido diferenças significativas nas avaliações. No dendrograma foi observado a formação de 3 grupos de

proximidade genética, denominados de grupos contrastante. No primeiro grupo apenas um genótipo de sorgo foi inserido, representado pelo SS318, no segundo agrupou-se 3 genótipos, são eles P-294, P-288 e Ponta Negra, o terceiro grupo, agrupou a maior parte dos genótipos, 12 no total. O coeficiente de correlação cofenética para o agrupamento UPGMA foi de 0,97, considerado muito alto, ficando à frente do coeficiente do método WARD, que foi de 0,92 para o experimento. Por conta desta alta correlação, o UPGMA foi o método que ficou mais próximo dos reais resultados na geração do dendrograma. Contudo, considerando o dendrograma de dissimilaridade, foi determinado que os genótipos comerciais SS318 e Ponta Negra e experimentais P-288, P-294 constituem o I BLOCOCRUZ, podendo ser genótipos com grandes potenciais para introdução em um programa de melhoramento juntos aos experimentais 947216 e P-1011PN e comerciais BRS 659 e BRS 658, que representam o II BLOCOCRUZ. O resultado destes cruzamentos deverá expressar variabilidade genética, podendo ser explorada em um programa de melhoramento na região do semiárido sergipano.

Palavras-chave: Forragicultura; Melhoramento vegetal; *Sorghum bicolor* L.; Variabilidade genética.

Agradecimento: Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido (GEMS). Embrapa Semiárido. Embrapa Milho e Sorgo. Campus do Sertão - Universidade Federal de Sergipe (UFS).

1. Graduando (a) em Engenharia Agrônômica. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.
*silveira12eduarda@gmail.com.

2. Professor do Núcleo em Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil.

ESTIMATIVA DA DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE *GLYCINE MAX* MEDIANTE AVALIAÇÃO DE DOENÇAS FOLIARES

Rânia Nunes Oliveira Moraes;^{1*} Fernando Higino de Lima e Silva;² Gustavo André Simon³

A cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) tem grande importância econômica, porém perdas ocasionadas por doenças foliares reduzem a sua produção. A identificação de genótipos resistentes a doenças mostra-se como uma excelente alternativa de manejo, sendo uma estratégia econômica e sustentável. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de genótipos de soja mediante avaliação de doenças foliares em condições de campo, com e sem manejo de fungicidas e por meio dos métodos de agrupamento Tocher e o método da ligação média entre grupos (UPGMA). Os 31 materiais genéticos de soja testados foram provenientes do programa de melhoramento genético da Caraíba Genética. Avaliou-se a severidade das doenças: cretamento bacteriano, míldio, ferrugem asiática, mancha alvo e doenças de final de ciclo; e avaliações de rendimento como, produtividade ($\text{Kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) e peso de mil grãos (g). Foi utilizada a distância Mahalanobis como medida de dissimilaridade. As análises foram realizadas por meio do *software* Rbio. O dendrograma pelo método UPGMA permitiu a formação de cinco grupos principais evidenciando que houve diversidade genética entre os genótipos. Ainda para esse método, o ponto de corte foi de 22,66 e o coeficiente de correlação cofenética foi de 0,66. Pelo método de agrupamento Tocher os 31 genótipos utilizados foram separados em seis grupos: o primeiro grupo reuniu a maior parte dos genótipos, indicando menor diversidade genética entre eles. Havendo maior variabilidade entre os genótipos de grupos diferentes. De maneira geral, esses resultados observados demonstraram que os métodos de agrupa-

mento utilizados foram capazes de distinguir os genótipos de soja com maior resistência a doenças foliares, indicando que esses genótipos podem ser promissores na escolha de genitores e cruzamentos.

Palavras-chave: Soja; Severidade de doenças; Mahalanobis; UPGMA; Tocher.

Agradecimento: CNPQ.

-
1. Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias do Instituto Federal Goiano de Rio Verde, Rio Verde, Goiás, Brasil.
*rania_agro@hotmail.com.
 2. Instituto Federal Goiano de Rio Verde, Rio Verde, Goiás, Brasil.
 3. Universidade de Rio Verde, Faculdade de Agronomia, Rio Verde, Goiás, Brasil.

ESTIMATIVA DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS EM FRUTOS VIA ANÁLISE DE IMAGEM DIGITAL

Adrielen Laiza Valiguzski;^{1*} Cleudiane Lopes Leite;¹ Fabio Romario Guerra;² Kevelin Barbosa Xavier;¹ Dalcirlei Pinheiro Albuquerque;¹ Sergio Alessandro Machado Souza³

A fruticultura possui importante papel na distribuição da renda nacional, contribuindo para a geração de empregos e qualidade de vida. Nesse sentido, o presente estudo teve como objetivo validar uma metodologia de análise de imagem digital comparando-a com método manual para estimação de características morfoagronômicas de frutos. Foram analisados 30 frutos para cada espécie estudada, a saber: ameixa (*Prunus salicina* Lind.), banana-maçã (*Musa acuminata* Colla.), laranja pêra [*Citrus sinensis* (L.) Osbeck], maçã fuji (*Malus domestica* Borkh), mamão papaia (*Carica papaya* L.), pêssego (*Prunus pérsica* L.) e uva (*Vitis vinifera* L.), provenientes do comércio local de Alta Floresta-MT. Os frutos foram seccionados longitudinalmente e as características foram mensuradas com o auxílio de um paquímetro digital. As características analisadas foram: comprimento (CF) e largura do fruto (LF), espessura da casca (EC), comprimento (CE) e largura do endocarpo (LE). Os mesmos frutos foram digitalizados em um *scanner* de mesa (HP Deskjet 2050) com resolução de 300 dpi. Sobre o *scanner*, foi colocada uma caixa com fundo preto para a digitalização dos 30 frutos de cada espécie, de forma independente. Após a obtenção das 30 imagens digitalizadas, as mesmas foram exportadas para o *software* ImageJ®. O conjunto total de dados foram submetidos à análise de correlação de Pearson e regressão linear para comparação do método proposto e convencional. Foi obtida alta correlação para as a maioria das características avaliadas, variando de 0,93 para CF e

CE a 0,98 para LF e LE. Altos valores também foram observados para o coeficiente de determinação para as características LF e LE (0,96) e CF e CE (0,87), assim como baixo erro. Entretanto, a característica EC não obteve correlação significativa, possivelmente devido a ínfima espessura da casca e a sutil mudança de coloração da polpa para a casca, o que dificultou o processo de mensuração via imagens digitais. Dessa forma, a precisão da metodologia de imagens digital apresenta alta correlação com a mensuração manual, indicando que as características morfológicas de frutos podem ser estimadas através da análise e processamento de imagem digitais. Apesar da variável espessura da casca não ter sido significativa, a metodologia digital é uma ferramenta com grande potencial de ser utilizada na fenotipagem de plantas, pois possui uma ótima precisão, rapidez e necessita de pouca mão-de-obra. Todavia, estudos complementares necessitam ser realizados a fim de se aumentar a acurácia das estimativas de características de pequenas dimensões como a espessura da casca.

Palavras-chave: caracterização de frutos; fenotipagem; biometria.

Agradecimento: CNPq.

1. Mestranda(o) em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual do Norte Fluminense. Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil. *adrielenagrozo@gmail.com.

2. Graduando em Agronomia. Universidade Estadual do Mato Grosso. Alta Floresta-MT, Brasil.

3. Professor da Universidade Estadual do Mato Grosso. Alta Floresta-MT, Brasil.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES DE PRODUÇÃO DE FEIJÃO-FAVA

Guilherme Alexandre Luz da Costa;¹ Raimunda Vieira de Pinho;² Maria de Fátima Brito Vieira;³ Verônica Brito da Silva;⁴ Ângela Celis de Almeida Lopes;⁵ Regina Lucia Ferreira Gomes⁵

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) é uma das espécies mais importantes do gênero *Phaseolus* sendo bastante importante no contexto socioeconômico do semiárido nordestino. No Brasil o cultivo de feijão-fava não é muito relevante em comparação com os outros tipos de feijão, e isso pode ser explicado pela falta de um material melhorado. Para os programas de melhoramento as estimativas dos parâmetros genéticos permitem conhecer o controle genético do caracter e o potencial da população, fornecendo subsídios para a definição das estratégias de seleção bem como auxiliam na predição dos ganhos. O objetivo desse trabalho foi mensurar os parâmetros genéticos de seis progênies da geração F₃ de feijão-fava de porte determinado pertencentes ao programa de melhoramento de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (UFPI). O experimento foi instalado no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da UFPI em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições. Os caracteres analisados foram Comprimento de Vagem, Largura de Vagem, Espessura de Vagem, Comprimento de Semente, Largura de Semente e Espessura de Semente. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e posteriormente foi calculado as variâncias genotípica, fenotípica, ambiental e herdabilidade por meio do ambiente virtual R. As variâncias genéticas variaram de Espessura da Vagem (0,001) a Comprimento de Vagem (9,70). As variâncias ambientais variaram

de Largura de Semente (0,15) a Comprimento de Vagem (2,60). As herdabilidades variaram de Espessura de Vagem (0,01%), a Largura de Vagem (0,68%). As herdabilidades encontradas foram baixas por conta da grande quantidade de locos em heterozigose em F₃ e por conta de uma alta influência ambiental. De acordo com os resultados obtidos conclui-se que os caracteres analisados apresentam grande influência ambiental e por conta disso um ganho com seleção baixo, logo, a seleção para esses caracteres deve ser feita em gerações mais avançadas do programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; melhoramento genético; herdabilidade.

Agradecimento: Os autores agradecem a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Universidade Federal do Piauí (UFPI) pelo apoio às bolsas de estudo na realização deste trabalho.

1. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal do Piauí. Teresina-PI, Brasil. *gluzdacosta@gmail.com.
2. Graduanda em Agronomia. Universidade Federal do Piauí. Teresina-PI, Brasil.
3. Graduanda em Biologia. Universidade Federal do Piauí. Teresina-PI, Brasil.
4. Professor do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento. Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, Brasil.
5. Professor do Departamento de Fitotecnia. Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI, Brasil.

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES EM ESTADIO INICIAL EM PROGÊNIES DE BARUEIRO EM DIFERENTES ESTAÇÕES DO ANO

Laísse Danielle Pereira;^{1} Helen Cristine da Silva Cruvinel;² Daniel Victor Gonçalves Santos;² Carlos Henrique de Lima e Silva;¹ Cinthia Azevedo Silva;³ Fernando Higino de Lima e Silva⁴*

A seleção precoce de espécies perenes, a exemplo do barueiro, baseada em caracteres de crescimento inicial, permite a otimização do processo de seleção de genótipos superiores, além da continuidade na domesticação da espécie. O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos via modelagem mista REML/BLUP para caracteres de crescimento em um teste combinado de progênies e procedências de barueiro em estágio inicial em diferentes estações do ano. O experimento foi implantado em fevereiro de 2018 e encontra-se instalado no Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – campus Rio Verde, sendo composto por progênies originadas a partir de sementes de 31 matrizes amostradas em quatro municípios do Estado de Goiás (Bom Jardim de Goiás, Ipameri, Iporá e Urutaí). O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com 10 repetições e uma planta por parcela. Foram avaliados os caracteres altura de planta (AP) e diâmetro do caule (DC), sendo os seus valores médios obtidos mediante cinco avaliações realizadas em cada estação do ano (Inverno, Primavera, Verão e Outono, respectivamente), totalizando 20 no ano 2019-2020. Foram estimados os parâmetros genéticos: variância genética aditiva (V_a), variância genética entre procedências (V_{proc}); variância residual (V_e), variância fenotípica individual (V_f), herdabilidade individual no sentido restrito (h^2), coeficiente de variação genética aditiva individual (CV_{gi}), coeficiente de variação genética entre progênies (CV_{gp}) e coeficiente de variação residual (CV_e). A estimação dos parâmetros foi realizada através do modelo 5 do *software* SELEGEN - REML/BLUP. Ve-

rificou-se que a V_a mostrou-se superior à V_{proc} para os caracteres avaliados em todas as estações do ano. Comportamento similar foi observado entre as estimativas de CV_{gi} e de CV_{gp} . Tal fato demonstra que a maior parte da variabilidade genética existente encontra-se dentro, e não entre procedências. Todas as estimativas de foram consideradas de moderada magnitude, sendo a menor estimativa observada para DC (0,175) na estação outono. O caractere AP apresentou maiores valores de V_a , sendo observado incremento considerável nas estações verão (818,949) e outono (894,680) em comparação com Inverno (256,447) e primavera (498,511). Entretanto, na primavera, mesmo com pouco incremento da V_a , a foi de 0,420, muito próxima da obtida no verão (0,445) e no outono (0,433). Para DC houve aumento da V_a até a estação verão (8,594 - 16,448) tendo decrescido no outono (14,842). O mesmo comportamento foi observado para para DC, que apresentou aumento até o verão (0,260 - 0,275) e decréscimo no outono (0,175), ou seja, essa baixa estimativa indica maior influência ambiental nesta estação. A seleção baseada em caracteres de crescimento é estratégia eficiente no melhoramento do barueiro, discriminando, de maneira precoce, progênies com maior potencial para caracteres de interesse, caso estejam correlacionadas a esses caracteres iniciais.

Palavras-chave: Cerrado; *Dipteryx alata* Vogel; seleção juvenil; meio-irmãos; REML/BLUP.

Agradecimento: IF Goiano, CAPES e CNPq.

1. Doutorandos em Ciências Agrárias - Agronomia. Instituto Federal Goiano – campus Rio Verde. Rio Verde-GO, Brasil. *laissedaniellep@gmail.com.
2. Graduandos em Agronomia. Instituto Federal Goiano – campus Rio Verde. Rio Verde-GO, Brasil.
3. Mestranda em Ciências Agrárias - Agronomia. Instituto Federal Goiano – campus Rio Verde. Rio Verde-GO, Brasil.
4. Professor. Instituto Federal Goiano – campus Rio Verde. Rio Verde-GO, Brasil.

ESTIMATIVA DO NÚMERO CROMOSSÔMICO EM *CALOPHYLLUM BRASILIENSE* CAMBESS

Lavinia Barbosa Oliveira;^{1*} Guilherme Mendes de Almeida Carvalho;² Jéssica Coutinho Silva;³
Wellington Ronildo Clarindo⁴

Calophyllum brasiliense Cambess conhecida como Guanandi, pertence à família Calophyllaceae. É originária da região Amazônica e do Cerrado, e está distribuída por todo o território brasileiro, com desenvolvimento predominantemente nas florestas semidecíduas. Possui fácil adaptação em climas e solos variados, apresenta bom desenvolvimento e sua madeira é comumente utilizada por possuir ótimas características físicas e mecânicas, além de alta durabilidade natural. Diante do potencial apresentado pelo *C. brasiliense* e da necessidade em obter informações genéticas básicas de espécies nativas, o presente trabalho teve como objetivo determinar o número cromossômico de *C. brasiliense* por citogenética. O experimento foi conduzido no Laboratório de Citogenética e Citometria da UFV. As sementes foram germinadas em estufa à 30°C em recipiente com vermiculita para desenvolvimento do sistema radicular. Raízes com 1,0 – 2,0 cm foram tratadas com 4 µM de APM (amipros-metil, inibidor de microtúbulos), suplementado com 0,3% de DMSO (dimetilsulfóxido) por 5 horas, para obtenção das metáfases. Em seguida à ponta das raízes foram cortadas e fixadas em solução de metanol: ácido acético 3:1, com 3 trocas de 10 min cada, e armazenadas à -20 °C por 24 h. Após a fixação, as raízes foram lavadas 3 vezes em dH₂O, imersas por 2 h em pool enzimático (4% de celulase, 0,4% de hemicelulase, 1% de macerozima, 100% de pectinase) na proporção de 1:3, diluído em dH₂O à 36°C para digestão. As

raízes foram lavadas, novamente fixadas e armazenadas à -20°C, como descrito acima. As preparações cromossômicas foram feitas pela técnica de dissociação celular e secagem ao ar. As metáfases foram capturadas em câmera de vídeo montada em microscópio de fluorescência. As imagens foram digitalizadas usando o *software* Image Pro-Plus 6.1. O APM mostrou-se eficiente no bloqueio do ciclo celular, possibilitando a obtenção de cromossomos metafásicos bloqueados bem preservados. Apesar do sucesso no bloqueio, as metáfases apresentaram sobreposições, o que impediu a determinação precisa do número cromossômico, mas possibilitou a estimativa de que o cariótipo de *C. brasiliense* possui de 32-36 cromossomos. Dessa forma fica evidente a necessidade de ajuste do protocolo com relação aos passos de digestão enzimática, dissociação celular e secagem ao ar. Assim, o presente trabalho apresentou informações iniciais a cerca do cariótipo de *C. brasiliense*, fornecendo dados que podem auxiliar nos estudos citotaxonômicos e contribuir na diminuição da escassez de dados genéticos da espécie.

Palavras-chave: Cariótipo; Citogenética; Espécie Nativa; Guanandi.

Agradecimento: IFNMG – Campus Salinas e UFV.

1. Mestranda em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *laviniaabarbosaoliveira@gmail.com.
2. Professor do Instituto Federal do Norte de Minas Gerais. Salinas-MG, Brasil.
3. Doutoranda em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Professor da Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

ESTIMATIVAS DE CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES DE FRUTO DE TOMATE CEREJA

Viviane Cruz de Almeida;¹ Marilene Hilma dos Santos;² Pâmella Roberta Tavares Pequeno;³ Thiago Franco de Paulo;⁴ Lucas Guedes Rodrigues⁵

Em um programa de melhoramento de plantas as correlações genéticas figuram entre os principais parâmetros. Essas estimativas permitem compreender o efeito da seleção dentro das gerações segregantes, e, além disso facilitam a seleção de caracteres com baixa herdabilidade ou de difícil mensuração por meio da seleção indireta. De tal modo, o objetivo desse trabalho foi estimar correlações genéticas entre seis caracteres de tomate cereja (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*). O ensaio foi conduzido na área experimental na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica – RJ, em um delineamento de blocos ao acaso com três repetições e seis plantas por parcela. Foram avaliados os seguintes caracteres: comprimento do fruto (CFR), diâmetro do fruto (DFR), razão comprimento diâmetro (RCD), espessura da polpa (ESP), teor sólidos e solúveis (TSS) e firmeza do fruto (FIR). As estimativas de correlação genética (Cruz *et al.*, 2012), bem como a significância pelo método de bootstrap, foram obtidas com auxílio do programa Genes (Cruz, 2006). Observaram-se correlações genotípicas significativas entre os seguintes pares: CFR e RCD (0,9912⁺⁺), DFR e ESP (0,9697⁺), DFR e TSS (-0,9428⁺), RCD e FIR (-0,6938⁺), RCD e TSS (-0,7512⁺). E correlação fenotípica significativa entre os pares CFR x RCD (0,892⁺⁺), CFR x TSS (-0,7543⁺⁺) e DFR x RCD (-0,7639⁺⁺). Nesse estudo é possível constatar que a seleção para o aumento do tamanho dos frutos resultará na redução

do teor de sólido solúveis e da firmeza desses frutos, uma vez que existe um elevado grau de associação negativa entre esses caracteres. Do outro lado, a correlação positiva entre DFR e ESP indicam que os frutos com maior diâmetro possuíam maior espessura da polpa. Atribuem-se como causa de correlação efeitos de Pleiotropia e de ligação gênica, sendo o último passível de se contornar a medida que as gerações segregantes avançam e as recombinações dentro do genoma dos indivíduos ocorrem.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*; grau de associação; parâmetros genéticos.

1. Graduanda em Agronomia. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro RJ, Brasil. *vivianealmeida01@hotmail.com.
2. Professora do Departamento de Genética. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro RJ, Brasil.
3. Graduando em Agronomia. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro RJ, Brasil.
4. Graduando em Agronomia. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro RJ, Brasil.
5. Graduando em Ciências Biológicas. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro RJ, Brasil.

ESTRUTURA E FUNÇÃO DE GENES CLOROPLASTIDIAIS EM *PTERODON EMARGINATUS* E *PTERODON PUBESCENS* (LEGUMINOSAE)

Juliana Borges Pereira Brito Freitas;^{1*} Adriana Maria Antunes;² Thannya Nascimento Soares³

Pterodon emarginatus e *Pterodon pubescens*, conhecidas popularmente como sucupira branca, são pertencentes à família Leguminosae. Ambas as espécies possuem uma ampla distribuição geográfica, com predominância nas regiões de cerrado e possuem potencial de exploração econômica, principalmente devido ao uso medicinal. As propriedades farmacológicas comprovadas por estudos científicos são diversas, tais como funções analgésicas, anti-inflamatórias, antitumorais, antioxidantes, angiogênicas e antimicrobianas. As duas espécies apresentam grande semelhança morfológica devido a diversificação recente e a elevada proximidade evolutiva. O objetivo do presente estudo foi comparar os genomas cloroplastidiais de *P. emarginatus* e *P. pubescens*, com o intuito de contribuir com o conhecimento sobre a similaridade gênica entre elas. Foram coletadas folhas jovens de ambas as espécies, das quais foi extraído o DNA total. Foram construídas duas bibliotecas genômicas e o sequenciamento foi realizado na plataforma Illumina MiSeq usando o kit de 600 ciclos v3. Após as etapas de análise e cortes de qualidade, os *reads* cloroplastidiais foram separados usando o *software bowtie2*. A montagem do genoma cloroplastidial para cada espécie foi feita através de uma associação de montagem *de novo*, realizada com o *software Spades*, e montagem com referência, realizada com o programa CLC *Genomics Workbench 12*, que também foi utilizado para mesclar as duas montagens e gerar a sequência consenso. A predição das sequências gênicas foi realizada com o *software DOGMA*. *P. emarginatus* apresentou tamanho genômico cloroplastidial de 160,178 pb e *P. pubescens* de 158,561 pb. Foram preditos 132 genes nessas duas espécies, sendo 114 únicos e 18 duplicados. Os genes preditos estão envolvidos em diversas vias metabólicas como fotossíntese, auto-replicação e biosíntese. Com relação a

presença de íntrons, foram identificadas as regiões trnV-UAC, trnL-UAA, ycf3, ropC1, atpF, clpP, rpl2, ndhB, trnA-UGC, trnI-GAU e ndhA, sendo que no caso de ndhA observou-se íntrons apenas em *P. Pubescens*. Apenas ycf3 e clpP apresentaram 2 íntrons, enquanto todos os outros possuem um. O gene trnL-UAA apresentou menor íntron com 539 pb e o maior íntron foi identificado em ndhA, com 1291pb com uma distância média entre os éxons de 777 pb. Todos os genes apresentaram alta similaridade de sequências de nucleotídeos entre *P. emarginatus* e *P. pubescens* e mesma posição genômica, ou seja, alta sintenia. As sequências gênicas cloroplastidiais geralmente são muito conservadas, principalmente entre espécies filogeneticamente próximas, o que corrobora a alta similaridade entre os genes cloroplastidiais das duas espécies do gênero *Pterodon* estudadas aqui. Os dados obtidos nesse estudo serão publicados em banco de dados genômicos e poderão contribuir com futuros trabalhos sobre a genômica e história evolutiva de *P. emarginatus* e *P. pubescens*.

Palavras-chave: Anotação gênica, Genoma cloroplastidial, *Pterodon*, Sucupira.

Agradecimento: Este trabalho foi realizado com recursos do PRONEM (Programa de Apoio a Núcleos Emergentes PRONEM/FAPEG/CNPq Chamada Pública Nº 07/2016) e do grupo de trabalho em Genética e Genômica Evolutiva, do Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia - Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio CNPq/FAPEG). Foi apoiado também pela bolsa do Programa Nacional de Pós Doutorado da CAPES (PNPD/CAPES) vinculada ao Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP) da Universidade Federal de Goiás.

1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *freitas.juliana@discente.ufg.com.

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

3. Professora do Departamento de Genética do Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

ESTUDO DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA CONTEÚDO DE ÓLEO, PROTEÍNA E ÁCIDOS GRAXOS EM SEMENTES DE SOJA

Bianca Muriel Gonçalves;^{1*} Keyla de Oliveira Ribeiro;² Pedro Henrique de Souza;³ Miriam Suzane Vidotti;⁴ Alexandre Siqueira Guedes Coelho;⁵ Leila Garcês Araújo⁵

Caracteres como conteúdo de óleo, proteína e ácidos graxos em sementes de soja são de grande interesse para o melhoramento, pois definem a qualidade nutricional e industrial da cultura. O objetivo desse estudo foi identificar regiões genômicas relacionadas ao conteúdo de proteína, óleo e ácidos graxos (ácido palmítico, ácido esteárico, ácido oleico, ácido linoleico e ácido linolênico) em sementes de 416 acessos de soja por meio de análises de associação genômica ampla. Os dados fenotípicos foram obtidos em ensaio de campo conduzido sob o delineamento de blocos aumentados de Federer na Unidade Experimental da Seagro-GO, em Senador Canedo-GO, na safra 2007/2008. Os teores de cada componente foram quantificados por métodos específicos para cada um a partir das sementes. Os acessos foram genotipados com o chip Illumina Infinium SoySNP50K *Bead Chip* com 52.041 marcadores *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs). Verificou-se que não houve padrões de estrutura genética ou parentesco no painel, condição ideal para a análise. Após a análise de associação genômica ampla, foram identificados 12 SNPs significativos localizados em sete cromossomos: três SNPs significativos para teores de óleo e proteína, dois SNPs para teor de ácido esteárico e um SNP para cada um dos caracteres restantes. Os genes candidatos, dentre eles fatores de transcrição e enzimas, encontram-se relacionados direta ou indireta-

mente com os caracteres analisados. Esses resultados podem servir como ferramenta para o melhoramento da soja visando o desenvolvimento de genótipos com composições específicas.

Palavras-chave: *Glycine max*, GWAS; composição química.

Agradecimento: CAPES.

-
1. Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *biancamurielg@gmail.com.
 2. Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
 3. Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba-SP, Brasil.
 4. Pós-doutoranda do programa de pós-graduação de Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
 5. Professores da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

ESTUDO DO USO ALTERNATIVO DO SORBATO DE POTÁSSIO NO PROCESSO REGENERATIVO E CONTROLE DE CONTAMINAÇÕES *IN VITRO* EM CITROS

Maria Inês de Souza Mendes;^{1*} Denise dos Santos Vila Verde;² Leila Vasconcelos Costa Nobre;³ Gabriel Mendes Conceição da Paz;³ Walter dos Santos Soares Filho;⁴ Antônio da Silva Souza⁴

A cultura de tecidos é uma ferramenta de grande aplicação no cultivo dos citros, já que várias de suas técnicas têm sido empregadas com objetivos diversos, a maioria deles voltada para apoiar o melhoramento genético. Contudo, um fator a ser considerado é a possível ocorrência de contaminações por microrganismos, que podem surgir em todas as fases do cultivo *in vitro*. O sorbato de potássio é geralmente usado para evitar o crescimento de fungos e bactérias em alimentos e produtos cosméticos, podendo constituir uma alternativa ao uso de antibióticos e fungicidas em meios de cultura. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo estudar o efeito do sorbato de potássio na regeneração e no controle de contaminações *in vitro* de porta-enxertos de citros. O trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, Bahia. Em um primeiro experimento, ápices caulinares com 1 cm de tamanho, oriundos de plantas cultivadas *in vitro* dos porta-enxertos citrandarins 'Índio' e 'Riverside' e dos híbridos LCR x TR - 001, LRF x (LCR x TR) - 005 e HTR -051, foram introduzidas no meio de cultura WPM basal e suplementado com sorbato de potássio nas concentrações de 25 mg L⁻¹; 50 mg L⁻¹, 75 mg L⁻¹ e 100 mg L⁻¹. Em outro experimento avaliou-se, após 60 dias de cultivo, a porcentagem de incidência de contaminações em sementes, miniestacas (1 cm) oriundas de plantas do campo e miniestacas provenientes de plantas conservadas *in vitro* e acometidas por contaminações, do

porta-enxerto citrandarin 'San Diego'. Com base nos resultados do primeiro experimento, as sementes e as miniestacas foram cultivadas no meio WPM contendo as concentrações consideradas menos tóxicas do sorbato (0,0 mg L⁻¹; 7,5 mg L⁻¹; 15,0 mg L⁻¹; 22,5 mg L⁻¹ e 30 mg L⁻¹). Os delineamentos foram inteiramente casualizados, em esquema fatorial 5 x 5 (5 genótipos e 5 concentrações de sorbato) e 3 x 5 (3 tipos de explantes e 5 concentrações de sorbato), respectivamente para o primeiro e segundo experimentos, ambos com 20 repetições, sendo as análises estatísticas efetuadas pelo *software* R. No primeiro experimento, após 6 meses de cultivo, 75% dos explantes foram responsivos, apesar do sorbato apresentar um efeito fitotóxico conforme o aumento das doses, alcançando na maior concentração (100 mg L⁻¹) apenas 42% de regeneração. No segundo experimento não foi observada a influência do sorbato de potássio no controle de contaminações *in vitro*, uma vez que as porcentagens observadas, em cada tipo de explante, não diferiram entre o controle (0,0 mg L⁻¹) e as concentrações do conservante. Concluiu-se, portanto, que o sorbato de potássio não mostrou muita eficiência na regeneração *in vitro* e muito menos no controle de contaminações dos porta-enxertos de citros estudados.

Palavras-chave: Cultura de tecidos; *Citrus*; porta-enxerto; controle de microrganismos.

Agradecimento: Fapesb.

1. Doutorado em Genética e Biologia Molecular. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil. *inessm.123@gmail.com.

2. Doutorado em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus-BA, Brasil.

3. Graduando em Biologia. Universidade Federal do Recôncavo Baiano. Cruz das Almas-BA, Brasil.

4. Pesquisador. Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas-BA, Brasil.

ESTUDOS DE VALIDAÇÃO DE MARCADOR MOLECULAR LIGADO A APOMIXIA PARA SELEÇÃO PRECOCE EM HÍBRIDOS DE *PANICUM MAXIMUM* JAÇÓ

Lucélia de Fátima Santos;^{1*} Mateus Figueiredo Santos;² Andréa Raposo;² Liana Jank;² Gustavo Vitti Môro³

Devido à herança monogênica da apomixia, há possibilidade de se selecionar híbridos superiores apomíticos ou sexuais. Entretanto, a identificação do modo de reprodução dos híbridos por métodos como a microscopia é laboriosa e inviável em larga escala, além de ser realizada apenas no florescimento. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial do uso do marcador molecular SCAR p779/p780 para detecção precoce do modo de reprodução em híbridos de *Panicum maximum*. O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande-MS. Cinquenta híbridos do programa de melhoramento de *P. maximum* foram genotipados para o marcador SCAR p779/p780 e fenotipados para o modo de reprodução por meio de microscopia. Para a genotipagem, a classificação foi realizada da seguinte forma: a presença da banda indicou que o indivíduo é apomítico e a ausência que é sexual. Para a fenotipagem, foram classificados os sacos embrionários contidos nos ovários dos cinquenta indivíduos, ovários contendo sacos embrionários múltiplos ou apospórico único, são classificados como apomíticos e apresentam oosfera, as sinérgides, um único núcleo polar (ou às vezes dois núcleos polares) e ausência de células antípodas, caracterizando como sacos embrionários tipo *Panicum*. Já sacos embrionários classificados como sexuais apresentam um único saco meiótico com a oosfera, as sinérgides, dois núcleos polares e uma massa de células antípodas no polo chalazal, classificados como sacos embrionários tipo *Polygonum*. Para ve-

rificar a eficiência do marcador SCAR p779/780, os dados obtidos dos géis foram comparados com os dados das análises citoembriológicas dos ovários, e a porcentagem de coincidência ($\%$) para a detecção da apomixia foi obtida por meio da expressão: $\% = \frac{N_{\text{coinc}}}{N_{\text{total}}} \times 100$. Em que: N_{coinc} é o número de coincidência entre as análises moleculares e citoembriológicas, ou seja, os indivíduos que apresentaram mesmo sistema reprodutivo pelos dois métodos avaliados; N_{total} é o número total de indivíduos analisados. O marcador molecular SCAR p779/p780 apresentou confiabilidade de 96%, demonstrando que seu uso para a seleção assistida é eficaz. A seleção assistida com o marcador SCAR p779/p780 é indicado para seleção precoce do modo de reprodução em *Panicum maximum*, auxiliando nas etapas iniciais do melhoramento da espécie e acelerando o lançamento de cultivares no mercado.

Palavras-chave: aposporia; modo de reprodução; sacos embrionários.

Agradecimento: CNPq, CAPES e Embrapa.

1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. Jaboticabal-SP, Brasil.

*luceliasantos98@hotmail.com.

2. Pesquisadores da Embrapa Gado de Corte. Campo Grande-MS, Brasil.

3. Docente. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. Jaboticabal-SP, Brasil.

GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE *CATTLEYA WALKERIANA* G. (1843) (*ORCHIDACEAE*) DO CERRADO

Gabriela Divina Alves de Oliveira;^{1*} Andréa Mara de Oliveira;² Jefferson Moreira de Sousa;³
Marília Pereira Miranda;⁴ Paula Carvalho Vieira;⁵ Yara Rodrigues de Souza Deodata⁶

A família Orchidaceae é a terceira maior em números de plantas com flores, e maior em quantidades de espécies nas monocotiledôneas. No Brasil encontra-se 2300 espécies. O gênero *Cattleya* é originário da América Central e do Sul com 70 espécies. A espécie *Cattleya walkeriana* tem origem no cerrado brasileiro. Pelas razões mencionadas a fim de explorar a propagação *in vitro* do *Cattleya walkeriana*, foram feitas avaliações a resposta da germinação *in vitro* ao estímulo de diferentes quantidades de fitohormônio giberelina acrescido de meio MS. Com o objetivo da Obtenção de orquídeas da espécie *Cattleya walkeriana*, por meio de germinação *in vitro*, visando obter maiores números de plantas em curto espaço de tempo a partir do estabelecimento de protocolo de assepsia e germinação com diferentes quantidades de giberelina. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia Vegetal do Instituto Subsumido da PUC-GO, em Goiânia. Foi usado o meio de cultura MS padrão para germinação das sementes, acrescido de 20 g/L sacarose, 0,1 g/L inositol, 1,0 mL/L vitaminas, 4 g/L ágar e pH 5,8 e nos tratamentos controle, T1, T2 e T3 com diferentes concentrações de ácido giberélico (GA3). O meio de cultura foi preparado, acondicionado em frascos, e esterilizados na autoclave. A cápsula coletada foi submetida à assepsia por vinte minutos em hipoclorito sódico (2%

comercial). Após a assepsia as sementes foram inoculadas, e em seguida acondicionadas na sala de crescimento com fotoperíodo de 16 horas luz com temperatura de 25±2°C. Para cada tratamento usou-se 18 frascos. Foi observado o tempo da inoculação até formação de protocormos. De acordo com as observações ocorridas durante o período de 73 dias foram obtidas uma maior quantidade de germinações nos tratamentos T2 e T3 onde foi adicionada uma maior quantidade de giberelina que continham 0,6 mL /L e 0,8mL /L de giberelina. O Tratamento controle onde se tinha zero de giberelina e no T1: 0,4 mL/L de giberelina ocorreu baixa germinação das sementes após 73 dias de inoculação. Concluiu-se que os tratamentos T2 e T3 foram os que obtiveram taxa maior de germinação mostrando que o efeito da giberelina nas concentrações entre 0,6 e 0,8 mL/L estimula o desenvolvimento do embrião na semente.

Palavras-chave: *Cattleya walkeriana*; Cerrado; Germinação *in vitro*.

Agradecimentos: PUG-GO, Instituto Subsumido (ITS), Laboratório de Biotecnologia Vegetal.

1. Graduada em Ciências Biológicas. Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Brasil. *gabrielabrunna52@gmail.com.
2. Doutoranda em Biotecnologia e Biodiversidade. Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.
3. Graduado em Ciências Biológicas. Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Brasil.
4. Graduada em Ciências Biológicas. Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Brasil.
5. Graduanda em Ciências Biológicas. Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Brasil.
6. Graduanda em Ciências Biológicas. Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, Brasil.

GGE BIPLLOT EM PROGÊNIES DE CORYMBIA PARA GERAÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS

Filipe Manoel Ferreira;^{1*} Emanuel Ferrari do Nascimento;² Leonardo Lopes Bhering³

A indústria de árvores plantadas tem grande representatividade comercial no cenário agrícola brasileiro, pois está ligada de maneira direta ou indireta à produção de mais de cinco mil produtos. Recentemente, as espécies do gênero *Corymbia* vêm sendo estudadas devido ao interesse por genótipos com maiores densidades e produtividade. Além disso, espécies deste gênero podem ser usadas para a geração de híbridos interespecíficos, o que permite ao melhorista explorar a heterose. Diante disto, o objetivo deste estudo foi utilizar a análise GGE Biplot para identificar progênies de *Corymbia* promissoras para geração de híbridos interespecíficos para dois locais conjuntamente. Quatro testes de progênies foram conduzidos, sendo dois no ambiente 1, sendo o primeiro de *Corymbia torelliana* e o segundo de *Corymbia maculata*. Ambos ensaios foram replicados no ambiente 2. Cada teste continha sessenta e quatro progênies de meio-irmãos de *Corymbia* e seis clones comerciais de *Eucalyptus* (testemunhas). As famílias de *C. maculata* foram nomeadas de 1 a 70, onde os tratamentos 65, 66, 67, 68, 69 e 70 eram clones comerciais de *Eucalyptus*. As famílias de *C. torelliana* foram numeradas de 71 a 142, onde os tratamentos 136, 137, 138, 139, 140, 141 e 142 eram clones comerciais de eucalipto. Utilizou-se o delineamento em blocos incompletos com 40 repetições. As características avaliadas foram diâmetro na altura do peito (cm) e altura (m). A metodologia REML / BLUP foi utilizada para estimar os componentes da variância e para prever os valores genotípicos. Pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), todos os efeitos aleatórios do modelo foram significativos ($p < 0,01$), evidenciando

que existe variabilidade genética entre as progênies e que o ambiente afeta a média dos genótipos. O ganho de seleção (%) foi maior para *C. maculata* do que para *C. torelliana*. A coincidência das famílias selecionadas na análise individual, com as selecionadas na análise conjunta foi 85% para *C. maculata* e 60% para *C. torelliana*. O GGE biplot identificou que os ambientes 1 e 2 pertencem a diferentes mega-ambientes. Na análise individual, as famílias 9 e 40 de *C. maculata* foram as mais adaptadas ao ambiente 1 e as famílias 64 e 11 ao ambiente 2, uma vez que estão nos vértices nestes mega-ambientes. Para *C. torelliana*, as famílias 94 e 88 foram as mais adaptadas ao ambiente 1 e 2. Considerando simultaneamente produção e estabilidade, as famílias 5, 12, 15, 37 e 38 apresentaram as cinco melhores performances para *C. maculata* e as famílias 83, 86, 87, 93 e 109 apresentaram as cinco melhores performances para *C. torelliana*, sendo as mais recomendadas para a geração de híbridos interespecíficos que serão plantados em ambos os ambientes.

Palavras-chave: Modelos Mistos; interação g x a; melhoramento florestal.

Agradecimento: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

1. Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *ferreira.fmanuel@gmail.com.
2. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Professor do Departamento de Biologia Geral. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES GENÉTICAS EM CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS DE MELANCIA

Tiago Lima do Nascimento;^{1*} Flávio de França Souza;² Rita de Cássia Souza Dias;² Joice Simone dos Santos;³ Karina Branco de Almeida;⁴ Nataniel Franklin de Melo²

Os programas de melhoramento genético trabalham com várias características de maneira simultânea, buscando obter de maneira mais rápida o genótipo melhorado. Com isso, as estimativas de parâmetros, que forneçam informações importantes para a condução desses programas de forma eficiente, é de grande relevância. Desse modo, o objetivo desse trabalho foi estimar a herdabilidade e os coeficientes de correlações genéticas entre características de melancia, buscando disponibilizar informações úteis para subsidiar programas de melhoramento da espécie. O experimento foi conduzido na área experimental da Embrapa Semiárido em Petrolina-PE, onde foram avaliadas seis populações de melancia em delineamento de blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas foram: Comprimento (CS), largura (LS), espessura (ES), em mm; massa (MS), em g, de 10 sementes; diâmetro de abertura da corola em flores femininas (DCF), em cm; comprimento (COF), em cm; e diâmetro do ovário em flores femininas (DOF), em mm, e a relação do comprimento/diâmetro (CF/LF) de fruto, em mm. A média das características foram submetidas as estimativas da herdabilidade (h_2), em seguida foram mensurados os coeficientes de correlações genéticas (rG), fenotípicas (rF) e ambiental (rA) com auxílio do *software* Genes, versão 3.0. Todas as características avaliadas apresentaram h_2 elevada (maior que 63%), destacando o CS (99.97%),

LS (99.94%) e a MS (99.92%). Com isso, é possível verificar que existem grandes chances de serem observadas nas gerações seguintes, vale lembrar que esse comportamento é interessante a depender dos objetivos dos programas de melhoramento, uma vez que a exclusão do caráter é almejado, esse parâmetro se reveste de importância quando apresentar baixos valores. As correlações rG e rF foram superiores que as rA para todas as características avaliadas, evidenciando que o melhoramento das características pode ser realizado tendo como base o fenótipo observado nas populações, visto que o ambiente teve mínima influência sobre a expressão do genótipo. As herdabilidades associadas as correlações genéticas das características, avaliadas nas populações do presente estudo, garantem maiores chances de se chegar ao genótipo melhorado por meio da seleção indireta, considerando sempre os objetivos desejados, a exemplo do (DO) quanto maior for mais achatado será o formato do fruto (CF/LF), esse caráter está relacionado a facilidade de manuseio dos frutos e armazenamento.

Palavras-chave: *Citrullus lanatus*; parâmetros genéticos; resposta correlacionada.

Agradecimento: A CAPES, FAPESB, UEFS, UNEB e a EMBRAPA Semiárido.

1. Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Estadual de Feira de Santana, bolsista FAPESB/CAPES. Feira de Santana-BA, Brasil. *tiago_lim.a@hotmail.com.
2. D.Sc. e Pesquisadores da Embrapa Semiárido. Petrolina-PE, Brasil;
3. Professora do curso subsequente em agropecuária. Instituto Federal do Ceara. Crateús-CE, Brasil.
4. Mestranda em agronomia: Horticultura Irrigada. Universidade Estadual da Bahia, bolsista CAPES. Juazeiro-BA, Brasil.

IDENTIFICAÇÃO DE MÓDULOS DE COEXPRESSION GÊNICA E REGULADORES TRANSCRICIONAIS EM *COFFEA ARABICA*

Samara Mireza Correia de Lemos;^{1*} Alexandre Rossi Paschoal;² Douglas Silva Domingues³

Entender o funcionamento de redes biológicas pode aumentar nossa compreensão de como as biomoléculas interagem para executar suas funções nas plantas, especialmente dentro do metabolismo de carboidratos. Enzimas ativas de carboidratos (CAZymes) catalisam a formação e modificação de glicoproteínas, glicolipídios, amidos, metabólitos secundários e biopolímeros da parede celular. São enzimas-chave para a biossíntese de alimentos e biomassa renovável. A regulação da atividade transcricional e de sinalização de CAZymes pode depender de três classes de proteínas reguladoras: fatores de transcrição (TFs), reguladores de transcrição (TRs) e proteínas quinases (PKs), que estão associadas a diversos aspectos do crescimento e desenvolvimento vegetal. Considerando que genes pertencentes a uma mesma via metabólica ou que compartilham funções biológicas tendem a ser regulados de maneira conjunta, as análises de coexpressão gênica, utilizando a sequência genômica e dados de transcriptoma, identificam redes de módulos de genes cuja expressão é altamente correlacionada. Este estudo teve o objetivo de identificar módulos de coexpressão em *Coffea arabica*, um dos principais produtos agrícolas brasileiros. Realizamos uma análise de coexpressão gênica utilizando 72 bibliotecas de RNA-Seq de folhas, frutos, raízes, caules e sementes, com o programa WebCemitoool. Identificamos oito módulos de coexpressão gênica que possuem, somados, um total de 4969 genes. Os módulos identificados têm, respectivamente, 2860, 885, 683, 200, 171, 76, 48 e 46 genes. Nestes módulos realizamos a identificação de CAZymes, TFs, TRs e PKs. Identificamos 350 enzimas ativas

de carboidratos com a ferramenta dbCAN2 e com a ferramenta iTAK, identificamos 443 fatores de transcrição, 41 reguladores transcricionais e 209 proteínas quinases nos módulos de coexpressão. A ocorrência de TFs, TRs, PKs e CAZymes nos mesmos módulos de coexpressão pode indicar que os genes expressando esses reguladores atuam regulando vias metabólicas de carboidratos ou até mesmo as próprias CAZymes. Identificamos a ocorrência de TFs, TRs, PKs e CAZymes em quatro módulos de coexpressão (1, 2, 3 e 7). Nos módulos 5 e 6, identificamos TFs e CAZymes simultaneamente. Estes módulos são portanto, um relevante ponto de partida para a identificação de fatores-chave que regulam a expressão gênica associada ao metabolismo de carboidratos em *Coffea arabica*.

Palavras-chave: coexpressão gênica; regulação gênica; metabolismo vegetal; *Coffea arabica*.

Apoio Financeiro: CAPES.

1. Doutoranda em Ciências Biológicas (Genética). UNESP - Universidade Estadual Paulista. Botucatu-SP Brasil. *samara.lemos@unesp.br.

2. Professor Docente no Programa de Pós-Graduação em Bioinformática. UTFPR - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

3. pesquisador III - Grupo de Genômica e Transcriptomas em Plantas. Departamento de Biodiversidade, Instituto de Biociências de Rio Claro, UNESP - Universidade Estadual Paulista. Rio Claro-SP Brasil.

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE CULTIVARES DE BANANEIRA COM USO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

Gustavo Henrique Ferrero Klabunde;^{1*} Ramon Felipe Scherer¹

O Programa de Melhoramento Genético de Bananeira da EPAGRI – Estação Experimental de Itajaí, possui como principal objetivo o desenvolvimento de cultivares de bananeira adaptados às principais condições de cultivo no estado de Santa Catarina. As condições sub-tropicais de cultivo, impõe uma série de desafios para o melhoramento da fruta, principalmente no desenvolvimento de materiais adaptados ao litoral norte e sul Catarinense. Foi estabelecido um DNA *fingerprinting* de materiais EPAGRI em avançada avaliação agrônômica, comparando-os a outras variedades comerciais do mesmo grupo genômico e de diferentes grupos genômicos, com o objetivo de complementar os descritores morfológicos. Esta metodologia foi empregada visando a possível proteção, monitoramento e rastreabilidade de clones de futuros cultivares de bananeira EPAGRI. Foram amplificados via PCR e genotipados, via eletroforese capilar em analisador genético ABI 3500, 19 marcadores moleculares microssatélites (SSRs) referência para *Musa spp.* (Série mMaCIR). Foram avaliados 24 materiais diversos, sendo amplificados um total de 114 alelos (média de 6 alelos/locus). A análise de similaridade genética agrupou os genótipos em 5 grupos distintos, sendo: I - genótipos do sub-grupo Terra (1) e Figo (4); II – cultivares BRS Princesa, BRS Tropical e maçã paulista; III – genótipos do subgrupo Prata (9); IV – genótipos do subgrupo Cavendish (6); V – cultivar BRS SCS Belluna. Os polimorfismos encontrados foram suficientes para gerar perfis alélicos únicos (DNA *fingerprints*) para 12 dos 24 materiais

genotipados. No entanto, os seguintes grupos de materiais obtiveram exatamente o mesmo perfil alélico para os 19 marcadores SSR, apesar de muitas vezes apresentarem diferenças fenotípicas claras, sendo: I – Figo, Figo Cinza e Figo Anã; IIIa – Branca EPAGRI 01, Branca EPAGRI 02, Prata Anã, SCS 451 Catarina e Prata EPAGRI 01; IIIb – Super Anã e Moderna; IV – Nanicão e SCS 452 Corupá. Outras classes de marcadores moleculares devem ser empregadas para a diferenciação de cultivares com perfis SSR idênticos, principalmente as cultivares de bananeiras selecionadas de mutações espontâneas como SCS 451 Catarina e SCS Nanicão452 Corupá.

Palavras-chave: DNA fingerprinting; SSRs; *Musa spp.*

Agradecimento: FAPESC.

1. Pesquisadores em Genética e Melhoramento de Plantas. EPAGRI. Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. Itajaí-SC, Brasil. *gustavoklabunde@epagri.sc.gov.br.

IMPORTÂNCIA RELATIVA DE CARACTERES MORFOLÓGICOS E DE DESENVOLVIMENTO GLADIÓLOS SOB CONDIÇÕES DO CENTRO-OESTE BRASILEIRO

Rafael Benetti;^{1*} Maria Helena Menezes Cordeiro;² Leidiane Santana das Neves;³
Kamilla Ferreira Rezende;³ Celice Alexandre Silva⁴

Os gladiólos são flores de corte conhecidas em todo mundo devido a sua beleza, cultivo em ampla faixa de temperatura e facilidade de condução da cultura. Apesar da existência em todo mundo de mais de 1500 cultivares e da importância econômica para floricultores brasileiros, o melhoramento genético da espécie país ainda é pouco aplicado. O conhecimento dos caracteres que mais contribuem para a variabilidade genética da população a ser melhorada pode viabilizar o sucesso de um programa de melhoramento. Nesse sentido, o objetivo do presente estudo foi determinar os caracteres morfológicos e de desenvolvimento que mais contribuem para a variabilidade genética entre acessos de gladiólos. Os dados de desenvolvimento foram: os dias desde o plantio até o estágio R1 (surgimento da inflorescência), até o estágio R2 (quando é possível verificar a cor da corolas das flores da base da inflorescência) e até o estágio R3 (ponto colheita, quando a flor da base da inflorescência já está aberta). Os caracteres morfológicos avaliados foram: altura e massa fresca da planta; diâmetro e tamanho da inflorescência, número de flores e durabilidade das hastes florais após a colheita. A importância dos caracteres foi estimada pelo método de Singh (1981). As características que mais contribuíram para a variabilidade dos dados foram aquelas relacionadas ao desenvolvimento da planta. Os dias do

plantio ao estágio R2 e até o estágio R3 contribuíram respectivamente com 14,93 e 13,44% da diversidade entre os acessos avaliados. Dentre os caracteres morfológicos o tamanho da inflorescência e o número de flores por inflorescência foram os que mais contribuíram cada um com aproximadamente 12,00 da variação quantificada. As duas primeiras componentes principais explicaram com 80,48% da variação, sendo que a primeira componente absorveu 55,22% dessa variação. Os dados de desenvolvimento da planta foram os que mais contribuíram para a variabilidade dos dados e a primeira componente principal explicou a maior parte da variação observada.

Palavras-chave: Melhoramento de flores; Diversidade; *Gladiolus* spp.

Agradecimento: CNPq, CAPES e FAPEMAT.

1. Mestre em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Goiás. Ipameri-GO, Brasil. *rafbt@yaho.com.br.
2. Pós-Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.
3. Bacharelado em Ciências Biológicas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT, Brasil.
4. Professor do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra - MT, Brasil.

ÍNDICE DE SELEÇÃO EM TRIGO VIA VALORES GENOTÍPICOS

Gabriel Wolter Lima;^{1*} Cleiton Renato Casagrande;² Henrique Caletti Mezzomo;³
Caique Machado e Silva;¹ Diana Jhulia Palheta de Sousa;⁴ Maicon Nardino⁵

Visto a importância da seleção de linhagens em programas de melhoramento de trigo contemplarem uma série de atributos agronômicos, algumas estratégias biométricas visando a seleção simultânea de caracteres podem ser utilizadas. Porém, em sua maioria, as seleções são baseadas em valores fenotípicos, o que pode não ser correspondente ao ganho genético em gerações futuras. Objetivou-se com este trabalho estimar a eficiência do índice de seleção aditivo aplicado sobre valores genotípicos em trigo. O experimento foi conduzido no campo experimental Professor Diogo Alves de Melo da Universidade Federal de Viçosa - UFV, em Viçosa-MG, na safra de inverno 2019, onde foi avaliado um painel com 41 genótipos de trigo tropical sob o delineamento de blocos casualizados. As parcelas foram constituídas em cinco linhas de 5 m de comprimento, 0,20 m entre linhas e densidade populacional de 350 sem m⁻². Os caracteres avaliados foram: dias até a floração (DF, dias), nota de doença (ND, escala de 1 a 5), altura da planta (AP, cm), peso do hectolitro (PH, kg 100 L⁻¹) e rendimento de grãos (RG, kg ha⁻¹). Visando a estimação de valores genotípicos, os dados foram submetidos à análise REML/BLUP e o índice de seleção aditivo foi usado para selecionar 20% dos genótipos mais promissores. No índice aditivo foi realizada a inclusão, conforme a natureza dos caracteres, dos seguintes pesos econômicos: 0,1, 0,3, 0,1, nulo e 0,5 para DF, ND, AP, PH e RG. Houve diferença genotípica significativa ($p < 0,01$) para os caracteres avaliados, o que possibilita a seleção de genótipos superiores. Entre

os genótipos avaliados foram selecionados oito que se destacaram em relação aos demais, sendo estes: CD 1303, TBIO ATON, TBIO PONTEIRO, VI 14774, VI 14864, VI 14867, VI 14668 e VI 14980. Verificou-se o total de ganhos com a seleção (GS) de 44,30%, sendo distribuído em 4,01%, 34,45%, -0,44%, 0,87% e 4,53%, com médias dos genótipos selecionadas de 62,82 dias, 3,81, 85,65 kg 100 L⁻¹, 77,09 cm e 4706,15 kg ha⁻¹ para DF, ND, AP, PH e RG, respectivamente. O índice aditivo proporcionou resultados satisfatórios para a seleção de genótipos mais produtivos, de maior sanidade e menor estatura, porém os genótipos apresentam maior ciclo (evidenciado pelos GS positivos para esse caráter). Portanto, para prosseguimento no programa de melhoramento de trigo da Universidade Federal de Viçosa, foram selecionados os oito genótipos, com relevância para a superioridade dos genótipos VI 14774 e VI 14980. O uso de índices de seleção via valores genotípicos torna-se interessante para a seleção de genótipos superiores de trigo. O uso do índice aditivo é relatado em outras espécies, porém até o momento não foi constatado na literatura seu uso em trigo.

Palavras-chave: *Triticum aestivum* L.; ganhos de seleção; REML/BLUP; seleção simultânea.

Agradecimento: CNPq e CAPES.

1. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *gabrielwolterac11@gmail.com.
2. Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Doutorando em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Mestranda em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
5. Professor do Curso de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

INFLUÊNCIA DE LOCAIS DE CULTIVO E ARMAZENAMENTO NO POTENCIAL FISIOLÓGICO DE SEMENTES DE SOJA DE ORIGEM GENÉTICA

Fabiana Barrionuevo;^{1*} Marcio Andrei Capelin;² Laura Alexandra Madella;³ Maiara Cecilia Panho;³ Ana Cláudia Rosa;³ Giovani Benin⁴

Em programas de melhoramento de soja é de grande importância a escolha de locais para a produção e multiplicação de semente genética e básica. Desta forma, objetivou-se com este trabalho caracterizar um grupo de cultivares de soja, quanto ao potencial fisiológico das sementes produzidas em dois locais discriminantes, bem como caracterizar o potencial de armazenamento em duas condições (câmara fria e barracão). O experimento foi conduzido na safra 2017/18 nas cidades de Abelardo Luz- SC e Medianeira-PR. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com três repetições. A densidade de semeadura utilizada foi de 17 sementes por metro linear. No estágio de maturação fisiológica (R8) foi realizada a colheita, secagem e padronização das amostras que foram armazenadas em câmara fria e barracão. As análises quanto a qualidade fisiológica das sementes (germinação e vigor) foram realizadas a cada 60 dias. Para realização do teste de germinação foi utilizado a metodologia de acordo com a RAS (Regras de Análise de Sementes) e para o vigor foi utilizado a metodologia de envelhecimento acelerado, onde as amostras ficaram acondicionadas por 48 h a 41 °C e depois realizado a montagem dos testes da mesma forma que a germinação. Os dados foram submetidos à Análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5%, com o auxílio do *software* GENES. De acordo com análise de variância, houve diferença significativa para todas as variáveis analisadas. Para os caracteres

germinação e vigor, as sementes produzidas em Abelardo Luz (local com altitude de 760 metros), foram superiores as produzidas em Medianeira (local com altitude de 402 metros). Para a condição de armazenamento, avaliando o caractere germinação, as sementes produzidas em Abelardo Luz não diferiram no armazenamento mantendo uma boa qualidade tanto para câmara fria quanto para barracão. Contudo, as sementes produzidas em Medianeira, comparando as condições de armazenamento, observou-se redução na germinação de 11%, comparando-se câmara fria e barracão, sendo câmara fria a melhor forma de armazenamento para este local. Já para o caractere vigor não foi observado diferenças estatísticas, sendo que para ambos locais de cultivo as sementes armazenadas em câmara fria foram superiores em vigor ao longo do tempo. Conclui-se que os melhores locais para produção de sementes genéticas são ambientes de alta altitude, como citado o município de Abelardo Luz- SC. Se estas forem produzidas em locais de baixa altitude recomenda-se o armazenamento em câmara fria para que as perdas de qualidade fisiológica sejam minimizadas.

Palavras-chave: melhoramento de soja; qualidade fisiológica; ambiente de cultivo.

Agradecimento: CNPQ.

1. Graduanda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco- PR, Brasil. *fabia.w.b@hotmail.com.
2. Doutorando em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco- PR, Brasil.
3. Mestranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco- PR, Brasil.
4. Professor da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco- PR, Brasil.

INVESTIGAÇÃO SOBRE O USO E CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NA REGIÃO LESTE DO MARANHÃO

Letícia Lima Souza;^{1*} Antonia Maria Lima Teixeira;¹ Thaís Viana da Silva;¹ Renata Dourizete Costa Campos;¹ Maria Francisca de Sousa Silva;¹ Gérson do Nascimento Costa²

Os recursos genéticos vegetais são definidos como a fração da biodiversidade que tem previsão de uso atual ou potencial. O objetivo desse estudo foi realizar uma investigação sobre o uso e conservação de recursos genéticos vegetais na região leste do Maranhão. A pesquisa foi realizada em 11 cidades do leste maranhense durante o mês de julho de 2020, através do formulário eletrônico Google Forms, contendo questões abertas e fechadas. Obteve-se uma amostra de 160 pessoas, sendo 61,3% pertencentes ao sexo feminino e 38,7% ao sexo masculino. Dentre o total de entrevistados 80,6% cultivam algum recurso genético vegetal e 19,4% não cultivam. Quanto ao tipo de recurso fitogenético plantado, ocorreram quatro categorias: alimentícia, medicinal, ornamental e pastagem. A maioria dos entrevistados, 24%, citou que cultivava juntamente plantas alimentícias, medicinais e ornamentais. A modalidade agrícola menos praticada pelos entrevistados foi a agricultura intensiva, com 0,8% das respostas, em seguida a agricultura extensiva, com 27,8%. Grande parte, 71,4%, afirma não praticar nenhuma das modalidades anteriormente mencionadas, apenas cultivava em casa algumas plantas. Com relação ao germoplasma utilizado para conservação dos recursos genéticos vegetais, 35,9% dos indivíduos mencionaram que é feita somente através de sementes, sendo esse o mais alto percentual. A segunda posição foi para o uso conjunto de sementes, raízes e ramos, com 19,1%. 67,9% afirmam ainda realizar troca ou doação de germoplasma com outras pessoas e 32,1% não fazem troca ou doação. Quando questionados sobre o conhecimento de algum recurso genético vegetal antes abundante na

região do leste do Maranhão, ou seja, atualmente escasso, 49,4% dos interrogados relataram que não conhece, 6,9% não lembra e 43,7% apontaram uma ou mais espécies. Foram listadas 51 espécies de plantas antes muito recorrentes na região de estudo, sendo as principais o babaçu (*Attalea* spp.) e o bacurizeiro (*Platonia insignis*). Portanto, com base no explanado, nota-se que a população do leste maranhense tem entendimento sobre a grande importância da manutenção de recursos genéticos vegetais sejam eles alimentícios, medicinais, ornamentais, e etc., pois possuem noções básicas sobre o uso e conservação. O elevado índice de prática de cultivo visando principalmente a subsistência, em conjunto com ações de troca ou doação de germoplasma demonstram que acontece uso de forma sustentável da biodiversidade vegetal, além do mais, esses fatores permitem ainda a ocorrência dos processos evolutivos que são de suma importância para a permanência de uma espécie. Vale ainda ressaltar, que maiores estudos devem ser feitos a respeito de tal redução das espécies vegetais citadas, o babaçu (*Attalea* spp.) e o bacurizeiro (*Platonia insignis*), para que as mesmas possam ser mantidas/conservadas na região.

Palavras-chave: agricultura tradicional; germoplasma; sementes; preservação da flora.

Agradecimentos: À Universidade Estadual do Maranhão.

1. Graduandas em Ciências Biológicas - Licenciatura. Universidade Estadual do Maranhão. Maranhão-MA, Brasil. *leticiasouzaema@gmail.com.

2. Professor do Curso de Ciências Biológicas da Universidade Estadual do Maranhão, Coelho Neto – MA, Brasil.

LEVANTAMENTO ETNOBOTÂNICO DA JANAGUBA EM COMUNIDADES MARANHENSES

Matheus Gomes da Costa; Domingos de Conceição de Sousa;¹ Marilha Vieira Brito²*

Introdução: As plantas medicinais são utilizadas pelo homem desde o início de sua história e muito antes do surgimento da escrita a humanidade já se utilizava ervas para fins medicinais. No Brasil, mas especificamente no Nordeste, é grande a ocorrência de plantas medicinais com finalidades terapêuticas. Dentre muitas espécies destaca-se a janaguba, *Himatanthus drasticus*, espécie arbórea pertencente à família Apocynaceae com cerca de 200 gêneros e distribuição marcadamente tropical e subtropical. A realização de estudos etnobotânicos auxiliam na obtenção de conhecimento sobre a espécie, facilitando a proposição e implementação de estratégias de melhoria da qualidade de conservação de recursos genéticos vegetais. **Objetivo:** O objetivo geral deste trabalho é verificar a forma de utilização da espécie janaguba (*H. drasticus*) pelos moradores de algumas cidades do estado do Maranhão. **Material e Métodos:** Para a realização desta pesquisa e o levantamento dos dados entrevistamos moradores das cidades de Codó, Caxias, Duque Bacelar, Afonso Cunha, Buriti, Chapadinha, Coelho Neto e Mata Roma todas cidades do estado do Maranhão totalizando 47 entrevistados. Para o levantamento dos dados optamos pelo método de amostragem por conveniência, o questionário foi criado na plataforma *Microsoft Forms*. O questionário elaborado possuía perguntas abertas e fechadas e ao final do mesmo apresentava o termo de consentimento para assegurar a privacidade do entrevistado. **Resultados:** Observamos durante as análises dos dados que os entrevistados realizam uma crescente pressão extrativista sobre a planta estudada cerca de 80% dos entrevistados mencionaram que retiram matéria-prima da supracitada espécie para produção de garrafadas que são vendi-

das em mercados de fisioterápicos naturais. Perguntamos aos entrevistados em quais enfermidades que os mesmos a utilizavam, cerca de 28% dos entrevistados responderam no tratamento de feridas infeccionadas, 26% no tratamento de furúnculos, 30% febre e 16% no tratamento de vermes intestinais. Os entrevistados mencionaram ainda que o látex que pode ser extraído do tronco desta árvore também pode ser utilizado para o tratamento de luxações pois segundo os entrevistados o produto possui propriedade anti-inflamatória. **Conclusão:** O presente estudo revelou que os entrevistados fazem um amplo uso da janaguba para fins fitoterápicos. Estudos de conscientização devem ser realizados afim de informar os moradores sobre uma utilização sustentável, uma vez que o uso desordenado pode ocasionar o seu desaparecimento como a retirada em excesso do látex que corre no tronco da planta pode ocasionar as vezes a sua morte.

Palavras-chave: consumo; plantas medicinais; questionário.

Agradecimentos: Universidade Estadual do Maranhão, Campus Coelho Neto.

1. Graduando do Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas. Universidade Estadual do Maranhão. Coelho Neto-MA, Brasil. *matheusgomes0408@gmail.com.

2. Doutoranda do Programa de Agronomia. Universidade Federal do Piauí. Teresina-PI, Brasil.

MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS NO CONTROLE DA VESPA DA GALHA: INOVAÇÕES TECNOLÓGICAS

Crislaine Costa Calazans;^{1*} Valdinete Vieira Nunes;¹ Juliana Lopes Souza;²
Fernanda Evangelista de Almeida;³ Renata Silva-Mann⁴

Conhecida como vespa-da-galha, *Leptocybe invasa* (Hymenoptera: Eulophidae: Tetrastichinae) é uma praga nativa da Austrália e com ocorrência no Brasil. Esse inseto tem alta capacidade de dano e taxa reprodutiva, põe ovos nos tecidos das plantas, causando a formação de galhas na nervura das folhas, pecíolos e ramos jovens, levando ao enrolamento e ao envelhecimento prematuro das folhas. Os danos causados por essa praga têm prejudicado a silvicultura brasileira em larga escala, tornando-se essencial a obtenção de informações que permitam o estabelecimento de estratégias de controle apropriadas para redução de perdas no setor florestal. Existem diferentes métodos aplicados no controle da *L. invasa*, como o uso de armadilhas, defensivos e controle biológico. Entretanto, a baixa eficiência, o alto custo de implantação e a necessidade de acompanhamento técnico tornam essas alternativas insuficientes. A resistência genética é uma estratégia de controle de insetos praga amplamente conhecida e pode ser uma alternativa promissora. Entretanto, em relação a tecnologias patenteadas voltadas para o controle da praga, *L. invasa*, são necessários estudos para conhecimento de aplicações na engenharia genética para o desenvolvimento de plantas resistentes. Dessa forma, esse trabalho teve como objetivo prospectar inovações tecnológicas voltadas para o melhoramento genético de plantas visando resistência à vespa da galha. Para isso, foram levantados dados de patentes por meio da plataforma de inteligência *Orbit Intelligence* desenvolvido pela *Questel Academy*. Utilizou-se a opção de busca avançada e o boleano *Leptocybe invasa* OR *gall wasp* AND *gene expression*. Foram considerados os do-

cumentos que apresentavam esses termos no título, resumo, reivindicações e descrição. Todos os dados foram levantados em julho de 2020. Foi identificado um total de 27 tecnologias patenteadas. Dessas, 12 patentes concedidas, nove pendentes, quatro caducas e duas expiradas. Todos os depósitos foram realizados durante os últimos nove anos. A Índia (11) foi o país detentor de mais tecnologias, seguida do Brasil (9), Estados Unidos (4) e Canadá (3). Foram identificadas oito áreas de domínio tecnológico, conforme a Classificação Internacional de Patentes. Entretanto, 21 depósitos referem-se a biocidas, repelentes ou atrativos de pragas ou reguladores de crescimento de plantas contendo micro-organismos (A01N-063/02, A01N-037/46, A01N-063/00, A01N-043/56 e A01N-043/90). Apenas quatro documentos envolvem a mutação ou engenharia genética, para células vegetais, DNA ou RNA referente à engenharia genética. Ácidos nucleicos não codificadores que modulam a expressão de genes foram encontrados em duas (C12N-015/82 e C12N-015/113). E outras duas patentes foram relacionadas a reprodução de plantas por técnicas de cultura de tecidos (C12N-005/10). Portanto, verifica-se o potencial no desenvolvimento de estudos para a obtenção de novas tecnologias voltadas para o desenvolvimento de produtos biotecnológicos visando o controle à vespa da galha.

Palavras-chave: controle de pragas; modificações de genes; prospecção.

Agradecimento: CAPES e CNPq.

1. Doutoranda em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil. *crislainecalazans@academico.ufs.br.
2. Doutora em Agricultura e Biodiversidade. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.
3. Graduanda em Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.
4. Professora do Departamento de Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Sergipe-SE, Brasil.

MORFOGÊNESE *IN VITRO* DE *PASSIFLORA OVALIS* E *PASSIFLORA CONTRACTA*

Aline dos Santos Bergamin;^{1*} Cristiana Torres Leite;² Milene Miranda Praça Fontes³

O gênero *Passiflora* L. é composto por mais de 560 espécies sendo considerado o mais representativo da família Passifloraceae Roussel (Krosnick *et al.*, 2013). O Brasil é um dos países que possui a maior riqueza de *Passifloras*, sendo muitas dessas espécies pouco estudadas em termos de propagação *in vitro*. *Passiflora contracta* Vitta e *Passiflora ovalis* Vell. Ex M.Roem. são espécies restritas à Floresta Atlântica do Brasil e foram separadas em duas unidades taxonômicas distintas, baseadas em diferentes caracteres morfológicos e por sua distribuição geográfica distinta. O desenvolvimento de estratégias para conservação de espécies de *Passiflora* L. *in vitro* é fundamental, devido sua relevância econômica, ecológica e da suscetibilidade ao risco de extinção. Nesse sentido, ferramentas da cultura de tecidos *in vitro* vêm sendo empregadas com a finalidade de estabelecer protocolos de propagação de plantas. O objetivo deste trabalho, foi avaliar o potencial embriogênico de *P. contracta* e *P. ovalis* em diferentes meios de cultura. O experimento foi realizado no Laboratório de Citogenética e Cultura de tecidos Vegetais da UFES. Para indução da embriogênese somática indireta foram utilizadas sementes de *P. contracta* coletadas na cidade de Prado – BA e *P. ovalis* coletadas na cidade de Itaúnas – ES. As sementes sem o tegumento foram desinfestadas e inoculadas nos meios de indução da calogênese: MS, MS com metade das concentrações de sais e MS suplementado com 4,44 µm de benzilaminopurina (BAP) e 9,1 µm de ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D). Aos 20 dias foi possível observar os primeiros sinais de calos em *P. ovalis* e em *P. contracta* no meio MS suplementado

com BAP e 2,4-D. Nos meios MS e MS com metade das concentrações de sais foi observada apenas a germinação dos explantes de *P. contracta*. Após 32 dias os calos formados foram transferidos para o meio de regeneração e estes progrediram no seu desenvolvimento. No entanto, não houve a regeneração de embriões somáticos e nem a formação de plântulas nos meios de cultura testados *in vitro*, ou seja, os tratamentos utilizados neste experimento não foram eficientes para estabelecer uma nova rota morfogênica para permitir a conversão em embriões somáticos.

Palavras-chave: calogênese; conservação de passifloras; propagação.

Agradecimento: CAPES, CNPQ, FAPES.

-
1. Graduada em Agronomia. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre- ES, Brasil. *alinebergamin258@hotmail.com.
 2. Doutoranda em Genética e Melhoramento. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre- ES, Brasil.
 3. Professora. Universidade Federal do Espírito Santo. Alegre- ES, Brasil.

NÍVEL DE PLOIDIA EM GENÓTIPOS DE VINCA (*CATHARANTHUS ROSEUS* (L.) G. DON.) COM TAMANHOS DE FOLHA CONTRASTANTES

Vivian Torres Bandeira Tupper;^{1*} Tatiana de Oliveira Pinto;² Gustavo Torres dos Santos Amorim;³
Ana Rafaela Oliveira de Jesus dos Anjos;¹ Pedro Corrêa Damasceno Júnior^{4**}

A espécie vinca (*Catharanthus roseus* (L.) G. Don), pertencente a família Apocynaceae, é fonte de importantes alcalóides utilizados no tratamento do câncer em humanos, entre eles a vincristina e a vimblastina. Por ocorrerem em baixas concentrações nas plantas de vinca, a Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro tem implementado um programa de melhoramento da espécie que visa a identificação de genótipos superiores em relação a produção de vincristina e vimblastina. Porém, para um correto direcionamento dos cruzamentos entre os genótipos de interesse, a análise do cariótipo se faz necessária, visto que vários genótipos apresentam características contrastantes que podem ser devidas a diferentes níveis de ploidia. Entre estas, citam-se o tamanho distinto de folhas. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi analisar o cariótipo de dois genótipos de vinca (*Catharanthus roseus* (L.) G. Don) com tamanhos de folha contrastantes. Para tal, identificaram-se dois genótipos de vinca com tamanhos de folha medindo entre 3,8 – 4,7 cm e 8,0 e 8,5 cm, respectivamente, codificados por UFRRJ VIN056 e UFRRJ VIN057, pertencentes a Coleção de Germoplasma da UFRRJ. Botões florais destes genótipos foram coletados e fixados em Carnoy. No Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas (LabCitoBiomol) do Departamento de Fitotecnia da UFRRJ, os referidos botões foram dissecados para retirada das anteras. Em seguida, as 25 anteras de cada genótipo foram submetidas a digestão enzimática com pectinase a 2% e celulase a 2% por 3h30. Após a digestão, estas foram depositadas em tubos eppendorf contendo o mix enzimático e centrifugadas a 12.000 rpm.

Após 3 centrifugações, o material resultante foi ressuspensionado em Carnoy (3:1) para obtenção final dos protoplastos. Com o auxílio de uma micropipeta, 1,0ml da solução de cada tubo foi depositada em lâmina de microscópio. Após secagem ao ar, o conjunto lâmina/lamínula foi montado e observado sob microscópio ótico (Olympus BX43, USA). Imagens de alta-resolução contendo metáfases I com cromossomos espalhados foram capturadas em câmera digital (3.3 MPixel Qcolor3C), utilizando o *software* de captura Image-Pro Plus versão 5.1 (Media Cybernetics). Os cromossomos foram analisados no *software* MicroMesuare, versão 3.3, e seus cromossomos classificados quanto a posição do centrômero. Em seguida, foram organizados o cariograma e o ideograma dos genótipos analisados. Ao todo foram analisadas cinco placas metafásicas (metáfase I) por genótipo. Os resultados indicaram que os dois genótipos foram diplóides com $2n = 2x = 16$ cromossomos. No cariograma, identificaram-se que os pares 1, 4, 5 e 8 foram metacêntricos, 2, 3, 6 e 7 foram submetacêntricos em ambos os genótipos. Diante dos resultados, e com base nos genótipos analisados, pode-se concluir que o tamanho de folha distinto entre os genótipos de vinca não é resultado de níveis de ploidia diferentes na espécie.

Palavras-chave: Citogenética; melhoramento de plantas; cromossomos; meiose.

Agradecimentos: CNPq, URFFJ, LabCitoBiomol.

1. Graduanda em Agronomia. Lab. Citogenética e Biologia Molecular de Plantas; Departamento de Fitotecnia. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Seropédica-RJ, Brasil. *vivianbandeira@live.com.
2. Doutora em Fitotecnia. Lab. Citogenética e Biologia Molecular de Plantas. Departamento de Fitotecnia. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Seropédica-RJ, Brasil.
3. Doutorando, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia. Lab. Citogenética e Biologia Molecular de Plantas; Departamento de Fitotecnia. Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Seropédica-RJ, Brasil.
4. Professor. Departamento de Fitotecnia. Lab. Citogenética e Biologia Molecular de Plantas; Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Seropédica-RJ, Brasil. **damascenjunior2009@gmail.com.

OTIMIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DE *CATTLEYA COCCINEA* PARA *CATTLEYA LUETZELBURGII*

Maryelle Vanilla de Abreu Cerqueira;^{1*} André Pinto Lima;² Cassio van den Berg³

A Chapada Diamantina é considerada um ambiente com rico campo rupestre, onde há grande diversidade florística. Entre as espécies encontradas, *Cattleya luetzelburgii* Van den Berg destaca-se como a única com flores de tonalidade amarela do gênero encontrada na região e pouco se conhece sobre a sua diversidade genética. Entretanto, é possível observar variabilidade morfológica nas estruturas florais. Pesquisas moleculares podem gerar informações relevantes para a taxonomia, ecologia e evolução da espécie de interesse, desta forma, contribuindo para o desenvolvimento de pesquisas relacionadas à expansão e conservação da flora neotropical do Nordeste brasileiro. Entre os estudos de genética populacional, os marcadores microssatélites destacam-se por sua eficiência e variabilidade, uma vez que possuem potencial de transferibilidade entre espécies filogeneticamente próximas. Nesse contexto, o objetivo com este trabalho foi otimizar a amplificação de *primers* utilizados em *Cattleya coccinea* Lindl. e utilizá-los em *C. luetzelburgii*. Os testes foram realizados no Laboratório de Sistemática Molecular de Plantas (LAMOL), na Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), utilizando amostras de duas populações de *C. luetzelburgii* disponíveis no Bando de DNA do laboratório. Foram testados nove locos de microssatélites por meio de *Polymerase Chain Reaction* (PCRs), com volume final de 10 µL por programa, seguindo o seguinte padrão: 1 µL de DNA, 5 mL de Top Taq Master Mix (Qiagen), 2 µL de aditivo TBT, 0,13 µL de *primer forward*, 0,13 µL de cauda M13, 0,26 µL de *primer reverse* e completando-se o valor com água ultra purificada. Foram realizadas otimizações nos protocolos disponí-

veis no laboratório, ajustando-se a temperatura de anelamento e verificando-se o resultado das amplificações em eletroforese, com gel de agarose a 1,2%. Dos nove *primers* testados, obteve-se boa amplificação para seis (66,6%), nos quais as temperaturas otimizadas variaram de 53°C a 54°C e foram obtidos fragmentos entre 173 a 224 no tamanho de pares (pb). Os *primers* selecionados foram: Cac02, Cac08, Cac09, Cac10, Cac11 e Cac18, ambos com padrão de bandas satisfatório. Com estes resultados preliminares, pode-se inferir que os marcadores microssatélites são bastante promissores, apresentando bons percentuais de amplificação para a espécie, e podem ser utilizados para montagem de painéis para futura genotipagem de populações e para o desenvolvimento de estudos de genética da conservação da Chapada Diamantina.

Palavras-chave: Chapada Diamantina; diversidade genética; transferibilidade de microssatélites; Orchidaceae.

Agradecimentos: FAPESB; LAMOL-UEFS

1. Graduanda do curso de Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana-BA, Brasil. *maryellevanilla@gmail.com.
2. Graduando do curso de Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana-BA, Brasil.
3. Professor do departamento de Ciências Biológicas da Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana- BA.

OTIMIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM *CATTLEYA PFISTERI* (PABST & SENGHAS) VAN DEN BERG TRANSFERIDOS DE *C. COCCINEA*

André Pinto Lima;^{1*} Maryelle Vanilla de Abreu Cerqueira;² Cassio van den Berg³

A exploração humana tem causado grande impacto sobre todos os ecossistemas ambientais, de modo que está diminuindo e fragmentando populações de plantas. Todas as formas de vida estão sujeitas a degradação causada pelo homem, de maneira que alguns grupos de plantas são mais expostos, quando se observa a sua redução da população. Assim, a família Orchidaceae, que é composta por espécies de alto valor ornamental e com muitas espécies raras, são visadas e com alto grau de coleta predatória. Desta forma várias espécies de orquídeas estão em listas de espécies em extinção. *Cattleya pfisteri* tem distribuição endêmica da Chapada Diamantina, Bahia. Os marcadores microssatélites ou SSR (*simple sequence repeat*) são marcadores que possuem alta variabilidade alélica e podem ser transferidos em espécies com um grau próximo de parentesco filogenético, considerando que a prospecção destes marcadores diretamente a partir do genoma é cara e demorada. Com isso a transferência estes marcadores são mais frequentes quando essas regiões se encontram altamente conservadas entre estas espécies de um mesmo gênero. Este trabalho tem o objetivo de testar a transferibilidade de nove marcadores SSRs de *Cattleya coccinea* em *C. pfisteri*. As amostras extraídas de duas populações de *C. pfisteri* estavam disponíveis no Banco de DNA do Laboratório de Sistemática Molecular Vegetal (LAMOL) da Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS). No total foram utilizados nove locos de microssatélites. Para a amplificação dos fragmentos de DNA foi utilizado um termociclador

testando diferentes temperaturas de anelamento dos *primers*. A reação da PCR (*Polymerase Chain Reaction*) foi composta por 5 µL de *Top Taq Master Mix* (Qiagen)[®], 2 µL de TBT, 1,48 µL água ultra purificada, 1 µL de DNA, 0,26 µL de *primer reverse*, 0,13 µL de *primer forward* e 0,13 µL cauda M13 marcada com fluoróforo, totalizando 10 µL a reação. Os resultados das amplificações das reações foram visualizados em gel de agarose a 1,2%. Dos marcadores testados, sete apresentaram amplificação, portanto com sucesso de 77,7% dos *primers* otimizados, e as temperaturas para as amplificações ficaram entre 51 °C a 54 °C. Os fragmentos obtidos apresentaram tamanhos variando entre 173 a 278 pares de bases (pb). Dentre os *primers* amplificados três locos apresentaram bandas de melhor qualidade que se destacaram, sendo eles o CaC05, CaC08 e CaC16. A alta taxa de amplificação confirma que estas espécies de orquídeas são filogeneticamente próximas. Conclui-se com estes resultados parciais que a transferência de *primers* marcadores de SSRs de *Cattleya coccinea* para *C. pfisteri* pode ser feita com elevada taxa de sucesso, e tem grande potencial para estudos populacionais na espécie visando promover estratégias para a sua conservação.

Palavras-chave: espécies endêmicas; orquídea; marcadores de repetição de sequência simples; diversidade genética.

Agradecimentos: CNPq, LAMOL-UEFS.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil* andre8fs@hotmail.com.
2. Graduanda em Agronomia. Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana-BA, Brasil.
3. Professor do departamento de Ciências Biológicas da Universidade Estadual de Feira de Santana. Feira de Santana- BA.

PARÂMETROS FENOLÓGICOS E DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE SORGO GRANÍFERO NO SEMIÁRIDO SERGIPANO

Alisson de Menezes Santos;^{1*} Alex Florentino Silva;¹ Barbara Nascimento Santos;¹ Eduarda Santos Silveira;¹ Paula Cristina Ferreira Bispo;¹ Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira²

A cultura do sorgo (*Sorghum bicolor* L) vem se destacando mundialmente ao longo dos anos devido sua adaptabilidade às adversidades de diferentes ambientes e suas diversas utilidades, se tornando assim uma alternativa viável e rentável para os agricultores, complementando e substituindo a ração animal. No Brasil a utilização do sorgo forrageiro já vem sendo praticada efetivamente e com ótimos resultados, abrindo espaço para possibilidade de contribuir ainda para agricultura com a utilização do sorgo granífero. O presente trabalho objetiva selecionar genótipos superiores e identificar a divergência genética de sorgo granífero no semiárido do estado de Sergipe. O experimento ocorreu na fazenda experimental da Embrapa Semiárido em Nossa Senhora da Glória – SE, onde foram avaliados 25 genótipos em três repetições totalizando 75 parcelas dos tratamentos experimentais, utilizando o delineamento em blocos casualizados (DBC). Foram avaliados diâmetro de colmo (DC), altura da planta (ALT), stand final (SF), peso de mil grãos (PMIL) e peso dos grãos da parcela (PG). Os dados obtidos a partir destas variáveis foram submetido às análises estatísticas com o auxílio dos *softwares* Genes e R. A análise de variância revelou um coeficiente de variação dentro dos limites aceitáveis, indicando a eficiência experimental e confiabilidade na média, o teste F mostrou significância para as variáveis ALT, PG, à 1% e SF à 5%. Estas variáveis são características de suma importância dentro do programa de melhoramento, pois garantem a seleção de genitores superiores e produtivos para a região do semiárido. No teste de média foi utilizado o método de Tukey. Para a

variável ALT, o genótipo 1718028 apresentou a maior média com 157,81 (cm). Com relação a PG, o genótipo 1720052 apresentou superioridade com 466,93 (g) mostrando potencialidade para cultivo na região. Para a variável SF o genótipo que apresentou a melhor média foi o 1716041, com 131,66 plantas por parcela. Esta representação possui grande importância no processo de melhoramento, mas para evitar cruzamentos indesejados, que venham a refletir em depressão por endogamia, teve por base um dendrograma em agrupamento hierárquico, utilizando a distância de mahalanobis, caracterizando a divergência genética presente, onde se formou 3 grupos divergentes, com base nestes é possível indicar os cruzamento dos genótipo 1718028 com 1720052, e do genótipo 1716041 com 1720052 por estarem posicionados em grupos distintos e se apresentarem com altas médias e bons desempenhos com relação as variáveis avaliadas. Estes cruzamentos possibilitam a formação de populações altamente segregantes para inclusão em programas de melhoramento, e posteriormente o lançamento de novas variedades de sorgo granífero indicados para a região.

Palavras-chave: semiárido; melhoramento genético; divergência genética.

Agradecimento: Embrapa Semiárido; Embrapa Milho e Sorgo; Grupo de Estudo em Melhoramento Vegetal do Semiárido; Campus do Sertão – Universidade Federal de Sergipe – UFS.

1. Graduando(a) em Engenharia Agrônoma. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil.
*alissonmenezes1003@gmail.com.

2. Professor do Núcleo de Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Sergipe. Nossa Senhora da Glória – SE, Brasil.

PARÂMETROS GENÉTICOS DE CEVADA IRRIGADA NO CERRADO DO DISTRITO FEDERAL

Igor Alencar de Carvalho;^{1*} Rodolfo Dias Thomé;^{**} Felipe Augusto Alves Brige;^{***} Samara Dias Rocha Ramos;^{****} Pedro Ivo Aquino Leite Sala;^{*****} Renato Fernando Amabile;^{2*}

A cevada, já com mais de 30 anos consecutivos de plantio no Cerrado, vem demonstrando adaptação às condições edafoclimáticas da região e pode ser incorporada ao sistema irrigado de produção, sendo mais uma alternativa de plantio no inverno. A baixa disponibilidade de cultivares adaptadas às condições irrigadas do Cerrado é um importante fator limitante para a inserção dessa cultura como opção aos produtores da região. Neste trabalho, objetivou-se avaliar genótipos de cevada irrigada com base em características agronômicas. O experimento foi conduzido de maio a setembro de 2017, na Embrapa Centro de Inovações e Negócios, no Distrito Federal, utilizando um delineamento experimental de Blocos ao Acaso com quatro repetições. Avaliou-se o rendimento de grãos, classificação comercial de grãos de primeira, peso de mil sementes, altura de plantas, acamamento e ciclo de espigamento. Os dados obtidos foram analisados com o auxílio do programa Genes. Foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. Foram observadas diferenças significativas entre os acessos para todas as características avaliadas. Dos 32 genótipos avaliados, sete destacaram-se em relação ao rendimento de grãos (MEX 9113, MEX 9017, BRS 180, MEX 9001, MEX 9122, CEV 417 e MEX 9132) apresentaram valores superior a 11.000 kg ha⁻¹. Dentre esses, os genótipos MEX 9113, MEX 9001, MEX 9122 e CEV 417 não acamaram, e o MEX 9001 foi considerado de ciclo precoce, vantagem competitiva para as condições irrigadas. A herdabilidade em sentido am-

plo foi superior a 99,71% para rendimento, e o CVR foi superior a uma unidade, indicando que métodos simples de seleção podem ser eficientes na seleção de rendimento. O mesmo ocorreu para classificação comercial de grãos de primeira, peso de mil sementes e ciclo. Conclui-se que os genótipos avaliados mostraram-se adaptados às condições irrigadas do Cerrado.

Palavras-chave: *Hordeum vulgare* L.; melhoramento genético; irrigação; diversidade genética.

1. Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Veterinária, Brasília, DF, e-mail: *igor239.carvalho@gmail.com, **dolfoagroplanufv@gmail.com, ***felipebrige@gmail.com, ****diasrochamoss@gmail.com, *****pedroivo.sala@gail.com.
2. Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, 73301-970 Planaltina, DF. *renato.amabile@embrapa.br.

PERFIL DOS PRODUTORES QUE REALIZAM CONSERVAÇÃO *ON FARM* DE VARIEDADES DE FEIJÃO COMUM EM COELHO NETO, MARANHÃO

Michelle dos Santos Nascimento;^{1*} Maria Santa de Sousa Silva;¹ Vanessa de Araújo Sousa;¹ Denilson Lopes;¹ Gérson do Nascimento Costa;² José Ribamar de Assunção Filho³

Os recursos genéticos vegetais são considerados um patrimônio da humanidade e de valor incalculável e a sua perda é um processo irreversível. O novo modelo de produção agrícola tem ameaçado a conservação de tais recursos e, considerando essa realidade, muitas estratégias de conservação têm sido buscadas, dentre elas se destaca a conservação *on farm* que não é baseada somente na preservação do germoplasma existente, mas nas condições que permitem ao longo do tempo o desenvolvimento de variedades landraces de tal germoplasma e ficando para as comunidades tradicionais o papel fundamental de manter e amplificar a variabilidade genética. Este estudo teve como objetivo caracterizar o perfil dos produtores que realizam conservação *on farm* de variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) em Coelho Neto, Maranhão. A coleta dos dados foi realizada na cidade de Coelho Neto – MA, no período de agosto a outubro de 2017, com a aplicação de um questionário socioeconômico com 18 perguntas aos agricultores locais. Os questionamentos foram em relação aos seguintes aspectos: tamanho da área plantada, número culturas plantadas, variedades de feijões cultivados, origem das sementes, estratégias de conservação e comercialização. Os resultados mostram que 85% dos produtores plantam em uma área menor que 2 hectares e 84% responderam que plantam mais de três culturas sendo estas: arroz, mandioca, milho e feijão; 11% plantam feijão

e milho; 5% plantam arroz, milho e feijão. Em relação aos diferentes tipos de feijão cultivados, 47% responderam que plantam apenas um tipo de feijão; 37% plantam dois tipos e 16% plantam três tipos. Quanto a origem da semente plantada, 95% dos entrevistados responderam que guardam sementes do ano anterior para o próximo plantio e apenas 5% compram sementes anualmente. Quanto à percentagem da colheita comercializada, 90% dos agricultores responderam que 0% a 20% de seu plantio é comercializado; 5% comercializam cerca de 20% a 50% de sua colheita e outros 5% comercializam entre 50% a 100% da produção. O tamanho da área plantada influenciou diretamente na diversidade das culturas cultivadas, e o uso de sementes armazenadas pelos agricultores ao longo de anos, que define conservação *on farm*, possibilita a conservação dos recursos genéticos de feijão comum e ainda oferece segurança para a cultura em um eventual estreitamento da base genética das cultivares atuais.

Palavras-chave: Conservação *on farm*; Coleta; Diversidade Genética.

Agradecimentos: À Universidade Estadual do Maranhão.

1. Graduando em Ciências Biológicas - Licenciatura. Universidade Estadual do Maranhão. Coelho Neto – MA, Brasil. *michellebiouema@gmail.com.
2. Professor da Universidade Estadual do Maranhão, Coelho Neto – MA, Brasil.
3. Professor da Universidade Federal do Piauí, Floriano – PI, Brasil.

POLIETILENOGLICOL COMO INDUTOR DE DÉFICIT HÍDRICO NO SCREENING DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI

Vanessa Silva Romanoski;^{1*} Adérico Júnior Badaró Pimentel;² Paulo Roberto de Moura Souza Filho²

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) é amplamente cultivado no Norte e Nordeste do Brasil e constitui um alimento básico para a população dessas regiões. Apesar da extensa área cultivada, a produtividade de grãos é baixa devido à restrição hídrica. O cultivo de linhagens tolerantes é uma alternativa para mitigar os efeitos estressantes. A intensidade, duração e época de ocorrência do déficit hídrico influenciam diretamente na resposta de cada cultivar. Objetivou-se avaliar a resposta de genótipos de feijão-caupi ao déficit hídrico induzido por Polietilenoglicol (PEG), nas fases de germinação e emergência. Foram conduzidos dois experimentos em esquema fatorial 10x4, sendo 10 genótipos (BRS Aracê, BRS Cauamé, BRS Guariba, BRS Itaim, BRS Pajeú, BRS Tumucumaque, BRS Xiquexique, Pingo de Ouro, Roxão e Rajado) e quatro níveis de estresse induzido por solução de PEG 6000 nas concentrações de 0,0; -0,4; -0,8 e -1,2 MPa. Os tratamentos foram dispostos em Delineamento em Blocos Casualizados, com três repetições. Na fase de germinação a parcela foi constituída por um recipiente com capacidade para 170 mL, onde foram acondicionadas 10 sementes entre discos de papel filtro. Em cada recipiente foram adicionados 7 mL de água destilada ou solução de PEG e em seguida acondicionado em câmara de germinação tipo B.O.D., a 25 ± 1 °C. A porcentagem de germinação foi avaliada o quarto dia após a semeadura, considerando como germinada a semente que apresentou protrusão radicular mínima de 3 mm. Na fase de emergência a parcela foi constituída por um recipiente plástico (18x11x3,5 cm) preenchido com areia lavada. Em cada parcela foram semeadas 10 sementes e em seguida adicionada água destilada ou solução de PEG na concentração corres-

ponde a cada nível de estresse. Feito isso, as parcelas foram mantidas em sala com temperatura controlada em 25 ± 1 °C e fotoperíodo de 12 horas. Oito dias após a semeadura, foi determinada a porcentagem de emergência, considerando como emergidas plântulas com folhas cotiledonares visíveis. No tratamento controle, a porcentagem de germinação variou de 93 a 100% e no nível de -0,4 MPa entre 7 e 73%. Já no nível de -0,8 MPa apenas as cultivares BRS Cauamé e BRS Tumucumaque germinaram, com valores muito baixos (3%), e no nível de -1,2 MPa não houve germinação. Na fase de emergência, os efeitos foram severos a ponto de não haver emergência de plântulas nas parcelas com solução de PEG, independentemente do genótipo. Nas parcelas correspondentes ao controle a emergência variou entre 27 e 97%. Conclui-se que os níveis de estresse utilizados foram severos e há necessidade de ajustes para que o polietilenoglicol seja utilizado na cultura do feijão-caupi. Esses ajustes abrangem a determinação do potencial osmótico a ser utilizado para favorecer o *screening*, bem como a interação entre indutor e substrato.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; melhoramento de genético; estresse abiótico.

Agradecimento: CNPq.

1. Mestranda em Produção Vegetal. Universidade Federal do Paraná. Curitiba - PR, Brasil. *vanessaromanoski@ufpr.br.

2. Professor do Centro Multidisciplinar de Barra. Universidade Federal do Oeste da Bahia. Barra - BA, Brasil.

PRODUTIVIDADE DE CULTIVARES E POPULAÇÕES AVANÇADAS DE CEBOLA CULTIVADAS EM ITUPORANGA-SC SEM A APLICAÇÃO DE FUNGICIDAS

Daniel Pedrosa Alves;^{1*} Gerson Henrique Wamser;¹ Candida Elisa Manfio;¹
Edivânio Rodrigues de Araújo;¹ Fábio Satoshi Higashikawa¹

A cebola, *Allium cepa* L., é a hortaliça de maior importância econômica e social para o Alto Vale do Itajaí, Santa Catarina, sobretudo quando se considera a cidade de Ituporanga e municípios limítrofes, que juntos são responsáveis por a 22% do total de área plantada com a cultura no Brasil. Com o objetivo de dar suporte à cebolicultura catarinense, a Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri) criou em 1984, na cidade de Ituporanga, uma estação Experimental cujo principal foco é a cultura da cebola. Desde então, a Epagri disponibiliza aos agricultores, por meio de seu programa de melhoramento, diversos cultivares de cebola adaptados à região. Uma das etapas finais do processo de desenvolvimento de novos cultivares de cebola é a avaliação comparativa das populações avançadas frente aos atuais cultivares existentes no mercado nos diversos ambientes possíveis. A avaliação de cultivares de cebola em ambientes sem a utilização de agroquímicos para controle de doença é bastante eficiente para destacar aqueles germoplasmas mais rústicos e resistentes às doenças. O objetivo do presente trabalho foi avaliar quatro populações avançadas, quatro cultivares comerciais de polinização livre e dois híbridos comerciais de cebola em Ituporanga-SC na ausência de agroquímicos e agrupa-los quanto à produtividade. O trabalho foi realizado em 2018 na Estação Experimental da Epagri de Ituporanga que fica a 475m de altitude. O experimento foi delineado em blocos inteiramente casualizados com três repetições. O experimento foi conduzido sem a aplicação de agroquímicos para o controle de doenças foliares,

sendo utilizado somente adubos químicos e herbicidas. As parcelas foram colhidas de acordo com a maturação natural das plantas (estalo) e após a cura foi realizada a pesagem e classificação dos bulbos. Para separação dos cultivares quanto à produtividade comercial foi realizado o agrupamento de médias de Scott-Knott com a utilização do aplicativo computacional GENES®. O agrupamento permitiu a separação de três grupos, sendo que no grupo de maior produtividade (19,12 - 21,10 t.ha⁻¹) foi composto por um cultivar comercial, SCS379 Robusta, e uma população avançada, Bola-Agro. No grupo menos produtivo (7,45 - 10,02 t.ha⁻¹) ficaram uma população avançada, cruzamento10, e um híbrido comercial, Rio das Antas. Esses resultados demonstram que a população avançada Bola-Agro tem grande potencial para ser lançada como nova cultivar e recomendada para agricultores que fazem pouca utilização de insumos ou agricultores orgânicos.

Palavras-chave: *Allium cepa*; resistência; germoplasma; competição de cultivares.

Agradecimento: CNPQ.

1. Pesquisadores da Epagri – Estação Experimental de Ituporanga Santa Catarina, Brasil. *danielalves@epagri.sc.gov.br.

PRODUTIVIDADE DO FEIJÃO-COMUM TRATADO COM MICRORGANISMOS MULTIFUNCIONAIS

Cássia Cristina Rezende;^{1*} Laylla Luanna de Mello Frasca;² Mariana Aguiar Silva;² Anna Cristina Lanna;³ Marta Cristina Corsi de Filippi;³ Adriano Stephan Nascente³

O feijão-comum é uma das principais culturas no Brasil, apresentando uma área cultivada de 2,9 milhões de hectares na safra 2018/2019. Diante da importância dessa cultura, estratégias sustentáveis são demandadas para atender à demanda crescente por esse alimento. Diante disto, destaca-se os microrganismos multifuncionais (MM), representado por rizobactérias e fungos. Estes microrganismos podem proporcionar efeitos benéficos nas plantas por meio de mecanismos diretos e indiretos, e possuem características que os habilitam a desempenhar mais de uma atividade benéfica, quando em interação com o hospedeiro. Atualmente, a co-inoculação, ou seja, o uso em conjunto de dois ou mais microrganismos multifuncionais, podem ter efeito sinérgico potencializando o crescimento e desenvolvimento das plantas em relação ao uso de microrganismos isolados. O estudo objetivou determinar o efeito de microrganismos multifuncionais, na produtividade de grãos do feijão-comum, cultivar BRS Uai. Utilizou-se o delineamento experimental inteiramente ao acaso com vinte e seis tratamentos e três repetições. Os tratamentos consistiram da aplicação de microrganismos multifuncionais e suas combinações em pares, sendo nove isolados de rizobactérias BRM 32109, BRM 32110 e 1301 (*Bacillus* sp.), BRM 32111 e BRM 32112 (*Pseudomonas* sp.), BRM 32113 (*Burkholderia* sp.), BRM 32114 (*Serratia* sp.), 1381 (*Azospirillum* sp.) e Ab-V5 (*Azospirillum brasiliense*), e um isolado de fungo do solo T-26 (*Trichoderma* sp.), em três momentos diferentes: 1. microbiolização

das sementes, 2. rega no solo (7 dias após o plantio) e 3. pulverização nas plantas (21 dias após o plantio). Além do tratamento controle, sem o uso de microrganismos. Os isolados 1301 e T-26, além das combinações Ab-V5 + T-26, BRM 32114 + BRM 32110 e 1381 + T-26 foram os tratamentos destaques, uma vez que proporcionaram aumento de 36,5% no rendimento de grãos de plantas de feijão-comum, comparativamente, às plantas do tratamento controle. Nossos resultados permitem inferir que os microrganismos multifuncionais são promissores para serem utilizados nos sistemas agrícolas. Para validar esses resultados, torna-se necessário a realização de estudos para investigar processos fisiológicos adicionais, associados à interação microrganismos multifuncionais x plantas de feijão-comum, bem como a produtividade da cultura em condições de campo.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; rizobactérias; fungo; produtividade.

Agradecimento: EMBRAPA; CAPES; CNPQ.

1. Mestranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *cassiacristinarezende@hotmail.com.
2. Doutorandas em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
3. Pesquisadores. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

PROGRESSO GENÉTICO EM CARACTERES AGRONÔMICOS DE SOJA

Maiara Cecilia Panho;^{1*} Laura Alexandra Madella;¹ Ana Cláudia Rosa;¹ Fabiana Barrinouevo;²
Marcio Andrei Capelin;³ Giovani Benin⁴

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a cultura de maior importância econômica no mundo. Sua produtividade vem aumentando ao longo dos anos, resultado de melhorias no manejo e de cultivares mais produtivas lançadas pelos programas de melhoramento genético. Estimar o progresso genético auxilia programas de melhoramento a mensurar seus ganhos ao longo dos anos, apontar estratégias de seleção mais eficientes e prever sobre o seu sucesso. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o ganho genético de caracteres agronômicos de soja lançadas entre 1965 a 2011. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – *Campus* Pato Branco na safra 2017/18. Foram avaliadas 29 cultivares de soja lançadas entre os anos de 1965 a 2011. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizado com três repetições. No estádio de maturação plena (R8) foram coletadas dez plantas por parcela e avaliadas quanto aos caracteres: índice de acamamento (IA), estatura de planta (EP), altura de inserção de primeira vagem (AIPV), número de nós por planta (NNP), número de ramos por planta (NRP), número de vagens por planta (NVP), peso de mil grãos (PMG), número de grãos por vagem (NGV), índice de colheita (IC) e rendimento de grãos (RG). O ganho genético para cada caractere foi calculado via análise de regressão linear simples, onde o valor que acompanha β_1 possibilita identificar o ganho anual. Foi realizada análise de correlação de Pearson afim de identificar quais caracteres estão mais associados ao RG. Todas as análises foram realizadas no *software*

GENES. Foi observado ganho genético para o caractere rendimento de grãos (RG) na ordem de 17,5 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Os caracteres agronômicos IC e NGV também apresentaram incrementos ao longo dos anos, além de estarem associados positivamente a aumentos no RG ($r= 0,69^{**}$ e $r= 0,58^{**}$, respectivamente). O IC é caracterizado pela fração de grãos em relação a matéria seca total, ou seja, quanto maior a quantidade de grãos por planta maior o IC e NGV resultando em maiores produtividades. Estes caracteres podem ser utilizados na seleção indireta de genótipos mais produtivos. Os caracteres PMS, NVP, AIPV e NNP não apresentaram diferenças significativas no período de tempo analisado (46 anos). A EP apresentou aumento no decorrer dos anos, no entanto, o IA reduziu. Os caracteres IA, NRP e NNP apresentaram associação negativa com o RG ($r= -0,64^{**}$, $r= -0,55^{**}$ e $r= -0,44^*$, respectivamente). O caractere IA ocasiona grandes perdas a nível de campo, além de dificultar a colheita mecanizada. Visando a obtenção de ganhos genéticos futuros para a cultura da soja, recomenda-se a utilização de estratégias que diminuam os IA, além da seleção indireta através dos caracteres IC e NGV, uma vez que estes possuem elevada associação com o RG.

Palavras-chave: *Glycine max* (L) Merrill; ganho genético; rendimento de grãos.

1. Mestranda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil. *maiarapanho@gmail.com.
2. Graduanda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.
3. Graduanda em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.
4. Professor da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco-PR, Brasil.

PROPAGAÇÃO POR ESTAQUIA DE UVAIA (*EUGENIA PYRIFORMIS* CAMBESS)

Jaqueline Lima da Conceição Souza;^{1*} Muza do Carmo Vieira;² Cássia Cristina Rezende;³ Angélica Daiane Lemos do Prado;⁴ Luciana Borges e Silva;⁵ Eli Regina Barboza de Souza⁶

A propagação vegetativa é uma técnica adotada mundialmente, principalmente pela sua efetividade em capturar os ganhos genéticos obtidos dos programas de melhoramento genético. Esta pode ser realizada através da estaquia, o qual é um método que pode promover em algumas espécies o enraizamento adventício por meio de partes da planta, como caule, folhas e raízes. A uvaia é uma espécie de hábito arbóreo mediano pertencente à família Myrtaceae. Apresenta frutos que podem ser destinados ao uso industrial, ou consumo *in natura*. Sua propagação é realizada por meio de sementes, gerando indivíduos com grande variabilidade entre si. Nesse sentido, o emprego da estaquia é uma forma de garantir menor heterogeneidade das plantas e selecionar progênes superiores. Portanto, objetivou-se avaliar o efeito de diferentes tipos de estacas e doses de ácido indolbutírico no enraizamento adventício de estacas caulinares de uvaia. O ensaio foi instalado em maio de 2018 em uma estufa com sistema de nebulização intermitente, localizada na Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, no setor de Horticultura. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2x4, sendo dois tipos de estacas (com e sem folhas) e quatro doses de ácido indolbutírico (AIB) (0, 1000, 2000, e 3000 mg L⁻¹), com cinco repetições e oito estacas por parcela. O material propagativo (estaca) foi coletado no período da manhã, para evitar desidra-

ção. Estas apresentaram tamanho médio de 20 cm de comprimento. Ao fim do experimento (130 dias) foram avaliadas as seguintes variáveis: porcentagem de estacas sobreviventes, com calo, enraizadas e com a presença de primórdios radiculares; porcentagem de estacas com folhas e brotações; comprimento do sistema radicular; número de raízes por estaca; massa fresca e seca das brotações; e massa fresca e seca do sistema radicular. Os resultados das variáveis foram submetidos a uma estatística descritiva, com obtenção da média, e de valores mínimos e máximos. Obteve menor valor de estacas sobreviventes quando se utilizou estacas sem folhas e com 0 mg L⁻¹ de AIB, cujo valor foi 2,5% e maior valor com o uso de estacas com folhas e dose de 3000 mg L⁻¹ de AIB. Observou formação de calo e raiz em apenas uma estaca com folha e dose de 1000 mg L⁻¹ de AIB. O tratamento com estaca sem folha e dose 3000 mg L⁻¹ apresentou três estacas com primórdios radiculares. Constatou-se que a uvaia trata-se de uma espécie de difícil propagação pelo método de estaquia, uma vez que a utilização de AIB mais diferentes tipos de estacas não foram eficientes para a indução do enraizamento de suas estacas.

Palavras-chave: método assexuado; frutífera nativa; ácido indolbutírico.

Agradecimento: CAPES.

1. Doutoranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *jaquelinelima.745@gmail.com.
2. Pós-doutoranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
3. Mestranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
4. Doutoranda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
5. Prof.(a) Doutora em Agronomia. Instituto Federal Goiano. Ceres-GO, Brasil.
6. Prof.(a) Doutora em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

REAÇÃO DE CULTIVARES DE CEBOLA À PODRIDÃO BACTERIANA

Renata Sousa Resende,^{1*} Edivânio Rodrigues de Araújo,¹ Cândida Elisa Manfio,¹
Daniel Pedrosa Alvez¹

A cebola é a terceira hortaliça em expressão econômica no Brasil, sendo a Região Sul a principal produtora, e o estado de Santa Catarina, o maior produtor. Dentre as doenças que afetam a qualidade dos bulbos destacam-se as podridões bacterianas de pós-colheita que são responsáveis por perdas significativas da cebola durante as fases de armazenamento e comercialização. Visando subsidiar o programa de melhoramento genético de cebola da Epagri, o objetivo desse trabalho foi avaliar a resistência de cultivares de cebola Epagri 363 Superprecoce, Empasc 352 Bola Precoce e Epagri 362 Crioula Alto Vale, pertencentes respectivamente, aos ciclos superprecoce, precoce e médio, à *Burkholderia gladioli*. Bulbos das cultivares anteriormente citadas foram produzidos em ambiente protegido com solo esterilizado. Após a colheita, os bulbos foram inoculados, injetando-se, uma alíquota de 0,5 mL da suspensão de células bacterianas na concentração $1,0 \times 10^8$ CFU mL⁻¹. Os bulbos inoculados foram mantidos à $28 \pm 2^\circ\text{C}$ e UR 80% durante 30 dias. Após esse período, foi avaliada a severidade da podridão bacteriana. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com quatro repetições por tratamento sendo cada repetição constituída por 20 bulbos. Epagri 363 Superprecoce foi a cultivar mais suscetível à doença, Empasc 352 Bola Precoce, apresentou uma resistência moderada enquanto que Epagri 362 Crioula Alto Vale foi mais resistente que as demais. Os resultados mostraram que as cultivares de ciclo precoce e médio são mais resistentes que as de ciclo superprecoce, no entanto ainda é necessário investigar se esse resultado se mantém sob infecção natural no campo e com interferência ambiental.

Palavras-chave: podridão bacteriana; *Allium cepa* L.; resistência.

1. Pesquisadores da Epagri – Estação Experimental de Ituporanga, Santa Catarina, Brasil. E-mail: renataresende@epagri.sc.gov.br.

RELAÇÃO DA EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO (EUN) COM A RESPONSABILIDADE DO MILHO À BACTÉRIA PROMOTORA DE CRESCIMENTO *AZOSPIRILLUM BRASILENSE*

Victor Rodrigo Carneiro Pinheiro;¹ Mariana Zago Marchi;¹ Vinícius Filgueiras Nogueira;¹ Pablo Henrique Pereira de Melo;¹ Marco Aurelio Pureza Inacio;¹ Miriam Suzane Vidotti^{2*}

A Eficiência no Uso de Nitrogênio (EUN) é uma das características alvo de diversos programas de melhoramento de milho. Contudo, sabendo que o N é um dos maiores reguladores da fixação biológica, até o momento, pouco se sabe como essa característica poderia influenciar na responsividade à inoculação com bactérias diazotróficas. Diante desse contexto, o objetivo desse trabalho foi de verificar a influência da EUN na responsividade do milho à inoculação com *Azospirillum brasilense*. O experimento foi conduzido em 2019 na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás em um ambiente de telado e utilizando-se vasos preenchidos com solo. Foi adotado o delineamento experimental de blocos completos casualizados em um esquema fatorial 8×2×2 sendo os tratamentos as combinações de 8 linhagens de milho, dois níveis de inoculação (com e sem *A. brasilense*) e dois níveis de N (ideal e baixo), com quatro repetições. No estádio V7 de desenvolvimento foram analisadas as seguintes características: teor de clorofila, altura de planta, massa de parte aérea seca, massa de raiz seca, raízes laterais, raízes axiais, diâmetro médio radicular, volume radicular e a EUN. Análises de variância, correlação e gráficos de distribuição de densidade foram realizados com auxílio do *software* R. Houve variabilidade genética para todas as características avaliadas. Contudo, a inoculação com *A. brasilense* afetou significativamente apenas altura de planta e teor de clorofila, os quais possivelmente são resultados da habilidade da bacté-

ria em produzir hormônios vegetais e realizar a fixação biológica de N. Respostas tanto positivas quanto negativas dos genótipos com a inoculação foram verificadas em ambos os níveis de N para todas as variáveis analisadas. A EUN dos genótipos demonstrou ter relação com a responsividade da planta à *A. brasilense*, principalmente para as características MRS e MPAS (em ambos os níveis de N), sendo essa influência variável dependendo da inoculação ou não das plantas. Portanto, a EUN dos genótipos poderia ser um fator a ser levado em consideração no melhoramento genético para o desenvolvimento de genótipos de milho com melhor desempenho na associação com essa bactéria.

Palavras-chave: Bactérias Promotoras de Crescimento de Plantas (BPCP); fixação biológica de Nitrogênio (FBN), *Zea mays*.

Agradecimentos: Associação Nacional dos Produtores e Importadores de Inoculantes (ANPII) e Total Biotecnologia.

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

2. Pós-doutoranda do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
*miriamvidotti@usp.br.

RELAÇÃO ENTRE CARACTERES ANATÔMICO-NUTRICIONAL E DE PRODUÇÃO EM GENÓTIPOS DE GRAMÍNEAS FORRAGEIRAS (*CYNODON* SP.) VIA ANÁLISE DE TRILHA

Emanuel Ferrari do Nascimento;^{1*} Arthur Mayrink Elizeu;² Marco Antônio de Amorim Peixoto;² Flávio Rodrigo Gandolfi Benites;³ Fausto de Souza Sobrinho;³ Leonardo Lopes Bhering⁴

As gramíneas forrageiras pertencentes ao gênero *Cynodon* são espécies adaptadas às condições tropicais e subtropicais e são amplamente utilizadas para a alimentação animal em decorrência de seu alto potencial produtivo e baixo custo. Em programas de melhoramento genético, a análise de trilha constitui uma importante ferramenta para entender a relação entre características, permitindo o estudo dos efeitos diretos e indiretos de um grupo de caracteres (variáveis explicativas ou independentes) sobre a expressão de uma variável principal (básica ou dependente). Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi avaliar a influência de características nutricionais e anatômicas sobre a variável produção total de genótipos de *Cynodon*, por meio da análise de trilha. O experimento foi conduzido na área experimental da Embrapa Gado de Leite, localizada no município de Juiz de Fora- MG. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, sendo avaliados 9 genótipos de *Cynodon*. Foram avaliadas sete variáveis explicativas, sendo elas: Massa seca caule (MSC); Relação folha-colmo (RFC); Número de feixes por área (NFA); Camada de fibras (CFI), Espessura da parede celular (EPC); Lignina (LIG) e Proteína bruta (PTB). A característica considerada como principal foi a produção total (resultante do somatório de folha e colmo; PROD). Para testar a significância genética das características analisadas, realizou-se uma análise de variância. A partir da matriz de correlação fenotípica estimada entre os pares de caracteres, investigou-se a relação direta e indire-

ta entre as características via análise de trilha. Todas as análises foram realizadas no *software* GENES. Os tratamentos apresentaram diferença significativa para todas as variáveis, evidenciando que é possível selecionar genótipos superiores com base nas características analisadas. As características com o maior efeito direto sobre PROD foram PTB, seguida pelo NFA, CFI e MSC. Foi encontrado um coeficiente de determinação de 0,99 e efeito da variável residual de 0,03. A variável CFI apresentou correlação e efeito direto de mesmos sinais e magnitude sobre PROD, evidenciando uma verdadeira associação de causa e efeito entre estes caracteres. Como a relação entre estas duas características é inversamente proporcional (sinal negativo dos coeficientes), a seleção de cultivares de *Cynodon* com menor CFI constitui uma importante ferramenta para o incremento da PROD. Outra relação de causa e efeito foi observada entre o par de variáveis PROD e PTB. Dessa forma, com a análise de trilha, foi possível observar que as variáveis CFI e PTB são úteis para seleção indireta da característica produção total de genótipos de *Cynodon*. A análise de trilha demonstrou-se uma importante ferramenta no melhoramento de genótipos de gramíneas forrageiras.

Palavras-chave: *Cynodon* sp.; forragem; análise multivariada; seleção indireta.

Agradecimento: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *emanuel.ferrari.nascimento@hotmail.com.
2. Doutorandos em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Pesquisadores. Embrapa Gado de Leite. Juiz de Fora-MG, Brasil.
4. Professor do Departamento de Biologia Geral. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

RELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS DE MILHO

Marcela de Souza Lopes;^{1*} Laís Lopes de Castro;² Marcio Lisboa Guedes;³ Marcela Pedrosa Mendes Resende⁴

A estimativa da correlação entre caracteres é de extrema importância para o melhoramento, pois mede o grau de associação entre características e possibilita avaliar o quanto a alteração em um caráter pode afetar os demais. O objetivo desse trabalho foi avaliar a relação genética e fenotípica entre caracteres de interesse agrônomo de um conjunto de híbridos de milho. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO, na primeira safra de 2018/2019, utilizando o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Vinte e seis híbridos de milho foram avaliados para: florescimento masculino (FM) e feminino (FF); altura de plantas (AP) e de espigas (AE); prolificidade (PR); comprimento (CE) e peso de espigas (PE); comprimento (CG) e produtividade de grãos (PG). A relação entre os caracteres foi avaliada através das estimativas de correlação genética, fenotípica e análise de trilha, considerando a produtividade de grãos como caráter principal. Dos 36 pares de caracteres, foram observadas correlações genéticas positivas entre 16 pares, e correlações fenotípicas positivas entre 11 pares de caracteres. Foi observada correlação genética e fenotípica entre PG e os caracteres AP, CE, CG e PE. Entretanto, a análise de trilha mostrou que apenas PE apresentou efeito significativo direto em PG, e a que a correlação entre PG e os caracteres AP, CE e CG foi indireta, via PE, sendo o coeficiente de determinação igual à 0,90. Essas associações indicam que plantas mais altas tendem a produzir espigas maiores, mais pesadas e com grãos maiores. Entretanto, o efeito in-

direto de AP em PG, via PE, embora significativo, é de baixa magnitude (0,34), indicando que o melhorista pode direcionar seus esforços em obter plantas menores sem prejudicar expressivamente a produtividade. Ademais, a relação entre PG, CG e CE é favorável, o que incentiva os programas de melhoramento a avaliarem esses caracteres que, embora não tenham tanta importância inicialmente, tem maior herdabilidade que PG, podendo ser utilizados como indicadores da produtividade de grãos.

Palavras-chave: melhoramento de milho; análise de trilha; correlação.

Agradecimentos: FAPEG; CAPES; PPGGMP; UFG e GEMP.

1. Graduanda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *marcelalopes.ufg@gmail.com.

2. Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

3. Pós-Doutorando no Programa de Pós-Graduação 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.

REPETIBILIDADE EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS DOS FRUTOS DE TUCUMÃ-DO-AMAZONAS

Tânia Nunes Rodrigues;^{1*} Fábio Medeiros Ferreira;² Tâmiza Barros Martins;³ Gercy Correia Barros Filho;¹ Fernando Carlos Ribeiro Simões;³ Cauê Trivellato⁴

As ações de melhoramento genético em *Astrocaryum aculeatum* ainda são incipientes e a falta de experimentos no campo têm disponibilizado poucas informações sobre parâmetros genéticos. Contudo, a repetibilidade é possível de ser obtida para dados de coleta de fruto e desse modo possibilita tanto determinar o número ideal de frutos necessários para discriminar fenotipicamente os acessos e minimizar gastos de tempo e mão-de-obra nas pesquisas genéticas, quanto estimar o valor máximo da herdabilidade. Portanto, objetivou-se estimar o coeficiente de repetibilidade em características físicas dos frutos de tucumã-do-amazonas e determinar o número mínimo de unidades necessárias para realizar a biometria com acurácia. Para tal, foram usados os métodos da análise de variância; componentes principais com base na matriz de correlações; na matriz de covariâncias e; análise estrutural com base na matriz de correlações. A partir de 47 subamostras e com 10 frutos avaliados em cada palmeira, foram avaliadas as características: peso (em g), diâmetro equatorial, comprimento (em mm) e volume (em ml), do fruto e do tegumento; peso (em g) e espessura (em mm) da casca e da polpa; a razão percentual do peso da polpa, da casca e do tegumento em relação ao peso do fruto. Foram obtidos altos coeficientes de repetibilidade, variando de 0,61 para porcentagem de polpa no fruto – a 0,87, – para comprimento do tegumento e peso do fruto – associados a coeficientes de determinação (R^2) iguais a 94,04

e 98,47%, respectivamente. Se minimizados os efeitos do ambiente permanentes, são altas as herdabilidades no sentido amplo para as características mensuradas, e, por conseguinte, o estudo realizado possuiu alta confiabilidade. Para um R^2 de 95%, seria ideal medir seis frutos para características como peso, comprimento, diâmetro e volume do fruto, do tegumento e da casca; nove frutos para as características de espessura da polpa e da casca e peso da polpa – provavelmente em razão da dificuldade de mensuração – e; doze frutos para porcentagens de polpa, casca e tegumento em relação ao fruto. De modo geral, admitindo-se $R^2 = 90\%$, seria possível reduzir de dez para cinco unidades de medição para avaliações acuradas da biometria dos frutos, ou seja, para predizer corretamente o valor real dos acessos de tucumã-do-amazonas.

Palavras-chave: modelos biométricos; medidas repetidas; *Astrocaryum aculeatum* G. Mey.

Agradecimento: CNPQ.

-
1. Graduando em Agronomia. Universidade Federal do Amazonas. Itacoatiara-AM, Brasil.*tanianunes.masterpiece@gmail.com.
 2. Professor do Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.
 3. Mestrando em Ciência e Tecnologia para Recursos Amazônicos. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.
 4. Técnico em agropecuário do Instituto de Ciências Exatas e Tecnologia. Universidade Federal do Amazonas, Itacoatiara-AM, Brasil.

REPETIBILIDADE ENTRE SEMENTE E PLANTA EM GENÓTIPOS DE MACAÚBA

Silvia Ferreira de Sá;^{1*} Sergio Yoshimitsu Motoike;² Kacilda Naomi Kuku;³ Geís Ferreira Neves;⁴ Carlos Mario Gallo Giraldo;⁵ Wassali Valadares de Sousa⁶

A macaúba (*Acrocomia aculeata*), é uma palmeira nativa reconhecida atualmente como uma espécie economicamente promissora. Seu aproveitamento baseia-se na exploração de seus óleos, provenientes tanto do mesocarpo como da semente, pelas indústrias energéticas, alimentícias e farmaco-cosméticas. Ainda em fase de domesticação, a macaúba demanda estudos que possibilitem sua inserção no cenário agrícola como uma cultura oleaginosa perene. O presente trabalho estimou o coeficiente de repetibilidade entre sementes e plantas de macaúba, fundamentado na premissa de que a repetibilidade é um parâmetro associado à correlação fenotípica entre medidas recorrentes, e mede a capacidade de o indivíduo repetir a expressão do caráter no tempo ou no espaço. No Banco de germoplasma de macaúba da Universidade Federal de Viçosa, 159 plantas de meios-irmãos foram acessadas e, para cada indivíduo, três sementes maduras foram avaliadas para os caracteres de peso (seco / fresco), diâmetro longitudinal, diâmetro transversal e volume. O coeficiente de repetibilidade foi estimado pelo *software* Genes. O coeficiente de repetibilidade individual para a amêndoa foi de 0,20 para peso, 0,23 para diâmetro longitudinal, 0,23 para diâmetro transversal e 0,19 para volume, apresentado uma variação muito baixa. A média dos quatro caracteres foi de 0,22 para amêndoa. O coeficiente de repetibilidade indivi-

dual da planta foi de 0,69 para peso, 0,67 para diâmetro longitudinal, 0,51 para diâmetro transversal e 0,57 para volume. A média dos caracteres foi de 0,80. Contudo, o estudo mostrou que três amêndoas não são suficientes para inferir a superioridade de uma planta em relação à outra. Já o número de plantas mostrou ser suficiente para avaliar a superioridade de um genótipo em relação ao outro. Este caráter é importante componente de rendimento, pois irá contribuir para o aumento na produtividade.

Palavras-chave: *Acrocomia aculeata*; correlação fenotípica; produtividade.

Agradecimento: CNPQ.

-
1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *silvia.sa@ufv.br.
 2. Professor do Departamento de Fitotecnia de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
 3. Pesquisadora do Departamento de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
 4. Mestranda do programa de Pós-graduação em Fitotecnia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
 5. Graduando em Agronomia. Universidade de Calda, Ciudad de Manizales, Caldas. Colômbia.
 6. Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

RESGATE E MANUTENÇÃO DE SEMENTES DE ESPÉCIES AGRÍCOLAS CRIOULAS NA MICRORREGIÃO DE IPIRANGA DO PIAUÍ

Beatriz de Sousa Santos;¹ Isis Gomes de Brito Souza²

As sementes crioulas destacam-se por serem tradicionais, desenvolvidas e adaptadas aos locais na qual são cultivadas por agricultores familiares. Dentre algumas variedades destacam-se: milho, feijão, abóbora e pepino. Devido a modernização da agricultura muitas sementes foram melhoradas e passaram a ser industrializadas e por isso observa-se a importância de fazer seu resgate e manutenção, sendo este o objetivo da presente pesquisa. Para o desenvolvimento da pesquisa foram selecionados 10 moradores de comunidades rurais da microrregião de Ipiranga do Piauí onde existe uma grande variedade de sementes crioulas. Foi aplicado um questionário sobre o tema, no período de fevereiro a maio de 2020, e antes de responder, cada agricultor assinou o termo de consentimento livre e esclarecido. O questionário possuía 5 questões acerca de sementes crioulas: o que são, onde são cultivadas, se existe algum tipo de armazenamento por parte dos agricultores e quais as principais variedades existentes das mesmas. Após a aplicação, coletou-se as sementes crioulas de cada participante as quais foram armazenadas em garrafas PET de 200ml. Dos moradores entrevistados, todos afirmaram conhecer as sementes crioulas, além de cultivá-las e guardá-las, por isso destaca-se a sua importância na história da agricultura familiar. Dessas, as principais cultivadas foram: feijão, milho, arroz e fava, sendo que, 90% cultivam e armazenam o feijão e milho, 70% fava e 30% arroz e das quais os pequenos agricultores utilizam na sua base alimentar, na dieta de suas famílias e animais. Dos 10 entrevistados, apenas 3 responderam ter conhecimento sobre o armazenamento das sementes crioulas na região. Um deles destacou

a EMATER, o segundo afirmou existir um Banco de Sementes Crioulas e o terceiro apontou que o armazenamento já era feito em uma escola municipal. O armazenamento das sementes crioulas é a garantia da segurança alimentar desses agricultores, e a quantidade de 10 garrafinhas de feijão e 10 de milho, 7 garrafinhas de fava e 3 garrafinhas de arroz coletadas foram doadas para o Banco de Sementes Crioulas, vinculado ao Grupo de Pesquisa em Sementes Crioulas do Semiárido Piauiense – GPESC, da Universidade Federal do Piauí/CSHNB, em Picos, Piauí, visando ampliar a proteção das sementes crioulas da região.

Palavras-chave: agricultura família; armazenamento; conservação

-
1. Graduanda do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, da Universidade Federal do Piauí/Universidade Aberta do Brasil, Polo de Apoio Presencial Inhumas-PI, Brasil. bianldoo5@gmail.com.
 2. Professora do curso de Ciências Biológicas da Universidade Federal do Piauí, campus Ministro Petrônio Portella, Centro de Educação Aberta e a Distância, Teresina – PI. isisgomesmd@hotmail.com.

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO: UMA ABORDAGEM COM MULTI-CARACTERÍSTICAS, MULTI-AMBIENTES E IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPO-IDEÓTIPO

Marco Antônio Peixoto;^{1*} Emanuel Ferrari do Nascimento;² Igor Ferreira Coelho;¹ Jefferson Fernando Naves Pinto;³ Edésio Fialho dos Reis;³ Leonardo Lopes Bhering⁴

Considerado um dos cereais mais produzidos do mundo, o milho (*Zea mays*) constitui uma das espécies de maior importância socioeconômica no cenário agrícola brasileiro. A seleção de híbridos de milho superiores quanto a produtividade de grãos está intimamente relacionada ao destaque do Brasil entre os maiores produtores mundiais da cultura. Entretanto, análises que visem a seleção de genótipos superiores para um maior número de característica simultaneamente ainda é pouco explorado. Visando a identificação de um genótipo-ideótipo, a seleção de híbridos envolvendo simultaneamente múltiplas características e diferentes ambientes constitui uma abordagem de suma importância em programas de melhoramento de milho. Além do alto rendimento de grãos, o aprimoramento de outras características fenotípicas, como as relacionadas ao ciclo da cultura e a morfologia da planta, também é de interesse para a obtenção de um genótipo-ideótipo. Com isso em mente, os objetivos deste estudo foram: (i) investigar a interrelação entre características através da análise de fatores; (ii) utilizar os fatores (variáveis latentes) para a seleção de híbridos através do índice de seleção FAI-BLUP. Para isso, 84 híbridos (6 comerciais e 78 interpopulacionais) foram avaliados quanto às características de ciclo, morfologia e produtividade em quatro ambientes. As características avaliadas foram: dias para o florescimento masculino, dias para o florescimento feminino, altura de planta, altura de espiga, tamanho de espiga, diâmetro de espiga, produtividade de espiga e produtividade de grãos. Os valores genotípicos foram preditos pela melhor predição linear não viesada (BLUP) para cada ambiente e de forma conjunta. A análise fatorial foi aplicada para agrupar as características em fatores. O índice FAI-BLUP foi utilizado para a seleção de híbridos com

base no genótipo-ideótipo. A acurácia seletiva média de predição variou de baixa (0,46) a alta (0,99) magnitudes e foi superior na análise conjunta. Contabilizar com o efeito da interação dos genótipos por ambientes melhorou o ajuste do modelo estatístico proposto. Quatro fatores explicaram mais de 80% da variabilidade genotípica e foram formados pelos grupos de características geneticamente correlacionadas (Ciclo, morfologia e produtividade). Desta forma, melhoristas podem realizar a seleção genética baseado nos fatores formados pela análise de fatores. Os ganhos genéticos preditos foram positivos para as características relacionadas ao rendimento e negativos para as características relacionadas ao ciclo e morfologia, como desejáveis na cultura do milho. As variáveis latentes formadas a partir da análise de fatores foram úteis na redução de características e permitiram ganhos em todas as características analisadas. O índice FAI-BLUP permitiu ranquear os híbridos levando em consideração todas as características analisadas simultaneamente. Além disso, alguns híbridos interpopulacionais foram superiores aos híbridos comerciais, demonstrando a superioridade dos mesmos e também do pool gênico avaliado. Este é o primeiro estudo que propôs a seleção de híbridos de milho com base em informações de múltiplas características, múltiplos ambientes e ideótipo, demonstrando o potencial dessa técnica no melhoramento de milho.

Palavras-chave: *Zea mays*; índices de seleção; análise fatorial; melhoramento de milho.

Agradecimento: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

1. Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *marco.peixotom@gmail.com.
2. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
3. Universidade Federal de Jataí (UFJ). Jataí-GO, Brasil.
4. Professor do Departamento de Biologia Geral. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO-COMUM PARA ATRIBUTOS AGRONÔMICOS COM AMPLA ADAPTABILIDADE

Eduardo Almeida Alves;^{1*} Saulo Muniz Martins;² Ludivina Lima Rodrigues;³ Josivaldo Alves Machado Júnior;¹ Helton Santos Pereira;⁴ Leonardo Cunha Melo⁴

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é submetido a um grande gradiente ambiental, sendo cultivado em quase todos os estados brasileiros, em diferentes épocas de semeadura e sistemas de cultivo. Devido a essa variação de ambientes espera-se das cultivares uma acentuada interação de genótipos por ambiente (GxA). Esta interação atua na resposta e instabilidade fenotípica das cultivares dificultando a seleção e indicação. Entretanto, uma forma de contornar esta instabilidade é identificar os genótipos mais estáveis e adaptados, utilizando-se métodos estatísticos de interpretação simples e eficiente, como o modelo de Annicchiarico (1992). Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético de linhagens-elite de feijoeiro-comum para produtividade, adaptação à colheita mecanizada e resistência às principais doenças com estabilidade e adaptabilidade. Foram avaliadas 16 linhagens e seis cultivares testemunhas em ensaios conduzidos em 19 ambientes, nos anos de 2018 e 2019, na região sul. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições, sendo as parcelas compostas de quatro linhas de quatro metros, seguindo a recomendação do MAPA para condução de ensaios finais. Avaliou-se resistência às principais doenças: antracnose, crestamento bacteriano comum, murcha de *curtobacterium* e mancha angular, além de arquitetura e acamamento de plantas, massa de 100 grãos (g) e produtividade (kg ha⁻¹). Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas, seguindo do teste de agrupamento de médias Scott-Knott, a 5% de significância, estabilidade e adaptabilidade pelo método de Annicchiarico. Nas análises de variância, para a maioria dos caracteres, os resultados foram significativos a 1%, indicando que existe variabilidade entre

as linhagens, importância do efeito ambiental e ocorrência da interação GxA. Para a maior parte dos resultados à acurácia seletiva e o coeficiente de variação atingiram 0,85 e 20%, respectivamente, indicando informatividade e precisão experimental. Considerando o teste de médias para produtividade, a linhagem CNFC 16562 obteve o melhor resultado com 2679,21 kg ha⁻¹, superando as testemunhas IPR Campos Gerais, BRS FC402 e BRS Pérola. Avaliando acamamento e arquitetura, o genótipo CNFC 16522 alcançou as melhores notas superando a testemunha BRSMG Uai. Com relação à resistência às principais doenças as linhagens CNFC 16567 e CNFC 16636 apresentaram as melhores notas para antracnose e crestamento bacteriano comum, respectivamente, e CNFC 16548 para murcha de *curtobacterium* e mancha angular. Ademais, a análise de Annicchiarico demonstrou que a linhagem CNFC 16564 apresentou ampla adaptação ($W_i = 100,16$), e considerando adaptação específica, CNFC 16566 demonstrou estabilidade a ambientes desfavoráveis ($W_{id} = 100,74$), com desempenho superior para resistência às principais doenças e CNFC 16522 a ambientes favoráveis ($W_{if} = 104,18$), com melhor performance para arquitetura e acamamento de plantas. Portanto, seleciona-se a linhagem CNFC 16564 como nova cultivar a ser lançada, pois possui, adaptação ampla, estabilidade e alia boas médias fenotípicas.

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

Agradecimento: CNPq; Embrapa Arroz e Feijão; UFG.

1. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *eduardoalmeidaalves10@gmail.com.
2. Pós-doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.
3. Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.
4. Pesquisador. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

SELEÇÃO DE LINHAGENS SUPERIORES DE SOJA PARA A MACRORREGIÃO SOJÍCOLA 2 VIA ÍNDICE FAI-BLUP

Jeniffer Santana Pinto Coelho Evangelista;^{1*} Emanuel Ferrari do Nascimento;² Leonardo Lopes Bhering³

Considerada uma das espécies de maior importância socioeconômica no cenário agrícola brasileiro, a soja (*Glycine Max* (L.) Merrill) ocupa posição de destaque na agroindústria, constituindo-se uma rica fonte proteica empregada na alimentação animal e humana. Diante das diversas condições edafoclimáticas vigentes no Brasil, a interação genótipos x ambientes (GE) influencia a expressão gênica e pode dificultar a identificação de genótipos superiores de soja. A seleção de genótipos com maior estabilidade e adaptabilidade genotípica, constitui uma das principais formas de contornar os efeitos indesejáveis da interação genótipo x ambiente (GE). O objetivo deste trabalho foi aplicar e estudar o índice análise de fatores e ideótipos desejados (FAI-BLUP) para fins de seleção e recomendação de genótipos superiores de soja. Os ensaios foram conduzidos em 10 locais alocados na macrorregião sojícola 2 (microrregião 201, 203 e 204) e os dados coletados são referentes à avaliação de 27 genótipos de soja em relação à característica produtividade de grãos em kg ha⁻¹. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas e entre parcelas. Os componentes de variância, parâmetros genéticos e não genéticos, valores genotípicos e acurácias foram obtidos por meio do *software* Selegen-REML/BLUP. Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos foram preditos via melhor predição linear não viesada (BLUP). Para as análises de adaptabilidade e estabilidade e posterior

seleção genética, foi utilizado o índice FAI-BLUP. O teste da razão de verossimilhança (LRT) detectou efeitos significativos de genótipos e de interação GE ($p < 0.01$), evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados e a presença de interação GE. Correlação genótipo x ambiente de magnitude fraca foi detectada através dos locais, indicando interação GE do tipo complexa. Em vista disso, é necessário o uso de eficientes métodos de seleção para capitalizar ou contornar os efeitos da interação GE. A acurácia de seleção obtida (0,90) indica precisão muito alta, evidenciando um cenário favorável à seleção de genótipos com melhor performance genética. As linhagens 21, 38, 40, 56 e 66 obtiveram maior adaptabilidade, estabilidade e produtividade simultaneamente. O ganho genético com a seleção em percentagem foi de 3,13% em relação à média geral para todos os ambientes (3495,05 kg ha⁻¹). Como foi utilizado o valor genotípico na seleção das linhagens, livre da interação GE, estas podem ser recomendadas por toda a microrregião em estudo. Portanto, a seleção de genótipos de soja com adaptabilidade, estabilidade e produtividade simultaneamente via índice FAI-BLUP pode ser aplicada de forma eficiente, resultando em ganhos com a seleção para as microrregiões 201, 203 e 204.

Palavras-chave: interação genótipos x ambientes; BLUP; seleção genética; *Glycine Max*.

Agradecimento: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

1. Doutoranda em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *jenifferspce@gmail.com.

2. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

3. Professor do Departamento de Biologia Geral. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

SELEÇÃO DE LINHAS PURAS EM LINHAÇA DOURADA

Ana Caroline B. Konkol;¹ Ana Carolina da C. L. Fioreze;² Karol Anne Krassmann;³
Alison Lucas Garcia;⁴ Clarice Elisabete Antunes;⁵ Círio Parizotto⁶

Cultura de inverno, autógama e diploide ($2n = 2x = 30$ cromossomos) pertencente à família Linaceae, a linhaça (*Linum usitatissimum* L.) é uma planta que apresenta duplo propósito, sendo produzida para o uso das sementes oleaginosas, ricas em ácidos graxos e proteínas, e da fibra. No Brasil, a cultura foi introduzida no século XVII e era produzida em larga escala, com o uso de cultivares canadenses, argentinas e brasileiras, até a quebra na produção, causada pela entrada de derivados de petróleo na indústria têxtil e de tintas. Com a perda de material genético, o maior apelo pela alimentação saudável, e por ser uma alternativa para diversificação de culturas no inverno, a agricultura vem demandando o desenvolvimento de genótipos superiores. À vista disso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a eficiência do método de seleção de linhas puras em linhaça dourada. Para tanto, um teste com 39 linhagens, além da testemunha, composta pela população original (proveniente de uma lavoura comercial em Zortéa/SC), foi montado em Curitiba/SC, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. O desempenho das linhagens foi avaliado com base em caracteres relativos ao ciclo, em caracteres morfológicos e para os componentes de produção de sementes. Os dados foram submetidos à análise de variância, pelo teste F ($p < 0,05$) e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$). Os coeficientes de herdabilidade foram estimados. As linhagens apresentaram variabilidade para as características de estande inicial, dias para início do florescimento, dias para 50% do florescimento, altura de planta, comprimento técnico, comprimento produtivo, diâmetro da

ramificação principal e secundária, sendo estas significativas. A herdabilidade destes caracteres foram mais elevados em comparação aos outros, variando de 0,31 a 0,91. A duração do ciclo, avaliada por dias para a maturação, apresentou uma amplitude de variação de 157,7 a 174,3 dias, sendo que a média foi de 165,9 dias, valor semelhante ao da testemunha (166,7 dias). Na produtividade por área, a testemunha apresentou valores de 2576,3 kg ha⁻¹, diferente da média encontrada (2851,87 kg ha⁻¹). A linhagem LIN20 apresentou a produtividade de 3595,8 kg ha⁻¹, valor bem acima da produtividade nacional (987,1 kg ha⁻¹, no ano de 2018) e bem próxima do desempenho de cultivares canadenses, sendo estas oriundas do programa mais sólido de melhoramento genético de linhaça no mundo. Pelos resultados expostos, é válido afirmar que o método de seleção de linhas puras foi eficiente para selecionar linhagens superiores de linhaça dourada na população de plantas original. O desempenho agrônomo das mesmas vem sendo testado em diferentes safras e locais a fim de selecionar as superiores para as próximas etapas do programa de melhoramento genético de linhaça dourada da Universidade Federal de Santa Catarina, Curitiba.

Palavras-chave: *Linum usitatissimum* L., teste de progênies; genótipos superiores.

Agradecimentos: os autores agradecem à EPAGRI/SC, em especial ao pesquisador Me. Prof. Círio Parizotto, pela parceria e pelo suporte técnico.

1. Graduanda em Agronomia pela UFSC, Campus Curitiba. *anacarolinebkonkol@gmail.com.

2. Profª. Dra. na área de Melhoramento Genético de Plantas na UFSC, Campus Curitiba. *ana.lara@ufsc.br.

3. Graduanda em Agronomia pela UFSC, Campus Curitiba *karolanne_0002@hotmail.com.

4. Graduando em Agronomia pela UFSC, Campus Curitiba *lucasgarcia.alison@gmail.com.

5. Pós-graduanda pela UFSC, Curitiba *clarice.antunes@ufsc.br.

6. Pesquisador da EPAGRI, Campos Novos *cirio@epagri.sc.gov.br.

SELEÇÃO DE PROTEÍNAS E PEPTÍDEOS DE SEMENTES DE SOJA GERMINADAS COM POTENCIAL AÇÃO CONTRA PATÓGENOS

Wassali Valadares de Sousa;^{1*} Meire de Oliveira Barbosa;² Paulo Roberto Gomes Pereira;³
Maria Cristina Baracat Pereira⁴

As plantas possuem diversos mecanismos de proteção contra patógenos, dentre eles a produção de proteínas e peptídeos antimicrobianos. A soja é uma fonte renovável de baixo custo, grande abundância de proteínas, alto valor nutricional, fácil cultivo e excelentes propriedades funcionais. As globulinas 7S (β -conglucininas) e 11S (glicininas) correspondem a 65-80% do total de proteínas de soja, e são precursoras da maioria dos peptídeos funcionais descritos. As atividades antimicrobianas dessas duas subunidades proteicas estão brevemente discutidas na literatura, no entanto não há muitas informações devido à falta de caracterização dos peptídeos antimicrobianos (AMPs). Apesar da alta massa molecular (MM), essas globulinas podem se fragmentar em três partes por ação de enzimas próprias e serem mais reativas na ação contra as bactérias-alvo, desempenhando ação antimicrobiana. O objetivo foi analisar por ferramentas proteômicas proteínas e peptídeos com ação antimicrobiana sintetizados em sementes de soja durante a germinação. Essas sementes foram germinadas, pulverizadas com líquido e maceradas com tampão com inibidores de proteases. A amostra foi precipitada com ácido tricloroacético a 10% em acetona, e o pellet foi solubilizado. Eletroforese desnaturante sugeriu a presença das porções ácidas e básicas das glicininas, assim como das subunidades da β -conglucininina. Os extratos proteicos foram separados em eletroforese bidimensional (pH 3-10 e pH 4-7), as proteínas foram tripsinizadas e analisadas por

MALDI-TOF/TOF, evidenciando clivagens proteolíticas entre argininas e glicinas, gerando grupos de glicininas com baixas MM. Esses fragmentos, denominados peptídeos básicos de glicinina (GBP), possuem ação descrita na literatura contra algumas bactérias e fungos, apresentam natureza catiônica e MM próxima a 20 kDa. Análises filogenéticas e *pairwise distance* das sequências de aminoácidos das glicininas por BLASTp nas bases de dados Viridiplantae e *Glycine max* mostraram similaridade entre as glicininas presentes nas sementes de soja. Estes resultados corroboraram para explicar uma potencial ação de defesa de sementes de soja pela ação dos GBP contra alguns patógenos, dentre eles *Ralstonia solanacearum* e *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*, aqui testados.

Palavras-chave: *Glycine max*; glicininas; agentes antimicrobianos; eletroforeses.

Agradecimento: CNPq, CAPES, FAPEMIG e NuBio-Mol.

1. Mestrando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil. *wassalivaladares05@gmail.com.
2. Professora do Departamento de Nutrição. Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba-MG, Brasil.
3. Professor do Departamento de Agronomia. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.
4. Professora do Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG, Brasil.

SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA PARA CICLO E PRODUTIVIDADE DE SEMENTES DE LINHAÇA DOURADA

Ana Carolina da C. L. Fioreze¹; Ana Caroline B. Konkol²; Karol Anne Krassmann³; Alison Lucas Garcia⁴; Clarice Elisabete Antunes⁵; Cirio Parizotto⁶

O ganho genético é estimado para nortear o melhorista quanto a melhor estratégia de seleção, que pode ser realizada de maneira direta, selecionando os melhores indivíduos para o caráter em questão. Em outras situações é relevante estimar a possibilidade de ganho indireto de caracteres, consequência da correlação existente entre ambos. Sob esta ótica, foi desenvolvido o presente estudo que objetivou estimar os ganhos genéticos na seleção direta e indireta para a duração do ciclo e produtividade de sementes em linhagens de linhaça dourada. Foram realizadas seleções de plantas com dois objetivos: seleção 1) plantas com maturação precoce e; 2) plantas com maior produtividade de sementes. Na sequência, dois testes de linhagens foram montados com 62 linhagens que apresentaram maturação precoce e 73 linhagens com maior produtividade de sementes. O desempenho das linhagens foi testado, em delineamento de blocos ao acaso com três repetições, juntamente com a testemunha (população original), na Universidade Federal de Santa Catarina, Curitibanos (SC). Os dados foram analisados e com base nas esperanças matemáticas dos quadrados médios foram estimadas as variâncias e os coeficientes de herdabilidade. Os ganhos genéticos diretos e indiretos foram estimados com base no diferencial de seleção usando a testemunha como referência. Os ganhos diretos para dias para maturação e para a produtividade de grãos foram respectivamente de 3,6 e 71,7%, mostrando que a linhagem mais precoce da seleção para a

precocidade, apresentou maturação das cápsulas cinco dias antes da testemunha, e a linhagem mais produtiva da seleção para a produtividade de sementes, apresentou produtividade de sementes 584,2 kg ha⁻¹ superior a testemunha. Contudo, na seleção para a maturação precoce, a escolha da linhagem mais produtiva resultaria em um ganho de 0,65% em dias para maturação (redução de um dia de ciclo) e a escolha da linhagem mais precoce resultaria na perda de 5,6% na produtividade (43,9 kg ha⁻¹). Já para as linhagens que foram selecionadas para maior produtividade, os ganhos indiretos seriam de 1,2 e 4,3%, onde a linhagem mais precoce teria uma redução de dois dias no ciclo e um aumento de 35,3 kg ha⁻¹ em produtividade. Os ganhos genéticos diretos refletem a maior amplitude de variação para a produtividade de sementes na seleção realizada para a mesma característica, e a presença de linhagens com produtividade bastante superior à população base (testemunha). Já a seleção de linhagens com ciclo mais curto não mostrou a mesma eficiência, pois embora houve grande amplitude de variação entre elas, o coeficiente de herdabilidade, foi inferior ao estimado para a produtividade de sementes. Fica evidente que a estimativa dos ganhos diretos e indiretos são de extrema importância para o desenvolvimento de genótipos superiores de linhaça dourada.

Palavras-chave: ganho genético; diferencial de seleção; maturação precoce; genótipos superiores.

1. Profa. Dra. na área de Melhoramento Genético de Plantas na Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos (ana.lara@ufsc.br).
2. Graduanda em Agronomia Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos (anacarolinebkonkol@gmail.com).
3. Graduanda em Agronomia Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos (karolanne_0002@hotmail.com).
4. Graduando em Agronomia Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos (lucasgarcia.alison@gmail.com).
5. Pós-graduanda Universidade Federal de Santa Catarina, Curitibanos (clarice.antunes@ufsc.br).
6. Pesquisador na Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina, Campos Novos (cirio@epagri.sc.gov.br).

SENESCÊNCIA FOLIAR TARDIA E TOLERÂNCIA À SECA EM ARROZ DE TERRAS ALTAS (*O. SATIVA L.*) SUPEREXPRESSANDO O GENE *OSCPK5*

Thais Ignez da Cruz;^{1*} Dhiôvanna Corrêia Rocha;¹ Rosana Pereira Vianello;² João Antônio Mendonça;³ Claudio Brondani²

Estiagens de duas a três semanas comprometem a produtividade em lavouras de arroz de terras altas, principalmente se ocorrerem no estágio reprodutivo das plantas. Esse trabalho objetivou avaliar parâmetros fisiológicos, fenotípicos e quantificação da expressão gênica em plantas geneticamente modificadas (GM) da cultivar BRSMG Curinga superexpressando o gene *OsCPK5*, em comparação às não modificadas geneticamente (NGM). *OsCPK5* foi clonado em vetor binário e inserido no genoma de arroz via *Agrobacterium tumefaciens*. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com quatro repetições por tratamento com e sem deficiência hídrica, a qual foi aplicada aos 80 dias após o plantio, no estágio reprodutivo das plantas do Evento 4 (geração T4), e se estendeu por 15 dias. A quantificação por qPCR mostrou um aumento da expressão do gene *OsCPK5* em plantas GM a partir da fase de enchimento de grãos (fase R6) (93 dias após a semeadura - DAS) em ambos os tratamentos hídricos, permanecendo estável no NGM. Não houve diferença entre os genótipos GM e NGM na eficiência intrínseca (WUE_{intr}) e eficiência instantânea (iWUE) do uso da água, porém no tratamento de seca, plantas GM apresentaram maior WUE_{intr} logo após o período de restrição hídrica. Correlações negativas ocorreram em plantas GM aos 93 DAS entre WUE_{intr} e a concentração de carbono interno (Ci) ($r = -1$, $p < 0,01$) e WUE_{intr} e transpiração (E) ($r = -0,99$, $p < 0,05$); e aos 101 DAS (fase R8) entre iWUE e condutância estomática (gs) ($r = -0,99$, $p < 0,05$), indicando que, para aumentar

a eficiência no uso da água, seria necessário alterar a relação entre com gs, E e Ci. Aos 101 DAS a razão entre clorofila a/b em plantas GM foi maior que em NGM, tanto no tratamento de seca (15,5% maior), quanto no irrigado (7,4% maior), indicando um estado fisiológico superior. No tratamento de seca, plantas GM continuaram normalmente seu desenvolvimento após a restrição da irrigação, enquanto as plantas NGM tornaram-se senescentes. A quantificação de expressão do gene *MnSOD*, que codifica a enzima superóxido dismutase, a qual compõe a linha de defesa contra estresse oxidativo, e desempenha um papel crítico na sobrevivência das plantas sob estresse ambiental, revelou que as plantas GM apresentaram maior expressão desse gene aos 79 DAS (fase R3) e 93 DAS, em ambos os tratamentos hídricos, permanecendo estável ao longo do ciclo em plantas NGM. Adicionalmente, no tratamento de seca, plantas GM apresentaram menor decréscimo em sua produtividade (47,7%) quando comparadas as plantas NGM (53,4%), em relação ao tratamento irrigado. Logo, as alterações fisiológicas, fenotípicas e de expressão gênica, a partir da superexpressão do gene *OsCPK5*, podem ser melhor exploradas para desenvolvimento de cultivares de arroz com maior tolerância à seca e com senescência foliar tardia.

Palavras-chave: expressão gênica; estresse abiótico; déficit hídrico; produtividade.

Agradecimento: CAPES, Embrapa Arroz e Feijão.

1. Mestrandas em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *thais.ignez@gmail.com.

2. Pesquisadores da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

3. Auxiliar técnico da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

SOLUBILIZAÇÃO DE FOSFATO POR FUNGOS ISOLADOS DA RIZOSFERA DE SOJA

Denise Almeida Fonseca Fiuza;^{1*} Natasha Taline dos Santos Trombela;² Tenille Ribeiro de Souza;³ Cintia Faria da Silva;⁴ Luciana Cristina Vitorino;⁵ Edson Luiz Souchie⁵

Os micro-organismos solubilizadores de fosfato são capazes de liberar íons fosfato de compostos inorgânicos, o que torna o fósforo (P) disponível às plantas e contribui para o aumento da produtividade das culturas. Objetivou-se com esse trabalho, avaliar o potencial de isolados fúngicos em solubilizar fosfato de cálcio (CaHPO_4) *in vitro*. A partir do isolamento de 40 fungos rizosféricos de soja (*Glycine max* L.) de solos do Cerrado em meio de cultura GELP (10 g glicose, 5 g peptona, 0,05 g de extrato de levedura, 15 g ágar), adicionado de CaHPO_4 , foram selecionados 33 isolados para avaliação quantitativa. Para isso, discos de 5 mm de diâmetro foram retirados das bordas das colônias fúngicas crescidas em meio de cultura batata dextrose ágar (BDA), a 28°C, por 5 dias. Em seguida, foram transferidos para o meio de cultura líquido GL (10 g glicose, 2 g extrato de levedura) adicionado de 1,26 g L⁻¹ de CaHPO_4 , permanecendo sob agitação a 90 rpm, a 30 °C, por 72h. Para quantificação do P inorgânico, foi utilizado o método colorimétrico da vitamina C, a 725 nm. Todas as leituras foram realizadas em triplicata. Como controle, utilizou-se o meio de cultura GL adicionado da fonte fosfatada. Posteriormente, foi realizada a medição do pH. Os dados obtidos da atividade solubilizadora de fosfato e pH foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste Scott-Knott (5%). Constatou-se que, dos 33 isolados testados, 25 (75,7%) atingiram potencial de solubiliza-

ção do fosfato de cálcio com variação de 8,25 a 74,33 mg mL⁻¹ de P solúvel. Estas diferenças de valores são atribuídas à eficiência de cada isolado. O pH do meio de cultura variou de 2,76 a 5,79. A capacidade solubilizadora é frequentemente associada à produção de ácidos orgânicos de baixo peso molecular, ou seja, com o decréscimo do pH do meio de cultura, a solubilização de P aumenta, o que foi confirmado pela análise de correlação entre o pH e a quantidade de fosfato solubilizado ($r = -0,75$; $p < 0,05$). A utilização de fungos solubilizadores de fosfato como inoculante comercial ou no manejo de suas populações, como forma de promover uma melhor utilização do P existente no solo ou adicionado como fertilizante, traduz-se em recurso biotecnológico para reduzir os custos de produção e aumentar a sustentabilidade dos agrossistemas.

Palavras-chave: micro-organismos; fósforo; fertilidade do solo; sustentabilidade; Cerrado.

Agradecimento: IF Goiano – Campus Rio Verde, FAPEG, CNPq, CAPES.

1. Doutoranda em Ciências Agrárias-Agronomia. Instituto Federal Goiano. Rio Verde-GO, Brasil. *denisefuza@hotmail.com.
2. Graduanda em Agronomia. Instituto Federal Goiano. Rio Verde-GO, Brasil.
3. Pós doutoranda em Ciências Agrárias-Agronomia. Instituto Federal Goiano. Rio Verde-GO, Brasil.
4. Professora do Curso de Agronomia. Unibrás-Faculdade Rio Verde-GO, Brasil.
5. Prof(a). Dr(a). Laboratório de Microbiologia Agrícola, Instituto Federal Goiano. Rio Verde-GO, Brasil.

SUPEREXPRESSÃO DO GENE OVP1 NA CULTIVAR DE ARROZ BRSMG CURINGA (*ORYZA SATIVA L.*)

Dhiôvanna Corrêia Rocha,^{1*} Thaís Ignez da Cruz,¹ João Antônio Mendonça,² Rosana Pereira Vianello,³
Claudio Brondani³

A cultivar de arroz terras altas BRSMG Curinga foi transformada via *Agrobacterium tumefaciens* resultando em 16 eventos independentes de arroz superexpressando o gene *OVP1* (*Oryza Vacuolar Pyrophosphatase*). O gene *OVP1* codifica uma proteína capaz de bombear prótons através de membranas usando a energia da quebra do pirofosfato inorgânico (PP_i). Como consequência, a *OVP1* está envolvida em diversas rotas metabólicas, com múltiplas funções na planta. Esse trabalho teve como objetivo avaliar, no estágio reprodutivo, o efeito da superexpressão do gene *OVP1* sobre alguns aspectos morfológicos e fisiológicos da cultivar BRSMG Curinga geneticamente modificada (GM). Dentre os 16 eventos, o *OVP1-E4* foi selecionado experimentalmente por apresentar maior produtividade de grão e melhor arquitetura de planta. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com quatro repetições para os genótipos *OVP1-E4* (GM, geração T5) e BRSMG Curinga não geneticamente modificado (NGM). Foram obtidos ao final do experimento os dados de peso dos grãos, a largura e o comprimento da folha bandeira. Durante os estádios R2, R4, R6, R7 e R9 foram coletados dados fisiológicos com o aparelho IRGA (Infrared Gas Analyzer) e com um clorofilômetro portátil. Para análise estatística foram realizados os testes “t” de Student, ANOVA e Tukey (p<0,05). O evento *OVP1-E4* apresentou um ganho de 19,98% no peso dos grãos em relação às plantas NGM e tiveram folha bandeira com um comprimento 9% maior. Para os dados fisiológicos, houve

diferença significativa entre os genótipos na fase R6, quando ocorre o enchimento de grãos. Durante esse período, as plantas GM apresentaram maior quantidade de clorofila B disponível para recepção de luz e tiveram uma taxa fotossintética 53% maior. O evento *OVP1-E4* também foi mais eficiente no uso intrínseco da água, teve maior condutância estomática e maior taxa transpiratória. A superexpressão do gene *OVP1* fez com que as plantas transformadas apresentassem maior produtividade, comprimento foliar e provocou alterações fisiológicas importantes na fase de enchimento dos grãos (R6). Estudos adicionais estão sendo realizados em solos com baixa fertilidade, a fim de comparar o desempenho de plantas *OVP1-E4* e NGM.

Palavras-chave: superexpressão; *OVP1*; arroz.

Agradecimentos: CAPES, Embrapa Arroz e Feijão e CNPq.

-
1. Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *dhiovannarocha@gmail.com.
 2. Assistente técnico. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.
 3. Pesquisadores. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

SUPERFAMÍLIAS DE ELEMENTOS TRANSPONÍVEIS IDENTIFICADAS NO GENOMA PARCIAL DE *PTERODON PUBESCENS* BENTH. (LEGUMINOSAE)

Júlio Gabriel Nunes Stival;^{1, 2*} Thannya Nascimento Soares;³ Adriana Maria Antunes Taquary⁴

A espécie *Pterodon pubescens* Benth., comumente conhecida como sucupira-branca, é uma leguminosa amplamente distribuída no Bioma Cerrado. Essa espécie possui grande valor para as comunidades brasileiras, principalmente devido ao potencial medicinal de seus fitoextratos, que apresentam diversas propriedades farmacológicas comprovadas por estudos científicos. O objetivo deste estudo foi identificar as superfamílias de Elementos Transponíveis (TEs) no genoma parcial de *P. pubescens*. Os TEs são sequências de DNA capazes de se mover entre cromossomos e até entre genomas, e constituem a maior parte dos genomas de eucariotos. Para a realização deste estudo foram coletadas folhas de *P. pubescens* para extração de DNA e montagem de bibliotecas genômicas. O sequenciamento foi realizado com a plataforma Illumina MiSeq e sequências de baixa qualidade foram removidas no *software* Trimmomatic, utilizando o parâmetro Phred Q>20 como limiar mínimo de qualidade das sequências. A montagem do genoma foi realizada com o *software* dipSPAdes. As sequências organelares foram removidas. Para identificação dos TEs foi usada uma combinação de anotação baseada em similaridade, realizada com o *software* RepeatMasker, e anotação *de novo*, realizada com o *software* RepeatModeler. No total, foram encontrados 110.740 TEs em 118 Mb de sequências genômicas montadas, dos quais 13,61% (15.078 elementos) foram identificados exclusivamente pela metodologia baseada em similaridade, 63,43% (70.278 elementos) foram identificados exclusivamente pela metodologia *de novo* e 22,92% (25.384 elementos) foram identificados por ambas as metodologias. A combinação dessas duas metodologias é importante porque a anotação baseada em homologia gera resultados de alta confiança, pois compara as sequências com TEs previamente caracterizados. No entanto a anotação de novos TEs, ainda não identificados em outras espécies do banco de dados usado, só é possível com a metodologia *de novo*, que identifica

os TEs com base em sua estrutura genômica. As metodologias usadas permitiram identificar superfamílias de TEs em 27,13% do genoma de *P. pubescens*, das quais se destacam Ty3-gypsy (38.864 TEs), Ty1-copia (19.955 TEs), LINE/L1 (4.510), RTE-BovB (2.927 TEs), CMC-EnSpm (2.103 TEs), Caulimovirus (1.912 TEs), hAT-Tag1 (1.699 TEs), MuLE-MuDR (1.640 TEs), Helitron (1302 TEs), hAT-Ac (593 TEs), PIF-Harbinger (489 TEs), hAT-Tip100 (228 TEs), Crypton (59 TEs), TcMar-Stowaway (53 TEs), hAT-Charlie (27 TEs) Cassandra (2 TEs), LINE/CRE (1 TE). Foram identificadas superfamílias pertencentes às classes retrotransposons e DNA transposons. As superfamílias Ty3-gypsy e Ty1-copia foram as mais frequentes, resultado esperado, uma vez que são as mais comuns em genomas de plantas. Este estudo contribui para a caracterização genômica de *P. pubescens* e abre caminhos para novas pesquisas, como o uso de TEs em análises filogenéticas e o desenvolvimento de marcadores moleculares baseados em TEs.

Palavras-chave: sucupira; bioinformática; sequenciamento de nova geração; análise *de novo*.

Agradecimento: Este trabalho foi realizado com recursos do PRONEM (Programa de Apoio a Núcleos Emergentes PRONEM/FAPEG/CNPq Chamada Pública Nº 07/2016) e do grupo de trabalho em Genética e Genômica Evolutiva, vinculado à linha de pesquisa “Planejamento em Conservação e Uso Sustentável da Biodiversidade” do Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia - Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT-EECBio CNPq/FAPEG). Foi apoiado também pela bolsa do Programa Nacional de Pós Doutorado da CAPES (PNPD/CAPES) vinculada ao Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGMP) da Universidade Federal de Goiás.

1. Graduando em Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *juliogabrielnunesstival@hotmail.com.

2. Discente no Programa de Iniciação Científica.

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

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

TRANSFORMAÇÃO MEDIADA POR *AGROBACTERIUM RHIZOGENES* EM DUAS VARIEDADES DE *MIMOSA GRACILIS BENTH.* (FABACEAE - MIMOSOIDEAE) PARA INDUÇÃO DE RAÍZES ADVENTÍCIAS

Gabriel Mamédio de Freitas;^{1*} Sergio Tadeu Sibov²

Mimosa gracilis Benth. subsp. *gracilis* é uma espécie nativa do Brasil, encontrada no Cerrado e cujas raízes são utilizadas como recurso medicinal alternativo para acidentes ofídicos. No entanto, não há na literatura trabalhos sobre formas de propagação e confirmação de suas propriedades medicinais. Duas variedades desta subespécie, *invisiformis* e *capillipes*, foram estabelecidas *in vitro*. Porém, este estabelecimento não induziu produção de raízes em quantidade satisfatória para estudos fitoquímicos em ambas as variedades. Como o estudo das raízes é um ponto chave para o entendimento das propriedades medicinais, optou-se pela indução de raízes adventícias via transformação genética mediada por *Agrobacterium rhizogenes*. Plantas oriundas de germinação *in vitro* e com aproximadamente trinta dias de cultivo foram utilizadas nesse experimento. A linhagem selvagem de *Agrobacterium rhizogenes* K599 foi cultivada e conservada seguindo protocolos já estabelecidos na literatura e a infecção das variedades de *M. gracilis* com *A. rhizogenes* ocorreu pela aplicação da suspensão bacteriana no material vegetal e manutenção em sala de crescimento, em tubos de ensaio com vermiculita esterilizada umedecida com meio de cultura MS líquido. O material vegetal foi imergido em ressuspensão de *pellet* bacteriano e mantido sob agitação a 100 rpm durante 20 minutos, e inoculado em meio MS acrescido do antibiótico tetraciclina na concentração de 50 mg/L. Não houve indução de raízes adventícias na variedade *invisiformis*. No entanto, houve surgimento de raízes adventícias 15 dias após a inoculação do extrato bacteriano, na variedade *capillipes*. O presente resultado mostra que é possível

indução de raízes adventícias nessa subespécie, mas o protocolo ainda necessita ser ajustado para as condições de cada variedade.

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

Agradecimento: CAPES.

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

2. Professor - Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Genética, UFG/Goiânia/GO-Brasil.

VALIDAÇÃO DE MARCADORES SNP ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA A DOENÇAS EM FEIJOEIRO COMUM

Lucas Matias Gomes;^{1*} Joney Pereira Monteiro Júnior;² Luana Alves Rodrigues;³ Leonardo Cunha Melo;⁴ Helton Santos Pereira;⁴ Rosana Pereira Vianello;⁴ Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁴

O emprego das ferramentas moleculares em apoio aos programas de melhoramento genético somente será efetivo a partir do uso de marcadores geneticamente informativos e/ou associados a caracteres de interesse agrônomo possibilitando uma análise efetiva, que promova redução de tempo e custos no processo de seleção. Diante disso, a validação de marcadores moleculares previamente identificados como associados a locos de interesse dos programas é uma etapa de pesquisa essencial que não pode ser negligenciada. Dentre as doenças que ocorrem no feijoeiro comum, a antracnose, mancha-angular e crestamento-bacteriano-comum acarretam grandes prejuízos na produção nacional. O objetivo desse estudo é validar um conjunto de marcadores SNPs associados a importantes alelos de resistência a essas doenças no germoplasma de feijão da Embrapa. Foram avaliados 10 marcadores SNPs associados a importantes locos de resistência em feijão, sendo seis SNPs para mancha-angular (*Phg-1*, *Phg-2* e *Phg-5*), três para antracnose (*Co-4²* e *Co-u*) e um para crestamento-bacteriano-comum (*CBB-QTLSU91*). Esses SNPs foram selecionados a partir de um portfólio de marcadores oferecido pela empresa Intertek Agritech (Suécia), na qual também foram conduzidas as genotipagens. Foram utilizados 376 genótipos de feijão previamente avaliados na Embrapa quanto à resistência/suscetibilidade a essas doenças, compondo um painel de genótipos com respostas contrastantes para as doenças em questão. Dos 10 SNPs avaliados, cinco apresentaram potencial para uso na seleção assistida:

snpPV0046 (*Co-u*), snpPV0068 (*Co-4²*) e snpPV0070 (*Co-4²*), snpPV0039 (*CBB-QTLSU91*), snpPV0025 (*Phg-2*). O snpPV0046 amplificou o alelo-alvo (associado à resistência) no genótipo BAT 93, caracterizado como portador do alelo *Co-u* e, também, em 12 cultivares resistentes e que integram o painel de diferenciadoras de raças de antracnose. Os marcadores snpPV0068 e snpPV0070 apresentaram os alelos-alvo de resistência nos genótipos G2333, SEL1308, PI207262, K-10, K-13 e CNFC5547, que são fontes do *Co-4²*. O snpPV0039 amplificou o alelo-alvo no genótipo CB 911921 e na cultivar BRS Esplendor, portadoras do alelo *CBB-QTLSU91* oriundo de *Phaseolus acutifolius*, responsável pela resistência ao crestamento-bacteriano-comum. O snpPV0025 apresentou o alelo-alvo nos genótipos México 54 e Cornell 49-242, que são fontes conhecidas do alelo *Phg-2*. Os cinco marcadores SNPs validados neste estudo apresentam um grande potencial para auxiliarem na seleção de genótipos portadores de alelos de resistência em diversas etapas do programa de melhoramento e podem ser prontamente integrados à rotina da seleção assistida por marcadores.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; Seleção assistida por marcadores; Antracnose; Crestamento-bacteriano-comum; Mancha-angular.

Agradecimentos: FAPEG, CAPES, CNPq e Embrapa Arroz e Feijão.

1. Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, Brasil. *lucasmatyasgomes@gmail.com.
2. Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, Brasil
3. Analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.
4. Pesquisadores da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO, Brasil.

VIABILIDADE POLÍNICA DE ACESSOS DE ARAÇAZEIROS (*PSIDIUM CATTLEYANUN*)

Kevelin Barbosa Xavier;¹ Larissa Souza Viana;² Adrielen Laiza Valiguzski;¹ Telma Nair Santana Pereira^{3*}

Myrtaceae é uma família botânica composta por 140 gêneros, dentre eles o *Psidium*, que engloba cerca de 100 espécies, dentre as quais temos *Psidium guajava* (goiabeira) e *Psidium cattleyanum* (araçazeiro). O Brasil é o sétimo maior produtor mundial de goiaba. A goiabeira está sujeita a pragas e doenças, sendo a doença Declínio da Goiabeira a mais preocupante. Esta doença é causada pela interação entre o fungo *Fusarium solani* e o nematoide *Meloidogybe ebterolobii* e tem como sintomas a podridão das raízes, acarretando em deficiências nutricionais, clorose, queimadura e queda das folhas, redução da produtividade e, até mesmo, morte da planta. Acessos de araçazeiros apresentam resistência ao nematoide e, conseqüentemente, à doença. Pesquisadores tem tentado enxertias e cruzamentos entre *P. guajava* e *P. cattleyanum* visando obter material resistente, porém, sem sucesso, devido à incompatibilidade. Esta incompatibilidade se dá pela diferença de ploidia existente entre estas espécies, sendo a goiabeira diploide ($2n = 2x$) e o araçazeiro poliploide, com ploidia variando de $2n = 3x$ (triplóide) a $2n = 8x$ (octaplóide). Gerar informações básicas, sobre os araçazeiros, é importante para o uso em programas de melhoramento de goiabeira que, ainda buscam alternativas para solucionar a susceptibilidade a esta doença. Estudos palinológicos são importantes para o conhecimento da estrutura reprodutiva masculina, o pólen. Características como viabilidade polínica, tamanho, formato, número e tipo de aberturas germinativas, unidade polínica, estrutura e escultura da parede são essenciais em trabalhos de melhoramento genético e conservação de germoplasma. A análise da

viabilidade polínica indica a porcentagem de grãos de pólen que estão aptos para a fertilização. Para estimar a viabilidade polínica, foram coletados botões florais em pré-antese de um acesso de goiabeira e seis acessos de araçazeiros, e fixados em solução Carnoy 3:1; no preparo das lâminas foi utilizada a solução tripla de Alexander. As lâminas foram observadas e contados 1500 grãos de pólen por acesso. A taxa de Grãos de Pólen Viáveis (GPV (%)) foi estimada pela razão entre o Número de Grãos de Pólen Viáveis (NGPV) e o Total de Grãos de Pólen Observados (TGPO). O acesso UENF F2P3 (goiabeira Paluma) foi usado como controle e apresentou GPV (%) de 97%, considerada alta. Os acessos de araçazeiros UENF F5P4 e UENF F4P8, apresentaram respectivamente GPV(%) de 90,4% e 83,2% e foram classificados como altamente viáveis; os acessos UENF F2P1, UENF F1P1 e UENF F3P1 apresentaram respectivamente GPV(%) de 74,7%, 74,0% e 69,1% e foram classificados como de viabilidade média, já o acesso UENF F2P5 apresentou GPV(%) de 55,5% sendo portando classificado como de baixa viabilidade. Conclui-se desse modo que os acessos de araçazeiros apresentam viabilidade de alta à baixa e, portanto, outros estudos estão em andamento para gerar outras informações da capacidade reprodutiva desses acessos.

Palavras-chave: melhoramento de goiabeira; palinologia; citogenética; pólen.

Agradecimento: CAPES, FAPERJ, UENF.

1. Mestrandas em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil.
2. Pós-doutoranda do Laboratório de Citogenética. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil.
3. Professora Associada da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil. *telmasp@uenf.br.

VIGOR DE SEMENTES DE SOJA COM E SEM APLICAÇÃO DE NITROGÊNIO

Marcio Andrei Capelin,^{1*} Laura Alexandra Madella,² Fabiana Barrinouevo,³ Maiara Cecília Panho,² Ana Claudia Rosa,² Giovani Benin⁴

Um fator importante na cultura da soja é a qualidade de sementes, definida pelos parâmetros genéticos, físicos, fisiológicos e sanitários. O suprimento de nitrogênio (N) através da fixação biológica e da mineralização da matéria orgânica geralmente é suficiente para alcançar altos rendimentos na soja. Contudo, a fixação biológica pode ser limitada por inúmeras condições ambientais como baixa umidade do solo, extremos do pH, temperatura do solo e solo compactado. Estes fatores podem resultar em suprimento insuficiente de N as plantas de soja. Atrélado a todas as variáveis citadas anteriormente está a armazenagem, que tanto pode retardar, quanto antecipar os processos deteriorativos da semente. O objetivo do presente trabalho foi verificar por meio da análise de envelhecimento acelerado o vigor médio de 28 cultivares de soja cultivadas na safra 2018/19 em Realeza – PR, com e sem a aplicação de Nitrogênio. Os genótipos avaliados foram: M5917 IPRO, BMXPONTA IPRO, M5730 IPRO, BMXGARARA IPRO, M5705 IPRO, BMXRAIO IPRO, DM5958 IPRO, BMXÍCONE IPRO, BMXELITE IPRO, AS3730 IPRO, AS3610 IPRO, BMXLANÇA IPRO, M6210 IPRO, NS5959 IPRO, NS6909 IPRO, NS7709 IPRO, M6410 IPRO, NS6906 IPRO, NS6006 IPRO, NA5909 RG, M5838 IPRO, P95R51 IPRO, NS5445 IPRO, NS6601 IPRO, NS7300 IPRO, M5947 IPRO, NS6828 IPRO e TMG7062 IPRO. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições.

A aplicação de N foi realizada no período de início de enchimento de grãos (R5.1), na quantidade de 75kg/ha. A colheita foi realizada em estágio de maturação fisiológica (R8) com correção para 13% de umidade. O vigor foi avaliado através do teste de envelhecimento acelerado (EA), onde foram utilizadas 200 sementes por repetição, e cada amostra foi subdividida em quatro subamostras de 50 sementes. Foram utilizadas caixas de poliestireno transparente com tampa (gerbox), contendo 40 ml de água destilada. Sobre os recipientes foi utilizada uma tela de 2mm para a sustentação das sementes. As caixas foram mantidas à temperatura de 41 °C por 48 horas. Após esse período, as sementes foram colocadas para germinar. O local de armazenagem foi à sombra em barracão protegido de umidade sem controle de temperatura. Logo após o período de colheita, o vigor médio obtido das cultivares produzidas em Realeza-PR com e sem aplicação de N foi 90,37% e 89,38% respectivamente e após 180 dias de armazenamento, o vigor médio observado foi de 73,73% e 63,66% respectivamente. Esse resultado demonstra que a aplicação de nitrogênio em cobertura aumenta o vigor de sementes de soja, podendo ser uma alternativa de manejo para quando se busca elevado potencial fisiológico de sementes.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Vigor; Nitrogênio.

1. Doutorando em Agronomia. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco - PR, Brasil. *macapelin@gmail.com.
2. Mestrandas 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. Professor da Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco - PR, Brasil.

SOBRE O E-BOOK

Tipologia Minon Pro, Univers, Chaparral Pro

Publicação Cegraf UFG
Câmpus Samambaia, Goiânia-Goiás,
Brasil. CEP 74690-900
Fone: (62) 3521-1358
<http://cegraf.ufg.br>
