SIGM

IX INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON
GENETICS AND BREEDING

BIG DATA: Dos dados aos resultados

ANAIS

Gen Melhor

Grupo de Estudos em
Genética e Melhoramento

VIÇOSA - MG - 2018

IX SIGM

IX Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento

1ª edição

Viçosa – MG

2018

IX SIGM

IX Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento

Editores:

Thaís Carolina da Silva Dal'Sasso
Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho
Bruno de Almeida Soares
Isabella Cristina Cavallin
Rafael Ravaneli Chagas
Maikon Guerith Baptistella da Silva
Ramon Golçalves de Paula
Diondevon Rocha de Oliveira
Ivan de Paiva Barbosa
Ronaldo Machado Junior
Michelle Brandão Damacena
Cleverson Freitas de Almeida

Viçosa – MG

2018

Ficha catalográfica elaborada pela Seção de Catalogação e Classificação da Biblioteca Central da UFV

S612 Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento
2018 (9. : 2018 : Viçosa, MG)
Big Data: dos dados aos resultados : anais ... [do] IX Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento = proceedings of the IX International Symposium on Genetics and Breeding / Grupo de Estudos em Genética e Melhoramento ; Editores: Thaís Carolina da Silva Dal'Sasso … [*et al.*]. - Viçosa, MG : UFV, GenMelhor, 2018.
1 livro eletrônico (PDF, 1,8 MB).

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader.
Modo de Acesso: World Wide Web:
<https://www.genmelhor.com.br/>
Textos em português e inglês.
ISBN: 978-85-93566-04-2

1. Melhoramento genético – Congressos. 2. Big data. 3. Biotecnologia. 4. Biologia molecular. 5. Aprendizado do computador. 6. Genética quantitativa. 7. Animais – Melhoramento genético. 8. Plantas – Melhoramento genético. I. Dal'Sasso, Thaís Carolina da Silva, 1989-. II. Rosmaninho, Lucas Barbosa de Castro, 1994-. III. Soares, Bruno de Almeida, 1993-. IV. Cavallin, Isabella Cristina, 1992-. V. Chagas, Rafael Ravaneli, 1992-. VI. Silva, Maikon Guerith Baptistella da, 1992-. VII. Paula, Ramon Golçalves de, 1989-. VIII. Oliveira, Diondevon Rocha de, 1993-. IX. Barbosa, Ivan de Paiva, 1990-. X. Machado Junior, Ronaldo, 1991-. XI. Damacena, Michelle Brandão, 1990-. XII. Almeida, Cleverson Freitas de, 1989-. XIII. Universidade Federal de Viçosa. Grupo de Estudos em Genética e Melhoramento. XIV. International Symposium on Genetics and Breeding (9. : 2018 : Viçosa, MG). XV. SIGM (9. : 2018 : Viçosa, MG). XVI. Anais do IX Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento. XVII. Proceedings of the IX International Symposium on Genetics and Breeding. XVIII. Título.

CDD 22. ed. 631.52

Bibliotecária responsável Bruna Silva CRB6 /2552

SUMÁRIO

ANÁLISES COMPUTACIONAIS E APRENDIZAGEM DE MÁQUINA 12
Image recognition for classification of sugarcane genotypes resistant to smut 13
Insertion sequences in the genome of two Brazilian strain of *Ralstonia solanacearum* 14
Interação entre proteínas associadas a SNPs para altura de planta, vigor vegetativo e diâmetro de copa em *Coffea canephora*..... 15
Modelagem matemática do metabolismo do café durante a infecção por *Hemileia vastatrix* revela mecanismo de resistência mediado por glicerol-3-fosfato..... 16
Montagem e caracterização do genoma organelar da espécie selvagem *Saccharum officinarum* 17
Predição de rede de interações e identificação de módulos funcionais entre proteínas de *Coffea canephora* 18
Redes neurais bayesianas para previsão de diagnóstico de gestação em vacas cruzadas..... 19
Uso de mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM) no estudo de diversidade dos frutos de *Attalea maripa* (*Aubl.*) Mart. 20
Utilização de inteligência computacional na predição do valor genético 21
Widespread distribution of prophage-encoded potential host fitness factors in *Ralstonia solanacearum* megaplasmid..... 22
BIOLOGIA MOLECULAR E BIOTECNOLOGIA.....23
Activated charcoal on production of callus in leaf explants of macaúba palm 24
Análise de expressão de genes e proteínas envolvidos com a mobilização de nutrientes em eixo embrionário de soja..... 25
AtWWP1, uma proteína com domínio WW, liga-se a DNA viral e pode ser parte da resposta de defesa contra begomovírus..... 26
Avaliação de diferentes concentrações de mio-Inositol na embriogênese somática de dendezeiro *(Elaeis guineensis)*..... 27
Behavior and gut microbiome composition of the stingless bee *Partamona helleri* under sublethal exposure of the leaf fertilizer copper sulphate and the bioinsecticide spinosad 28
Calibration of conidia and resazurin concentrations for microtiter bioassays to test *Corynespora cassiicola* sensitivity to site-specific fungicides 29
Conexão molecular entre supressão de tradução e inibição de fotossíntese: um caso para NIK1 e LIMYB..... 30
Diferenças ultraestruturais entre células embriogênicas e meristemáticas durante embriogênese somática de *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. 31
Divergência genética entre progênies e matrizes de *Syzygium cumini* 32
Diversidade genética de *Artocarpus heterophyllus* Lam em regiões do Recôncavo da Bahia 33

Diversidade genética de *Hymenaea courbaril* (Fabaceae) por meio de marcadores moleculares SSR 34
Diversidade genética e seleção fenotípica via modelos mistos na espécie *Coffea arabica* 35
Efeito do fator transcricional LIMYB na síntese de lignina, um componente da imunidade contra geminivírus 36
Efeito do silenciamento dos genes GmERD4 e GmIMT no acúmulo do *Cowpea mild mottle virus* em plantas de soja 37
Estudo das vias moleculares de resposta ao *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV) em soja 38
Estudo de genes candidatos efetores de *Phakopsora pachyrhizi* através de silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro (HIGS) 39
Expressão de genes do centro de reação do fotossistema II em genótipos de arroz submetidos a déficit hídrico recorrente e após 24h de rehidratação 40
Expressão de genes do metabolismo do ácido abscísico em dois genótipos de arroz submetidos a déficit hídrico recorrente 41
Expressão gênica de três UDP-glicolsiltransferases em *Stevia rebaudiana* cultivadas in vitro sob diferentes concentrações de NaCl 42
Filogeografia molecular de duas espécies neotropicais de *Inga* (Leguminosaea) do noroeste da América do Sul 43
Gene regulation and tissue characterization of the cell wall of embryonic axis of soybean seeds during germination 44
Identificação de genes de resistência à *Hemileia vastatrix* em *Coffea* 45
Identificação de LRR receptor like kinase em *Hibrido de Timor 832/2* 46
Identificação de peptídeos antimicrobianos de diferentes genótipos de feijão comum: caracterização bioquímica e enzimática 47
Identificação de SNP significativos associados à resistência a cercosporiose em *Coffea arabica* via GWAS 48
Identification of GmbZIP89 as a possible node of salicylic acid – jasmonate crosstalk in soybean, and its importance during *P. pachyrhizi* infection 49
Identification of transcription factors involved in aluminum tolerance in popcorn (*Zea mays*) by gene expression analysis 50
Impacto gerado na germinação de mutantes de *Arabidopsis thaliana* com baixa biossíntese de lisina submetidas a condições de estresse salino 51
Impactos sobre o aparato fotoquímico fotossintético atribuídos à expressão da 2-oxoglutarato descarboxilase, de cianobactérias, em plantas de *Arabidopsis thaliana* 52
Impacts of 2-oxoglutarate decarboxylase expression from cyanobacteria on physiological and growth parameters in *Arabidopsis thaliana* plants 53
Importância do catabolismo de lisina nos parâmetros de fluorescência da clorofila *a* em *Arabidopsis thaliana* submetida a estresse salino 54
Indução de calos para a embriogênese somática em tecidos foliares de três acessos de macaúba [*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart.] 55
Influência de diferentes concentrações de tiamina na embriogênese somática de dendezeiro *(Elaeis guineensis)* 56

Lipoxigenases podem produzir voláteis responsáveis por induzir respostas de defesa em plantas-controle vizinhas 57
Morfoanatomia de calos embriogênicos provenientes de embriões zigóticos de açaí solteiro (*Euterpe precatoria* Mart.) 58
Níveis de peroxidação lipídica em folhas jovens de palmeiras visando a embriogênese somática 59
Peptídeos em *Plantago major* L. para fins biotecnológicos 60
Protein-protein network analysis reveals patterns involved in aluminum tolerance in popcorn (*Zea mays*) 61
Response of genes involved in oxidative stress under aluminum stress in popcorn (*Zea mays*) 62
Tektin1 protein interacting with regulatory genes of spermatogenesis in mouse 63
Transcriptômica de pessegueiro e ameixeira sob estresse por alagamento: enriquecimento de vias metabólicas 64
Transporters involved in aluminum stress defense response in popcorn (*Zea mays*) 65
Validação de genes de referência para estudos de expressão gênica em RT-qPCR em plantas do gênero *Alternanthera* em resposta ao elicitor metil jasmonato 66
GENÉTICA QUANTITATIVA E ESTATÍSTICA 67
Análise da Endogamia em populações originadas de diversos cruzamentos 68
Análise das frequências alélicas e genotípicas de populações originadas de diversos cruzamentos 69
Analise de adaptabilidade e estabilidade em genótipos de algodão como ferramenta auxiliar para uma recomendação mais precisa 70
Análise multivariada em clones de café conilon 71
Correção para estande em milho pipoca via modelos mistos 72
Correlação entre ambientes na avaliação de cultivares de algodão 73
Correlações genéticas entre caracteres produtivos em milho 74
Decision Tree for classification of cultivars of Irrigated Rice in the State of Minas Gerais 75
Diallel analysis and inbreeding depression of popcorn populations 76
Diversidade genética em híbridos de sorgo granífero 77
Diversidade genética entre famílias de meios-irmãos de *Archontophoenix alexandrae* (Palmeira-real-australiana) 78
Estratificação ambiental na avaliação entre genótipos de milho em segunda safra . 79
Estudo de correlação fenotípica e regressão linear simples entre proteína total e solúvel em RILs de soja derivadas de F5 80
Herdabilidade genômica e capacidade preditiva de características agronômicas via seleção genômica em *Coffea arabica* 81
Heritability of seed protein content in F5-derived soybean RILs 82
Heterosis analysis for tropical and temperate popcorn populations based unrestricted Gardner and Eberhart model 83
Índice de seleção BLUP com genitores e populações F_1, F_2 ou F_3 para a seleção de populações F_2 de soja 84
Índice genômico via regressão bayesiana aplicado ao melhoramento de arroz 85

Influência da ancestralidade e estrutura populacional na herdabilidade genômica em modelos multivariados 86
Influência da ancestralidade e estrutura populacional nos valores genéticos genômicos em modelos multivariados 87
Phenotypic and genetic correlations between seed protein and oil contents in F5-derived soybean RILs 88
Rendimento médio de sementes por cacho de *Archontophoenix spp.* (Palmeira-real-australiana) 89
Uso de seleção genômica na predição do desempenho de híbridos não realizados 90
MELHORAMENTO ANIMAL 91
Aplicação de MRA para avaliação genética de caprinos leiteiros 92
MELHORAMENTO DE PLANTAS 93
Acúmulo de zinco nas folhas de cultivares de café arábica sob restrição nutricional desse nutriente 94
Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de feijão preto e carioca recomendadas no Brasil nos últimos 50 anos 95
Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de arroz irrigado por inundação continua 96
Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes estados dos Estados Unidos 97
Adaptabilidade e estabilidade de populações de base genética ampla de milho no sudeste de Minas Gerais pelo método de Eberhart e Russel 98
Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para conteúdo de proteínas solúveis de reserva em genótipos de soja 99
Análise combinatória para resistência a helmintosporiose-comum em milho-pipoca 100
Análise de agrupamento entre famílias de Café arabica 101
Análise de médias de gerações para descritores relacionados a sementes em abóbora 102
Análise de shelf life de híbridos de morangueiro (*Fragaria x ananassa Duch)* 103
Análise multivariada em clones de café conilon 104
Associações da produtividade com outras características agronômicas em genótipos de *Coffea arabica* L. 105
Associações da qualidade sensorial com características agronômicas em genótipos de *Coffea arabica L.* 106
Avaliação da resistência de cultivares comerciais de soja à patogenicidade da estirpe XAG 2447 107
Avaliação de cultivares de soja submetidas ao déficit hídrico ao início de desenvolvimento 108
Avaliação de genótipos de feijão guandu no norte de Moçambique 109
Avaliação de genótipos de soja baseada em descritores de precocidade e resistência ao nematoide do cisto da Plataforma GRIN (USDA) 110
Avaliação de híbridos crípticos de milho para a região Campos das Vertentes 111
Avaliação de populações de base genética estreita de milho em condições contrastantes de nitrogênio 112

Avaliação de resistência e suscetibilidade de cultivares de soja à pústula bacteriana 113
Capacidade combinatória de linhagens de milho-pipoca sob condições de estresse hídrico para índice de verde 114
Capacidade de combinação entre híbridos comercias de milho avaliados em condições de baixo nitrogênio 115
Capacidades Geral e Específica de Combinação em Híbridos de Milho-pipoca Sob Níveis Contrastantes de Fósforos 116
Características de vagem e sementes de cultivares de soja sujeitas a estresse hídrico 117
Caracterização de sementes provenientes de genótipos de macaúba de diferentes procedências 118
Caracterização físico-química de genótipos de morangueiro (*Fragaria x ananassa)* 119
Caracterização morfoagronômica de germoplasma de abóbora do BGH-UFV visando à seleção de genótipos com elevada produção de azeite das sementes 120
Clones de café conilon variedade Vitória avaliados na Zona da Mata de Minas Gerais 121
Comportamento agronômico de linhagens de feijão carioca no ciclo I de seleção recorrente desenvolvidos na UFV, em Coimbra, MG, na safra 2017 122
Comportamento meiótico e viabilidade polínica de *Costus arabicus* L. (Costaceae), uma espécie ornamental 123
Correlação entre caracteres em híbridos comerciais de milho 124
Correlação fenotípica entre teores de óleo e proteína em sementes de soja [*Glycine max* (L.) Merr.] 125
Correlações canônicas entre componentes de produtividade e caracteres de arquitetura de plantas em híbridos comerciais de milho 126
Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de genótipos de soja em condição de estresse hídrico 127
Cultivares de soja submetidas ao déficit hídrico simulado em laboratório 128
Dados espaciais na análise de características agronômicas de tomate industrial . 129
Definição de estratégias de implementação da curva modelada em NIR para determinação do teor de óleo em grãos de soja nas etapas iniciais do Programa de Melhoramento da Soja na UFV 130
Desempenho de clones de café Conilon na Zona da Mata de Minas Gerais – Variedade Emcapa 8141 131
Desempenho do volume de raiz e massa de sementes em genótipos de soja sob condições de estresse hídrico 132
Desempenho preliminar das famílias da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro em relação à resistência ao CABMV 133
Detached leaf assay in the reaction screening of bean genotypes to white mold ... 134
Dinamismo do programa de melhoramento genético de arroz irrigado de Minas Gerias 135
Diversidade genética entre cultivares de soja submetida ao estresse hídrico 136

Diversidade genética entre híbridos comerciais de milho avaliados na Zona da Mata Mineira na safra 2017/2018 137
Diversidade genética entre híbridos experimentais de milho em condições de baixo nitrogênio 138
Efeitos gênicos da eficiência e responsividade no uso do fósforo em milho-pipoca estimados por análise dialélica 139
Eficiência e responsividade no uso de fósforo em híbridos de milho-pipoca oriundos de cruzamento dialélico 140
Estimação de parâmetros genéticos para seleção de teor de óleo em soja via modelos mistos REML/BLUP 141
Estimativa de diversidade genética em genótipos de macaúba 142
Estimativas de herdabilidade e análise de médias de gerações para descritores relacionados à produção de frutos em Abóbora 143
Estimativas de herdabilidade para produção do cafeeiro utilizando modelos mistos (REML/BLUP) em genótipos de *Coffea arabica* 144
Estimativas de parâmetros genéticos da germinação de sementes de genótipos de soja 145
Evidências de autofecundação em erva-cidreira brasileira (*Lippia alba*) 146
GWAS no estudo da resistência da soja à pústula bacteriana 147
Herdabilidade do teor de óleo em linhagens de soja [*Glycine max* (L.) Merr.] 148
Influência do espaçamento e da população de plantas nos componentes de produção de três híbridos de milho avaliados na safrinha 149
Marcadores fenotípicos para a seleção precoce de clones tolerância à seca de ponteiros em eucalipto 150
Marcadores fenotípicos para seleção precoce de clones de eucalipto tolerantes à seca de ponteiros relacionada ao déficit hídrico 151
Modo de reprodução preferencial em vinca (*Catharanthus roseus* [L.] G. Don) 152
Multi-product NIR model to predict fibre content in sugarcane clones 153
Otimização de seleção em teste de progênies de *Eucalyptus benthamii* para crescimento e qualidade da madeira avaliada via Near-Infrared Spectroscopy (NIR) 154
Parâmetros genéticos de bulbos de gladíolo conforme diferentes diâmetros e exposição a baixas temperaturas 155
Parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de arroz de terras altas pertencentes ao ensaio de observação da UFLA 156
Potencial de famílias derivadas do terceiro ciclo de seleção recorrente no melhoramento do feijão-vermelho 157
Potencial de uso da técnica de Near-Infrared Spectroscopy (NIR) em fenotipagem de *Eucalyptus benthamii* 158
Predição de ganho genético na população de milho UFVM100(HS)C1 na Zona da Mata Mineira 159
Produtividade de cultivares de café arábica na Zona da Mata Mineira 160
Produtividade em acessos de *Physalis peruviana* cultivados em Guarapuava-PR 161
Reguladores vegetais no desenvolvimento de mudas de híbridos de morangueiro 162
Reguladores vegetais no desenvolvimento inicial de híbridos de morangueiro 163

Resistência de cultivares de soja à podridão branca da haste 164
Resistência de genótipos de *Coffea canephora* à raça II de *Hemileia vastatrix* 165
Resistência de genótipos de *Coffea canephora* à raça XXXIII de *Hemileia vastatrix* 166
Resposta à inoculação de *Bradyrizhobium japonicum* em linhagens de soja em Moçambique 167
Resposta agronômica de híbridos de milho ao espaçamento e população de plantas na safrinha 168
Seleção de genótipos de soja tolerantes ao estresse hídrico 169
Seleção de genótipos experimentais de cebola ao florescimento precoce 170
Seleção de genótipos experimentais de cebola em duas épocas de transplantio em Guarapuava-PR 171
Seleção de híbridos de morangueiros por meio das suas características químicas 172
Seleção simulada de plantas superiores de *Jatropha curcas* L. do banco ativo de germoplasma da UFV quanto à produtividade de óleo 173
Soma térmica (ºC dia) em acessos de *Physalis peruviana* cultivados em Guarapuava-PR 174
Teor de sólidos solúveis para seleção de híbridos de morangueiro 175
Uso do 2,3,5 cloreto de trifeniltetrazólio (TTC) na estimativa da viabilidade polínica de *Cheilocostus speciosus* (Costaceae) 176
Variabilidade genética em matrizes de *Attalea maripa* (Aubl.) Mart. Em população natural do nordeste do Pará, Brasil 177
Variabilidade genética entre cultivares de café arábica 178
Variação genotípica em populações bi parentais de milho em 179
Coimbra-mg, safra 2017/18 179
Variação genotípica entre híbridos comerciais de milho em 180
Coimbra, MG. Safra 2017/18 180
Variação genotípica entre híbridos comerciais de milho, avaliados em Viçosa, MG. Safra 2017/2018 181
Variação genotípica entre híbridos experimentais de milho em baixo nitrogênio ... 182
Variação genotípica entre híbridos experimentais de milho em Coimbra-MG 183
Variação genotípica entre populações bi parietais de milho avaliadas em condições de baixo nitrogênio 184

Análises Computacionais e Aprendizagem de Máquina

Image recognition for classification of sugarcane genotypes resistant to smut

ALMEIDA, O. F.[1]; DIAS, L. A. S. [1]; PEREIRA, G. R. [1]; ROSMANINHO, L. B. C. [1]; MEDEIROS, S. R. [2]; MARQUES, T. S. [3]; BARBOSA, M. H.P. [4]

[1]Laboratory of Agroenergy, Department of Crop Science,
Federal University of Viçosa.
[2]Laboratory of Nematology, Department of Plant Pathology,
Federal University of Viçosa.
[3]RIDESA-Interuniversity Network for the Development of Sucroenergetic Sector.
[4]Laboratory of Genetic and Plant Breeding, Department of Crop Science,
Federal University of Viçosa.

The fungus *Sporisorum scitaminea*, causal agent of smut disease, harms significantly the yield in sugarcane (*Saccharum* spp.) at worldwide. One of resistance mechanisms to this pathogen is constitutive from plant, characterized by morphological structure of buds in stalks. This work aimed to differentiate resistant genotypes from susceptible through image analyze by morphological pattern recognition of buds. There were evaluated 44 sugarcane clones (34 resistant and 10 susceptible) at the harvest moment, capturing images from three buds of each clone, summing 132 images. Two sets of bud images were defined, resistant and susceptible. There were captured images enlarged 8x through stereomicroscope (Olympus SZX16) and software Q-Capture 5®. The image processing was carried out by MatLab R2015a software, using the *bag of features* function. The extraction of point position of features on images was established by *Detector* selection method. The set with the lowest number of features had 80% of strongest features used to training, the same number of features selected in this set was also used in the other. There were carried out cross-validation with 70% of images for training and 30% for validation. The classifier performance evaluation was obtained by normalized confusion matrix. There were obtained 65,706 features in the cluster of images classified as resistant and 19,425 in the cluster of susceptible. However, only the 15,540 strongest features from both sets were used, summing 31,080 features. The confusion matrix evaluated that 73% and 76% of images classified as resistant and susceptible, respectively, were classified according expected, signaling a predictive accuracy average of 75%. The image pattern recognition demonstrated to be a promising method for identification of smut resistant genotype avoiding the inoculation procedure of pathogen or any other destructive method.

Support: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES.

Insertion sequences in the genome of two Brazilian strain of *Ralstonia solanacearum*

GONÇALVES, O.S.[1]; CAMPOS, K. F.[1]; SANTANA, M. F.[1]

[1]Laboratório de Genética Molecular de Fungos, Departamento de Microbiologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

Ralstonia solanacearum, a soil borne bacteria, encompasses a great diversity of ecotypes regarded as a species complex, composed of four phylotypes. It has been suggested that phylotype II (American) originates in Brazil. In addition, two Brazilian strains belonging to phylotype II, CNPH-RS 488 and CNPH-RS 489, are responsible for losses in important crops in the country. Theses strains have the genome sequenced and deposited into the national Center for Biotechnology (NCBI). Since Insertion sequence elements (IS) are important sources of bacterial genome adaptability and nothing is known about their role in these strains, we characterized the IS elements in this two *R. solanacearum* genomes. The identification of IS elements was done via ISFinder, with default parameters (E-value 10^{-5}). Each genome showed the same set of IS, the elements were conserved in element size, transposase similarity, inverted sequences and direct repeats. Similarity were also found in the IS insertion site, suggesting their acquisition from the common ancestor. We identified a total of 108 IS elements, conserved in both strains, from 4 different families (IS3, IS5, IS256 and IS110) located on chromosome and on the megaplasmid. Members of the IS5 family was highly represented, with 85 full-length copies. Furthermore, 40% IS elements were found adjacent to virulence genes, 28% which being adjacent to type III effectors, which may indicate they acquisition by horizontal gene transfer. These data will contribute to our comparative understanding of the role of IS in the genome shaping and virulence of this important plant pathogenic bacteria.

Apoio: CAPES, CNPq e FUNARBE

Interação entre proteínas associadas a SNPs para altura de planta, vigor vegetativo e diâmetro de copa em *Coffea canephora*

BARREIROS, P. R. R. M.[1]; SILVA, L. F.[2]; ALKIMIM, E. R.[3]; SOUSA, T. V.[2]; NASCIMENTO, M.[4]; CAIXETA, E. T.[2,5]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Triângulo Mineiro.
[4]Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[5]EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

O melhoramento genético de culturas perenes é altamente favorecido pela utilização de ferramentas moleculares, principalmente pelo longo tempo necessário para o desenvolvimento de uma cultivar. A integração da Associação Genômica Ampla (GWAS), que identifica associação de dados genotípicos e fenotípicos, com metodologias de bioinformática e biologia sistêmica é potencial para auxiliar os melhoristas no desenvolvimento de ferramentas de seleção assistida. A partir dessa integração de metodologias, objetivou-se (i) identificar genes presentes em *Coffea canephora* contendo marcadores SNPs significativos para altura de planta, vigor vegetativos e diâmetro de copa; (ii) avaliar as interações entre as proteínas codificadas por tais genes e a participação deles em módulos funcionais. A posição dos SNPs foi comparada à posição dos genes no genoma de *C. canephora* por meio de *scripts* personalizados desenvolvidos na linguagem Python 3.6. Foi feita a avaliação de interações entre os genes identificados e todas as proteínas do genoma de *C. canephora* por meio da integração de três metodologias de predição em bancos de dados de interação proteica, PSIMAP, PEIMAP e iPfam. Essa avaliação foi baseada na similaridade de sequências e identificação de domínios proteicos. A análise de ontologia gênica foi realizada pela base de dados AgBase para identificação dos módulos funcionais significativos. Dos 181 SNPs estatisticamente significativos para as três características analisadas, 99 estão inseridos em 80 genes de *C. canephora*. A predição revelou 328 interações entre as proteínas codificadas por esses genes e as proteínas do genoma de *C. canephora*. Seis módulos funcionais significativos foram identificados na rede de interação, dentre os quais estão vias ligadas ao transporte de Ca^{2+}, metabolismo de ácidos graxos e glutamina. As análises revelaram um grande número de SNPs inseridos em genes de *C. canephora* e uma rede com interações altamente conexas e relacionadas a importantes vias para a fisiologia da planta. Os dados gerados podem auxiliar na identificação de marcadores para seleção assistida, além de genes e processos metabólicos que influenciam nas características analisadas.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; INCT Café

Modelagem matemática do metabolismo do café durante a infecção por *Hemileia vastatrix* revela mecanismo de resistência mediado por glicerol-3-fosfato

GAZOLLA, L. C. O. F.[1]; ALMEIDA, D. P.[2]; CASTRO, I. S. L.[2]; CAIXETA, E. T. [2,3]; MENDES, T. A. O.[1]

[1] Laboratório de Biologia Sintética e Modelagem de Sistemas Biológicos, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa.
[3] EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

O Brasil é o maior produtor e exportador mundial de café – principalmente da espécie *Coffea arabica*. Entretanto, a produção dessa cultura vem sendo afetada em todo o mundo pela ferrugem alaranjada do cafeeiro, doença causada pelo fungo biotrófico *Hemileia vastatrix*. Este fungo causa perdas severas na produção do fruto e a principal forma de controle baseia-se na utilização de cultivares resistentes derivados de cruzamentos do café arábica com o Híbrido de Timor (resistente ao patógeno). O alto potencial adaptativo do fungo contribui no surgimento de raças fisiológicas capazes de suplantar a resistência dos cafeeiros obtidos em programas de melhoramento. Dados brutos do transcriptoma realizados com os cultivares de café Caturra (susceptível) e Híbrido de Timor, infectados com esporos de *H. vastatrix* raça XXXIII (0, 12, 24 e 96 h após a infecção, *h.a.i.*), foram minerados e os genes do metabolismo primário do cafeeiro foram identificados e analisados, por gráficos de PCA e *heatmap* agrupados por vias metabólicas. Os dados de expressão foram integrados ao modelo metabólico baseado no genoma de *Coffea canephora* construído com o auxílio da plataforma ModelSEED. O modelo gerado identificou mais de 1000 reações e metabólitos. Entre estes, foram identificadas 19 vias do metabolismo primário, compreendendo 214 reações únicas, cerca de 500 genes e 300 metabólitos únicos. Os dados dos PCAs e os *heatmaps* indicam a existência de uma resposta antecipada do Híbrido de Timor (12 *h.a.i.*), quando comparado ao Caturra, além de uma resposta única à infecção após 24 horas. Além disso, a avaliação do fluxo da via glicolítica apontou um acúmulo de diidroxicetona-fosfato no Híbrido de Timor bem como uma tendência de sua conversão para o glicerol-3-fosfato, metabólito que está envolvido na resposta imune adquirida em outras plantas. Assim, conclui-se que o cultivar Híbrido de Timor apresenta uma resposta antecipada ao patógeno que permite seu sucesso em impedir o progresso da infecção, possivelmente utilizando o glicerol-3-fosfato como um mediador dessa resistência.

Apoio: Fapemig, Capes, CNPq

Montagem e caracterização do genoma organelar da espécie selvagem *Saccharum officinarum*

PAES, D. F. F.[1]; MATTEOLI, F. [1]; VENANCIO, T. M.[1]; FERREIRA, P. C. G. [2]; GRATIVOL, C.[1]

[1] Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
[2] Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Universidade Federal do Rio de Janeiro

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp*.) da família Poaceae é utilizada devido ao seu potencial agronômico. Os cruzamentos entre as espécies selvagens *Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum* no início do século 19 possibilitaram a geração de híbridos com capacidade de acumular sacarose e resistência a estresses bióticos e abióticos. Essa hibridização gerou cultivares com genomas aneuplóides complexos. Vários estudos têm destacado a importância dos genomas organelares para investigar eventos de hibridização em linhagens de plantas. Assim, o objetivo deste trabalho é montar e caracterizar o genoma de cloroplasto e mitocôndria da espécie selvagem *S.officinarum*. Para isso, utilizamos bibliotecas de DNA total sequenciado, onde a qualidade dos *reads* foi analisada pelo FASTX Toolkit. Após filtragem, os *reads* foram alinhados contra os genomas de cloroplasto e de mitocôndria de espécies de plantas relacionadas a cana-de-açúcar através do BLASTN. Os *reads* alinhados foram testados com o VelvetOptimiser. O genoma cloroplastidial foi montado com SPADES e SSPACE e o genoma mitocondrial foi montado com MITOBIM. Ambos os genomas foram anotados com GeSeq e visualizados no OGDRAW. No cloroplasto, quatro partes foram encontradas: LSC, SSC, IRa e IRb com tamanho total de 142,234 pb. A comparação com cloroplastos publicados a partir de cultivares de cana-de-açúcar, como *Saccharum spp.* Q155, *Saccharum spp.* NCo 310, *Saccharum spp*. SP80-3280 e *Saccharum spp.* RB867515 mostrou que uma região duplicada com 1.031 pb no início da parte LSC do cloroplasto de *S. officinarum* parece não ter sido montada nos cloroplastos de híbridos. Além disso, apenas *S. officinarum* tem uma inserção de 10 pb dentro do gene rpl23-F e duas cópias dos genes orf137, trnH, orf74 e rps19. O genoma mitocondrial de *S.officinarum* apresentou 2 cromossomos de tamanho 305,257pb e 148,638pb. Quando comparado com o único genoma publicado de mitocôndria (khon kaen 3) um cultivar hibrido moderno, mostrou-se maior em 4,473pb no cromossomo 1 e 3,940pb no cromossomo 2. Com esses resultados podemos compreender o genótipo da espécie selvagem de cana-de-açúcar e futuramente inferir seu papel na hibridização da linhagem Saccharum.

Apoio: CAPES, FAPERJ, UENF

Predição de rede de interações e identificação de módulos funcionais entre proteínas de *Coffea canephora*

BARREIROS, P. R. R. M.[1]; GOMES, G. G.[3]; MENDES, T. A. O.[4]; CAIXETA, E. T.[2,6]; ZAMBOLIM, L.[1,5]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Laboratório de Parasitologia e Epidemiologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[4]Laboratório de Biologia Sintética e Modelagem de Sistemas Biológicos, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[5]Laboratório de Proteção de Plantas, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.
[6]EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

A compreensão da biologia molecular em espécies cultivadas tem contribuído significativamente para desenvolvimento de variedades geneticamente superiores. A predição de redes de interação proteica e a integração de dados de diferentes níveis biológicos podem revelar genes e proteínas críticas em vias metabólicas ligadas à fisiologia, patologia, desenvolvimento, resposta a estresses, entre outros processos que apresentam importância agronômica. Com isso objetivou-se nesse trabalho predição de rede de interação entre proteínas de *Coffea canephora* e a busca por módulos funcionais nesta rede por meio de análises computacionais. Três metodologias, PSIMAP, PEIMAP e iPfam, baseadas em similaridade de sequências e identificação de domínios em bancos de dados de interação proteica foram utilizadas para a predição de rede de interação entre proteínas de *Coffea canephora*. A análise de ontologia gênica por meio da base de dados AgBase foi realizada para a identificação de módulos funcionais. Foram preditos 193.901 pares de interação entre 3.261 proteínas de *C. canephora*, compondo uma rede fortemente modular com grande número de componentes conexos. A rede de interação apresentou 44 módulos funcionais significativos ligados a 41 vias e processos metabólicos distintos em *C. canephora*. Entre estes estão módulos proteicos ligados a processos fisiológicos básicos, como iniciação da transcrição, catabolismo de ácidos graxos e carboidratos, diferenciação celular, modificações proteicas pós-traducionais, entre outros. Módulos ligados à biossíntese de moléculas essenciais e à vias de respostas a ataque de patógenos também foram identificados. A rede de interação predita apresentou um grande número de módulos funcionais voltados a variados processos celulares importantes para a planta de café, revelando grupos de proteínas envolvidas nesses processos e como elas interagem dentro deles. Os resultados obtidos podem auxiliar no direcionamento de programas de melhoramento genético de cafeeiro, bem como no desenvolvimento de marcadores moleculares para características de interesse, além de possibilitar a validação experimental das interações preditas *in silico*.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; INCT Café

Redes neurais bayesianas para previsão de diagnóstico de gestação em vacas cruzadas

SANTANA, T. E. Z.[1]; CRUZ, C. D.[2]; SILVA, F. F.[1,3.]

[1,3]Laboratório de Informática Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A reprodução é o fator de maior impacto econômico em rebanhos de gado de corte, sendo a falha reprodutiva um dos principais critérios de seleção em sistemas de produção mais intensivos. O descarte de fêmeas improdutivas é feito mediante o diagnóstico de gestação, comumente realizado via palpação retal, técnica considerada eficiente após 45 dias de gestação. Contudo, é desejável que se identifique as vacas vazias de maneira precoce, visando aumentar a eficiência reprodutiva e também a disponibilidade dos recursos nutricionais. As redes neurais artificiais são reconhecidas pela sua capacidade de aproximar relações lineares e não-lineares entre variáveis preditoras e sua variável resposta; podendo ser amplamente utilizadas em problemas de classificação. Desta forma, objetivou-se propor diferentes topologias de redes neurais artificiais bayesianas (BANN) para prever o diagnóstico de gestação em matrizes cruzadas, bem como comparar com a abordagem multivariada de analise discriminante. O banco de dados com 5576 fenótipos (Prenha e vazia) de matrizes ½ Aberdeen Angus ½ Nelore e ½ Red Angus ½ Nelore foi cedido pela Fazenda Bama – Juara/MT. Os dados foram divididos aleatoriamente em 80% para treinamento e 20% para validação. Foram apresentadas à entrada da rede as variáveis: vaca, período na estação de monta (dias), idade ao parto anterior (dias), peso ao parto anterior (quilos) e grupo contemporâneo. Duas BANN foram implementadas utilizando a função trainbr do MATLAB via software GENES: Rede1 (composta por 1 camada intermediária com 2 neurônios com função de ativação logística) e Rede2 (2 camadas intermediárias com 4 e 26 neurônios utilizando as funções logística e tangente hiperbólica, respectivamente). As redes foram treinadas com o algoritmo backpropagation. A análise discriminante (ADA) foi executada no software GENES, obtendo-se a taxa de erro aparente (TEA) na função discriminante de Anderson com iguais probabilidades. Foram obtidas TEA iguais a 20.43%, 15.14% e 39.81%, para a Rede1, Rede2 e ADA, respectivamente. Considerando a demanda computacional, a Rede1 mostra-se promissora para uso em grandes conjuntos de dados.

Uso de mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM) no estudo de diversidade dos frutos de *Attalea maripa* (*Aubl.*) Mart.

MENDES, G. G. C.[1]; FERRAZ, A. G.[2]; DAMACENA, M. B.[2]; CASTRO, C. A. de O.[2]; SOBRINHO, R. S. A.[3]; SANTOS, G. A.[1]

[1]Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa;
[3] Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal Rural da Amazônia

Os mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM) são estruturas neurais com aprendizado competitivo, que tem a capacidade de detectar similaridades, regularidades e correlações, agrupando as populações em classes. Esta técnica pode ajudar em estudos de diversidade de populações naturais, a exemplo da *Attalea maripa* (Aubl.) Mart.. Os frutos desta espécie possuem óleo de excelente qualidade, sendo objeto de pesquisa para a produção de biocombustíveis. Apesar de sua importância, suas populações estão sendo eliminadas, devido ao avanço da agropecuária e do plantio de culturas agrícolas, o que contribui para a perda de diversidade genética. Dessa forma, torna-se fundamental a caracterização, avaliação e seleção de germoplasma para comporem bancos de conservação genética. O objetivo foi testar a eficiência da utilização dos mapas auto-organizáveis de Kohonen (SOM) no estudo de diversidade genética de matrizes de *A. maripa*. O experimento foi realizado no município de Oeiras do Pará – PA onde coletou-se 10 frutos de 12 matrizes com distância mínima de 150 m entre indivíduos. Foram mensurados os diâmetros lateral (DL) e transversal (DT), espessuras da polpa (EP) e amêndoa (EA), em mm; massas do fruto (MF), semente (MS) e polpa (MP), em g. Para o estudo da diversidade foi utilizada a técnica SOM disponível no Portal GENES versão 2016 em integração com o MATLAB, versão R2018a, com arquitetura de grade 6x2, topologia hextop e raio igual a 1, com 5000 épocas. O método de agrupamento de Tocher foi realizado de forma a corroborar com a metodologia de Redes. A metodologia SOM agrupou os frutos da matriz 1 no mesmo grupo, mostrando alta similaridade entre os frutos da própria matriz e alta dissimilaridade em relação aos demais. Os frutos das outras matrizes não foram classificados nos grupos corretos, mostrando que há similaridades entre estes. Assim, dois grupos foram formados, um com os 10 frutos da matriz 1 e outro com o restante. Ao se avaliar o agrupamento de Tocher observou-se a formação dos mesmos grupos. A metodologia SOM foi eficiente na discriminação dos grupos, sendo alternativa viável no estudo da diversidade.

Apoio: Capes, CNPq e GenMFlor

Utilização de inteligência computacional na predição do valor genético

SANT'ANNA, I. C.[1]; SILVA G. N.[2]; CARNEIRO, V. Q.[3]; FERRAZ, A. G; NASCIMENTO, M.[1]; CRUZ, C. D.[3]

[1]Laboratório de Inteligência Computacional aplicada agropecuária, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Departamento de Matemática e Estatística, Universidade Federal de Rondônia.
[3] Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Uma das principais contribuições da genética molecular em benefício do melhoramento de plantas é a possibilidade de utilização direta das informações de DNA na seleção. Todavia, para maior eficiência, nos estudos genéticos que envolvem os caracteres as estratégias de seleção no melhoramento genético devem ser aprimoradas de forma a obter predições mais acuradas. A arquitetura dos caracteres complexos muitas vezes exige uma modelagem estatística avançada que enfrenta problemas em comportar as interações epistáticas que exigem modelos não lineares o que representa um novo desafio. Além dos problemas comumente causados pelo fato do número de marcadores utilizados superar, em muito, a quantidade de indivíduos na população de seleção. Desta forma, o objetivo deste trabalho é avaliar a eficiência da seleção genômica (SG) e das redes neurais artificias do tipo de base radial (RBF) na predição do valor genético em população natural com desequilíbrio gamético. Para isso, foi simulada uma população F_1 oriunda da hibridação de genitores divergentes, genotipados com 1000 marcadores do tipo SNP. Foram simulados dados fenotípicos adotando-se três modelos: aditivo, aditivo-dominante e epistático com caracteres quantitativos admitindo herdabilidades (h^2) de 30 e 60%. Para avaliar a acurácia de predição, o modelo (RR-BLUP) e a RBF foram treinados utilizando um procedimento de validação cruzada com cinco repetições. O quadrado da correlação entre o valor genômico predito (GEBV) e valor genotípico/fenotípico foi utilizado para medir a acurácia seletiva (R^2) e o a raiz do erro do quadrado médio(REQM) acurácia preditiva. Por exemplo, para h^2=0,3 no cenário aditivo, a validação R^2 foi de 31% para RBF, 58% para RR-BLUP e, no cenário de epistasia, os valores de R^2 foram 28% e 25,7%, respectivamente. Além disso, ao analisar o REQM, a diferença no desempenho das técnicas é ainda maior. Para o cenário aditivo, as estimativas foram 97,3 RR-BLUP e 5,8 para RBF, no cenário mais crítico, 329,7 e 20,7 respectivamente. Os resultados mostram que o uso de redes neurais permite capturar as interações epistáticas levando a uma melhoria na acurácia da predição e seleção do valor genético.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

Widespread distribution of prophage-encoded potential host fitness factors in *Ralstonia solanacearum* megaplasmid

GONÇALVES, O. S.[1]; SANTANA, M. F.[1]

[1]Laboratório de Genética Molecular de Fungos, Departamento de Microbiologia/BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

Genomic information of genetic mobile elements in plant bacterial pathogens gives the plant breeders an overview of their potential virulence mechanisms with the aim to strategy the disease control approaches. This is already evident for plant breeders the importance of pathogen variation to the effectiveness of host resistance. *Ralstonia solanacearum* is considering one the most important plant pathogenic bacteria worldwide and its lineages carry a megaplasmid specialized for essential genes to the pathogenesis of the species. In this study, we investigated the distribution of prophages in the megaplasmid of *R. solanacearum* to get insight into how phages can contribute to genome differentiation and affect their lifestyles. Prophages present in 24 complete megaplasmid genomes of *R. solanacearum* was identified using a web server PHASTER (PHAge Search Tool Enhanced Release). To assess the potential influence of prophages on *Ralstonia* functional properties, we mapped the distribution of key genes related to fitness factors, according to the annotation pipeline showed by RAST server. Of the 24 complete megaplasmids analyzed, 83,3 % (n=20) have evidence of prophage-like sequences. We identified the composition and distribution of 31 prophage-like elements. Among the 31 prophage-like elements, 16,1% was classified as complete and 83,8% as remnant prophages. In addition, the prophages identified carry genes encoding possible proteins relates to virulence (n=4), biosynthesis of secondary metabolites (n=1), resistance (n=1), macromolecule metabolism (n=9), motility and chemotaxis (n=1), transposon-related functions (n=18) widely distributed among *R. solanacearum* strains. Prophages, including defective ones, can contribute important biological properties to their bacterial hosts. Altogether, our results contribute to the understanding of the role of prophages in the fitness of *Ralstonia solanacearum* to different environmental/host conditions.

Apoio: CAPES e FUNARBE

Biologia Molecular e Biotecnologia

Activated charcoal on production of callus in leaf explants of macaúba palm

GRANJA, M. M. C.[1]; MOTOIKE, S. Y.[1]; GEÍS, F. N.[1]; MONTOYA, S. G.[2]

[1]Laboratório de Cultura de Células e Tecidos Vegetais, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Pós Colheita de Macaúba, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de viçosa.

Macaúba (*Acrocomia aculeata* Jacq.) Lodd. ex Mart. is a palm tree on domestication process due to the importance as an alternative oil culture. The macaúba has a mixed reproductive system that presents high phenotypic and genotypic variability. Uniform cultures are required to ensure maximum production, and *in vitro* cloning techniques, through somatic embryogenesis, are one of the important tools for this purpose. For being a woody species, macaúba, when *in vitro* cultivated, releases exudates derived from the oxidation of phenolic compounds, requiring the use of antioxidants, such as activated charcoal in the culture media. The activated charcoal, besides acting as a potential antioxidant promotes the exudate absorption in the media, as well as toxic metabolites. In this context, new protocols are needed to maximize the callus production. This study aimed to evaluate the effect of activated charcoal on the oxidation and callus of macaúba in the in vitro cultivation. The explants were inoculated in MAC culture media with 30g.L^{-1} of sucrose and 100mg^{-1} of *myo*-inositol, 9µM of Picloram and 1µM of 2iP. The macaúba genotype AM-1 was derived from the BAG-macaúba of Universidade Federal de Viçosa. Two treatments were tested: MAC1 - without activated charcoal (0.0 g.L^{-1}) and MAC2 - 2.5 g.L^{-1}. The experimental design was in DIC with 40 replicates. Each replicate was composed of a Petri dish with five leaf explants. The oxidation percentage (%OXI) and callus formation (%CA) were analyzed at 30 days of culture. It was observed a significant difference for %OXID and %CA, by the F test. The lowest oxidation rate was observed in the media with activated charcoal, due to the absorption of the phenolic compound released in the media. Callus formation was more pronounced in explants from media with activated charcoal. Therefore, it can be concluded that the addition of activated charcoal in the media was efficient for the reduction of oxidation and for obtaining callus of macaúba.

Support: FAPEMIG

Análise de expressão de genes e proteínas envolvidos com a mobilização de nutrientes em eixo embrionário de soja

SANTOS, M.L.C.[1]; OLIVEIRA, E.A.G.[2]; VENTURY, K.E. [1]; OLIVEIRA, A.E.A.[1]; GRATIVOL, C.[1]

[1] Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes
[2] Universidade Federal do Rio de Janeiro, Instituto de Bioquímica Médica Leopoldo de Meis - IBqM.

Sementes são estruturas biológicas que toleram a dessecação, mantendo a viabilidade metabólica para estabelecer plântulas. Sementes de soja (*Glycine max*) são de grande interesse econômico, como fonte de óleo e proteína para a dieta humana. Tecidos de reserva de nutrientes são muito estudados em eventos bioquímicos e moleculares que ocorrem na germinação e para sua melhor compreensão, a caracterização de genes de mobilização de reservas é importante. O objetivo foi avaliar as expressões dos genes envolvidos com o armazenamento e mobilização de nutrientes de reserva no embrião. 130 genes foram selecionados pelo software Mapman e os dados de expressão foram analisados em bibliotecas de transcriptoma de soja durante a embriogênese e maturação, além de eixo com 0h, 3h, 6h, 12h e 24h após a embebição (HAE). Para quantificar a expressão foram usados valores de RPKM. Genes com altas expressões foram separados segundo vias, como: protease aspártica, cupinas e LEAs. Dois genes LEA foram altamente expressos no cotilédone e na semente quiescente, mas diminuíram suas expressões no eixo durante a germinação. Perfil similar foi visto para cupinas (vicilinas 7S). Também foram realizadas análises do perfil proteico de eixo durante a germinação e pós-germinação. Foi mostrada uma queda desse conteúdo ao longo das horas de embebição, com grande redução em 36HAI. O mesmo foi visto em SDS-PAGE e Western Blot, onde utilizando-se anticorpo contra vicilinas, suas bandas também tenderam a diminuir. As expressões dos genes que codificam as proteases aspárticas foram também quantificadas. Foi vista uma maior expressão nas primeiras horas de embebição, sugerindo maior necessidade de degradação de proteínas de reserva. Além disso, um ensaio enzimático mostrou um aumento de atividade em 12HAE, seguida de uma queda drástica em 36HAE, com retomada em 48HAE. Em relação ao conteúdo de açúcar, uma dosagem de glicose sugeriu um progressivo aumento, com queda em 36HAI e retomada em 48HAI, sendo essa concentração a maior dentre todos os pontos. Outros testes e avaliações estão sendo feitos para relacionar a expressão dos genes com a mobilização das reservas durante a germinação em soja.

Apoio: UENF, FAPERJ

AtWWP1, uma proteína com domínio WW, liga-se a DNA viral e pode ser parte da resposta de defesa contra begomovírus

QUADROS, I. P. S.[1,2], CALIL, I P. [1,2], TEIXEIRA, R. M.[1,2], DUARTE, C. E. M.[1,2], OLIVEIRA, C. N.[1,2], FONTES, E. P. B.[1,2]

[1]Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Bioagro, Universidade Federal de Viçosa.

Os begomovírus, maior gênero da família Geminiviridae, são capazes de infectar uma ampla gama de espécies, incluindo diversas culturas agronomicamente relevantes. Esses vírus têm o genoma dividido em dois componentes genômicos DNA-A e DNA-B. O DNA-B codifica as proteínas de movimento NSP (*Nuclear Shuttle Protein*) e MP (*Movement Protein*), necessárias para a infecção sistêmica. É proposto que NSP é capaz de se ligar ao DNA viral recém-replicado nos núcleos de células infectadas e através do mecanismo de exportação nuclear move o DNA viral para o citoplasma. No lado citoplasmático, a GTPase que interage com NSP (NIG) liga-se à NSP para facilitar este transporte. Nosso grupo de pesquisa identificou uma proteína contendo um domínio WW, designada AtWWP1, que é capaz de interagir com NIG e que poderia ser um componente da rede de interações geminivírus-hospedeiro. Ensaios iniciais sugeriram que AtWWP1 exibe uma função antiviral ao sequestrar NIG em corpos nucleares em separação física de sua localização típica no citoplasma. Além disso, AtWWP1 interage fisicamente com ssDNA e dsDNA *in vitro*. A fim de avaliar a capacidade de ligação ao DNA viral *in vivo* realizamos análises de qPCR-ChIP (PCR quantitativo da cromatina imunoprecipitada), no qual o DNA associado à proteína foi fragmentado, imunoprecipitado e amplificado por qPCR. ChIP foi realizado em plantas de Arabidopsis do tipo selvagem (Col-0), linhagens superexpressando (AtWWP1-4) e defectivas para a formação de corpos nucleares (AtWWP1-AA/AA) inoculadas com CaLCuV. *Primers* NSP foram utilizados para confirmação da infecção e da presença do DNA viral nas amostras imunoprecipitadas. Os valores de Ct (*Cycle Threshold)* de Col-0, AtWWP1-4 e AtWWP1AA/AA foram normalizados em relação ao Ct. dos respectivos *Inputs.* O fragmento viral foi significativamente enriquecido nas amostras imunoprecipitadas por anti-GFP nas linhagens AtWWP1-4 infectadas, mas não em plantas Col-0 infectadas. Observou-se também que a proteína mutante (ATWWP1AA/AA) não se ligou ao DNA viral *in vivo*. Coletivamente, nossos dados reforçam um papel de AtWWP1 como componente da defesa antiviral contra begomovírus.

Apoio: UFV, CNPq, CAPES e FAPEMIG

Avaliação de diferentes concentrações de mio-Inositol na embriogênese somática de dendezeiro *(Elaeis guineensis)*

NEVES, G. F. [1]; TEIXEIRA, L. S.[2]; GRANJA, M.M.C.[1]; MOTOIKE, S. Y.[3]
[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Células Vegetais, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Crescimento e Desenvolvimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa

A clonagem de dendenzeiro via micropropagação tem se mostrado cada vez mais frequente e possibilitou a clonagem dessa espécie que dificilmente seria propagada por outros métodos de propagação vegetativa. Para tanto são necessários incansáveis estudos para adequar o melhor meio de cultivo para cada genótipo. O mio-inositol é um composto estimulante do crescimento celular e desempenha um importante papel no metabolismo vegetal. Esse trabalho objetivou avaliar diferentes concentrações de mio-inositol na germinação *in vitro* de embriões somáticos de dendezeiro. Embriões somáticos de dendezeiro foram inoculados em meio de cultivo C3 (crescimento 3), suplementados com 0,25 µM de ANA e 0,85 µm de AIA e 2500 mg L-1 de carvão ativado com 10 diferentes concentrações de mio-inositol: (T1)100mg L^{-1},(T2) 200mg L^{-1}, (T3) 300mg L^{-1}, (T4) 400mg L^{-1} , (T5) 500mg L^{-1}, (T6) 600mg L^{-1},(T7) 700mg L^{-1} (T8) 800mg L^{-1} (T9) 900mg L^{-1} (T10) 1000mg L^{-1} . O experimento foi conduzido em DIC contendo dez tratamentos e quatro repetições, totalizando 40 unidades experimentais, sendo cada unidade experimental representada por um frasco contendo 30 ml de meio de cultivo com oito massas embriogênicas cada. O material vegetal foi acondicionado a 28 °C, fotoperíodo de 16 horas de luz e irradiância de 30 µmol (m2) -1 .s-1 durante 40 dias. Após esse período foram avaliadas o número de plântulas viáveis (plântulas com primórdios foliares e radiculares) em cada tratamento. As médias foram submetidas ao teste Tukey a 5% de probabilidade. O tratamento 3 se mostrou superior a todos os demais tratamentos, com média de 4 plântulas completas por frasco avaliado, seguido pelo tratamento 5, com média de 2,25 plântulas completas. Valores muito elevados de mio-inositol promoveu um efeito inibitório para o desenvolvimento de embriões somáticos. Os menores valores foram observados nos tratamentos T8, T7 e T10, com média de 0,25, 0 e 0 plântulas formadas respectivamente. Pode-se concluir que para valores próximos de 400mg L^{-} de mio-inositol adicionado ao meio de germinação, a formação de plântulas completas foi máxima para o dendezeiro.

Apoio: CNPq

Behavior and gut microbiome composition of the stingless bee *Partamona helleri* under sublethal exposure of the leaf fertilizer copper sulphate and the bioinsecticide spinosad

BOTINA, L. L.[1]; VÉLEZ, M.[2]; BARBOSA, W. F.[2]; TÓTOLA, M. R.[3]; MARTINS, G. F.[4]

[1]Laboratório de Biologia molecular de Insetos, Departamento de Entomologia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Ecotoxicologia e Ecofisiologia de insetos, Departamento de Entomologia, Universidade Federal do Viçosa.
[3] Laboratório de Biotecnologia e Biodiversidade para o Meio Ambiente, Departamento de Microbiologia, Universidade Federal de Viçosa.
[4] Laboratório de Biologia molecular de Insetos, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

The gut microbiota is related with nutritional health and immunocompetence of insects, besides is essential to neutralize impairs caused by pathogens or xenobiotics. Agrochemicals are regarded as one of the culprits often associated with the decline of bees, which occur by lethal and sublethal exposures during the foraging and, posteriorly with the food contamination within colony. In natural condition, is know that stingless bees have been submitted to chronic exposures by agrochemicals, which can compromise the gut microbiome and behavior in bees favoring for colony collapse, however, the effect of the leaf fertilizers and bioinsecticides remain neglected and are potentially important. Herein, we assess the sublethal effect of leaf fertilizer copper sulphate and bioinsecticide spinosad on forage bee behavior and gut microbiome composition of the stingless bee *Partamona helleri* (Friese), an important pollinator native in Neotropical region. Behavior bioassays and composition of gut microbiome were performed with forage bees orally exposed to CL_5 estimated from copper sulphate and spinosad. The characterizing of gut microbiota was through sequencing on Illumina Miseq platform of the V4-V5 region of the bacterial 16S rRNA gene. The sublethal exposure to copper sulphate and spinosad did not affect in pattern on the overall activity, flight take-off and feed consumption. In contrast, copper sulphate decreases respiration rate and caused accumulation of copper in bodies of bees exposed. Neither copper sulphate nor spinosad altered the richness of the gut microbiome, but spinosad increased the differential abundance of the genus *Gilliamella*. In conclusion, changes in the differential abundance of the gut microbiota can be caused by exposure to certain agrochemicals including bioinsecticides considered reduced-risk for bees.

Apoio: FAPEMIG

Calibration of conidia and resazurin concentrations for microtiter bioassays to test *Corynespora cassiicola* sensitivity to site-specific fungicides

BATISTA, J. P.[1]; DAL'SASSO, T. C. S.[1]; MACHADO, J. P. H.[2]; MIZUBUTI, E. S. G.[2]; OLIVEIRA, L. O.[1]

[1]Laboratório de Biologia Molecular e Filogeografia, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Biologia de Populações de Fitopatógenos, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.

Corynespora cassiicola (Berk. & M. A. Curtis) C. T. Wei is a polyphagous fungus that causes the target spot disease in many crops, such as soybean, cotton and tomato. Chemical management of target spot is based upon the application of site-specific fungicide resistance. A rapid method to evaluate the sensitivity of *C. cassiicola* to fungicides is through a microtiter bioassay based on the colorimetric changes of resazurin (RZ) dye. We standardized both conidia and RZ concentrations to be used for testing *C. cassiicola* sensitivity to benzimidazole and strobilurin fungicides. We used isolate Cc_30 to evaluate ten conidia concentrations (5.10^3, 6.10^3, 7.10^3, 8.10^3, 9.10^3, 10^4, 2.10^4, 3.10^4, 4.10^4, 5.10^4 conidia/ml), and six RZ concentrations (20, 25, 30, 35, 40, and 50 µM) in 96 well plates containing Czapek Dox liquid medium at 1X final concentration. Plates were incubated at 30°C for 24 h with shaking at 300 rpm. RZ reduction was calculated according to the manufacturer's equation on the absorbance reading at 570 and 600 nm. Each treatment was repeated four times and the experiment was performed twice. Percent RZ reductions were compared by a two-way analysis of variance (ANOVA) with conidia and RZ concentrations as variables. Treatment means were separated using Tukey's test ($\alpha = 0.05$). Statistical analyses were performed using GraphPad Prism 5. Both conidia and RZ concentrations significantly affected ($P < 0.0001$) percent RZ reduction 24 h after treatment. The most consistent percent of RZ reduction over 24 h was at 35 µM, which ranged from 28.33% at 5.10^3 conidia/ml to 60.94% at 4.10^4 conidia/ml. The highest percent (69.56%) RZ reduction was observed at 4.10^4 conidia/ml at 25 µM RZ concentration and the lowest (28.32%) was observed at 5.10^3 conidia/ml at 35 µM RZ concentration. Thus, we conclude that 4.10^4 conidia/ml at 25 µM RZ were the optimal for measuring RZ reduction and should be used to test *C. cassiicola* sensitivity to benzimidazole and strobilurin fungicides.

Apoio: CAPES, CNPq, FAPEMIG

Conexão molecular entre supressão de tradução e inibição de fotossíntese: um caso para NIK1 e LIMYB

PÁDUA, C. C. A[1]; RAIMUNDO, G. A. S.[1]; LIMA, L. L.[1]; TEIXEIRA, R. M.[1]; FONTES, E. P. B.[1]

[1]Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa

O desenvolvimento vegetal tem interferência de fatores abióticos e bióticos que influenciam sua sobrevivência, dependendo de mecanismos de proteção. Um dos fatores bióticos relevantes no Brasil são os vírus da família *Geminiviridae* que se diversificam nos hospedeiros e eficiência na superação de formas de defesa. Estudos recentes em *Arabdopsis thaliana* com *Begomovirus* caracterizaram a interação da proteína viral NSP (*nuclear shuttle protein*) com o receptor de membrana NIK1 (*NSP-interacting kinase1*), como estratégia para superar a defesa da planta. O receptor NIK1 foi caracterizado como um receptor de membrana, mediante fosforilação no resíduo de treonina-474, propaga um sinal antiviral que culmina na supressão de tradução. Em interações incompatíveis, o mRNA viral por sua vez não supera este mecanismo regulatório de tradução do hospedeiro, comprometendo a infecção. Uma variante de NIK1T474D, na qual o resíduo treonina na posição 474 foi substituído por ácido aspártico, é constitutivamente ativada. NIK1 frente a estímulos virais desencadeia uma cascata de fosforilação, que resulta na fosforilação da proteína ribossomal L10, que é translocada para o núcleo, onde interage com o fator de transcrição LIMYB. Esse liga-se a promotores e causa repressão de genes de proteínas ribossomais, o que resulta na supressão da síntese global de proteínas. Recentemente, foi demonstrado por meio de ChIP-seq e RNA-seq que LIMYB também liga a promotores para reprimir a expressão de genes do aparato fotossintético. Com a finalidade de avaliar se a ativação da via de sinalização mediada por NIK1 também regula fotossíntese, foram inicialmente obtidas plantas transgênicas hiperexpressando LIMYB, o mutante NIK1-T474D, NIK1 e o nocaute nik1. Consistente com o papel repressor de T474D e de LIMYB na expressão de genes ribossomais, foi incialmente observado que T474D também suprime a expressão de genes relacionados com fotossíntese. Além disso, foi observado um decréscimo da capacidade fotossintética das plantas trangênicas de LIMYB e NIK1 por análise em fluorômetro. Estes resultados indicam que a via de sinalização mediada por NIK1 conecta repressão de tradução com inibição de fotossíntese.

Apoio: CAPES, FAPEMIG, CNPQ

Diferenças ultraestruturais entre células embriogênicas e meristemáticas durante embriogênese somática de *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.

FERREIRA, J. C. B. [1]; SILVA-CARDOSO, I. M. A.[1]; GOMES, A. C. M. M.[2]; SCHERWINSKI-PEREIRA, J. E.[2]

[1] Departamento de Engenharia Florestal, Universidade de Brasília.
[2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

A embriogênese somática é a via de propagação clonal mais utilizada em palmeiras. Porém, dada a sua complexidade e perfil multifatorial, são requeridos estudos anatômicos e ultraestruturais mais detalhados relacionados, sobretudo, à indução do processo. Assim, objetivou-se, por Microscopia Eletrônica de Transmissão, distinguir, com base em características ultraestruturais, células embriogênicas (CE) de células meristemáticas (CM) durante a indução da embriogênese somática de *Syagrus oleracea*, visando padronização de termos inerentes à técnica. Embriões zigóticos foram inoculados em meio Y3, com 30 $g.L^{-1}$ de sacarose e 13,57 µM de 2,4-D e amostras foram coletadas aos 0, 7 e 14 dias em meio de cultivo. As amostras foram fixadas com glutaraldeído 2,5% em tampão cacodilato 0,1 M, pós-fixadas com tetróxido de ósmio 2%, imersas em acetato de uranila 0,5% durante 24 horas à 4˚C e desidratadas em série etílica crescente. Seguiu-se a infiltração com resina Epon. Secções ultrafinas foram obtidas em ultramicrótomo e analisadas em Microscópio Eletrônico de Transmissão. CE foram observadas, 7 dias pós cultivo, na protoderme e subprotoderme dos explantes e nas proximidades de tecidos provasculares. Já CM foram visualizadas, 14 dias pós cultivo, no interior de protuberâncias formadas na região distal dos explantes e em proembriões adjacentes aos tecidos provasculares. Salienta-se que, ambas estruturas (protuberâncias e proembriões) foram oriundas de divisões de CE. As análises revelaram diferenças quanto ao número de nucléolos, com CE exibindo principalmente um nucléolo e CM exibindo um, dois ou nucléolos não definidos; a quantidade de amiloplastos e de grãos de amido, de modo que as CE exibiam, geralmente, grandes amiloplastos ricos em grãos de amido, enquanto que as CM exibiam poucos amiloplastos, com número limitado de grãos de amido ou desprovidos deles. Ademais, espaços intercelulares e paredes celulares mais espessas foram observados somente em CE. Distinção semelhante à realizada aqui foi previamente relatada em calos de *Cocos nucifera*. Tal distinção favorecerá o uso adequado dos termos abordados, comumente utilizados como sinônimos na literatura.

Apoio: CAPES, Embrapa

Divergência genética entre progênies e matrizes de *Syzygium cumini*

SILVA, R. J. A[1]; ROTANDANO, N. S.[1]; DOURADO, M.G, .[1]; SATO, A. I[1]; NEIVA, C.M[1]; MOREIRA, R. F. C.[2]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
[2]Núcleo de melhoramento Genético e Biotecnologia, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

Syzygium cumini (L.) Skeels, popularmente conhecida como jamelão, pertencente à família Myrtaceae, atingi cerca de 15 a 20 m de altura, possui um tronco de casca rugosa e copa arredondada, devido a sua grande rusticidade e rápido crescimento tem sido amplamente utilizado para fins ornamentais e silviculturais como quebra-ventos. O conhecimento acerca da divergência genética a partir de caracteres morfológicos contribuem para identificação de genitores com características favoráveis a serem utilizados em programas de melhoramento. Desta forma, o presente estudo objetivou avaliar a divergência genética das progênies intra e inter matrizes de *S. cumini*. O estudo foi realizado na Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), campus Cruz das Almas, onde foram coletados no mês de abril de 2018, frutos de *S. cumini* em três matrizes aleatoriamente, selecionadas e beneficiadas no laboratório de sementes da UFRB, sendo então aferidos: o peso dos frutos e sementes por meio de uma balança semi analítica, e o comprimento e largura das sementes com um paquímetro digital, de 40 sementes para cada matriz. Os dados obtidos foram processados no software Darwin 6, obtendo-se o dendrograma de similaridade para cada matriz e em conjunto pelo método UPGMA. Notou-se que na matriz um, os indivíduos 24, 25 e 36 possuíram relevante semelhança entre si, e elevada dissimilaridade entre os demais. Na matriz dois, verificou-se que apenas o indivíduo 38 divergiu dos demais, fato comprovado por este possuir menor peso e dimensão, em comprimento e largura. Já a matriz três, apresentou sete indivíduos (2, 4, 7, 8, 9, 10, 14) que divergiram-se dos outros. O dendrograma gerado para a comparação de divergência genética entre as matrizes demonstrou elevada similaridade, no qual os resultados sobrepuseram-se, não permitindo distingui-los. Conclui-se que a divergência genética das progênies de *S. cumini* é maior intra do que inter matrizes.

Diversidade genética de *Artocarpus heterophyllus* Lam em regiões do Recôncavo da Bahia

SILVA, R. J. A.[1]; DOURADO, M. G.[1]; SATO, A. I.[1]; BARBOSA, C. T. P.[1]; FONSECA, V. J. A[2]; MOREIRA, R. F. C.[3]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.
[2] Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano, IFBAIANO, Brasil.
[3]Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

A jaqueira (*Artocarpus heterophyllus* Lam.), é uma fruteira exótica, originária da Índia, pertencente à família Moraceae, introduzida no Brasil há muitos anos. A região do Recôncavo Baiano apresenta condições edafoclimáticas favoráveis ao cultivo da espécie. O conhecimento sobre divergência genética é de suma importância para realização de programa de melhoramento, pois, é possível viabilizar a regeneração, caracterização, conservação e exploração da variabilidade na população em estudo. Objetivou com este estudo obter informações sobre a diversidade genética da jaqueira em regiões do Recôncavo da Bahia. Foram selecionados 95 genótipos de jaqueira, sendo amostrados 19 para cada cidade, nos municípios de Muritiba, Cruz das Almas, Conceição do Almeida, Santo Antônio de Jesus e São Felipe. As análises foram realizadas pelo programa POPGENE, para calcular a diversidade genética das populações, estimando-se para os dados dominantes, através do índice de diversidade genética de Shannon (I) e Diversidade alélica de Nei (H). Para a construção do dendrograma, foi utilizado o programa MEGA7. Os valores encontrados para o índice de diversidade de Nei das populações variam de 0.2659 a 0.3430, enquanto para o índice de Shannon & Weaver variaram de 0.4362 a 0.5071, sendo que para ambos índices os genótipos localizados em São Felipe apresentaram uma maior diversidade. Verificou-se a partir do dendrograma de dissimilaridade dois agrupamentos, no grupo 1, agregou a população amostrada em Muritiba e Cruz das Almas. O grupo 2, apresentou relação entre distribuição geográfica das populações amostradas em localidades geograficamente próximas, que foram as populações de São Felipe, Conceição do Almeida e Santo Antônio de Jesus, tornando inviável os estabelecimentos de futuros cruzamentos com população do mesmo grupo. Os resultados obtidos indicam que as populações de *Artocarpus heterophyllus* Lam, possuem baixa divergência genética dentro dos agrupamentos e dissimilaridade entre os agrupamentos. Eles demonstram que populações próximas, em termos geográficos, são necessariamente mais similares quanto a genética.

Diversidade genética de *Hymenaea courbaril* (Fabaceae) por meio de marcadores moleculares SSR

ROCHA, V. D.[1]; TIAGO, P. V.[2]; CARDOSO, E. S.[2]; ZORTÉA, K. E. M.[2]; ROSSI, A. A. B.[2]

[1]Laboratório de Biologia Molecular e Filogeografia, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa
[2]Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, Departamento de Biologia, Universidade do Estado de Mato Grosso

Hymenaea courbaril, conhecido popularmente como jatobá, é uma espécie amplamente distribuída na América do Sul, apresenta potencial econômico sendo sua madeira o produto mais comercializado. Espécies naturais como jatobá tem sido afetada pela fragmentação de habitats que ocasiona mudanças nas dinâmicas das populações, incluindo perda da variabilidade genética. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi estimar a diversidade genética de árvores nativas de *H. courbaril*, visando fornecer informações que contribuam para conservação de recursos genéticos dessa espécie. Foram amostradas 43 árvores adultas de *H. courbaril* distribuídas em cinco municípios (Alta Floresta, Colíder, Marcelândia, Nova Monte Verde e Sinop) na região norte do estado de Mato Grosso, Brasil. O DNA genômico foi extraído a partir de tecido foliar, usando o método CTAB. Foram realizadas amplificações via PCR utilizando sete *primers* SSR desenvolvidos para espécie *H. courbaril*. O tamanho dos fragmentos foram determinados em eletroforese com gel de agarose a 2%. A análise dos dados foi executada por meio dos programas POWER MARKER v.3.25 e STRUCTURE v.2.3.4. O número total de alelos amplificados foi de 72, com média de 10,29 por loco. A análise bayesiana utilizando o Structure definiu quatro grupos genéticos diferentes (K=4). Os grupos I e II foram compostos por 13 indivíduos cada, enquanto os grupos III e IV foram formados por 8 e 9 indivíduos, respectivamente. Comparando os grupos, os maiores valores de diversidade gênica (D_G), heterozigosidade observada (H_O) e índice do conteúdo polimórfico (PIC) foram encontrados no grupo II (D_G = 0,96; H_O =0,36; PIC=0,69). Em relação ao índice de fixação (*f*), este foi mais alto (0,69) no grupo III, o que provavelmente foi causado por endogamia, uma vez que os indivíduos desse grupo se encontram mais isolamento geograficamente. Conclui-se que os indivíduos de *H. courbaril* estudados apresentam diversidade genética, sendo que grupo II possui maior diversidade, portanto, deve ser priorizado na coleta de germoplasma para uso em programas de conservação *ex situ*.

Apoio: FAPEMAT e CNPq

Diversidade genética e seleção fenotípica via modelos mistos na espécie *Coffea arabica*

SOUSA, T. V.[1]; ALKIMIM, E. R.[2]; RESENDE, M. D. V.[3]; OLIVEIRA, A. C. B.[3]; ZAMBOLIM, L.[1]; CAIXETA, E. T.[1,3]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Triângulo Mineiro.
[3]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa.

A espécie *Coffea arabica* é a mais importante, economicamente, do gênero *Coffea*. Essa espécie é autógama e apresenta base genética estreita. Assim, o sucesso dos programas de melhoramento para essa cultura é desafiador. Nesse sentido, métodos seletivos robustos e precisos são necessários para a maximização dos ganhos com seleção, mantendo a variabilidade genética presente nas populações em melhoramento. O uso de marcadores moleculares, por permitir o acesso à informação do DNA dos indivíduos, e a seleção baseada em dados fenotípicos por meio de procedimentos de modelos mistos (REML/BLUP), por permitirem a estimação de parâmetros genéticos de forma acurada mesmo em situação de experimentos desbalanceados, têm se mostrado vantajosos. Assim, o objetivo do presente trabalho foi (i) identificar marcadores SNP e validá-los em estudos de diversidade genética; (ii) estimar os parâmetros genéticos e os ganhos com a seleção utilizando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) em população de *C. arabica*. A população em estudo, inicialmente, foi composta por 72 genótipos nos quais os marcadores SNPs foram identificados e validados. A seleção fenotípica para 18 características agronômicas foi realizada em 228 genótipos de cafeeiros por meio do procedimento REML/BLUP. Um total de 40.000 sondas específicas foram construídas, sendo identificados 91.517 marcadores SNPs em 72 indivíduos de *C. arabica*. Após análises de qualidade, 11.187 SNP foram selecionados e validados em análises de diversidade e estrutura genética de populações. Das 40.000 sondas construídas, 10.000 foram selecionadas, as quais estão distribuídas em todos os cromossomos da espécie. Os marcadores foram eficientes na avaliação da diversidade e estrutura genética de *C. arabica*. Com base nos dados fenotípicos por meio de análises de modelos mistos foi possível estimar os parâmetros genéticos da população avaliada e obter ganhos expressivos com seleção.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; INCT Café; Embrapa Café

Efeito do fator transcricional LIMYB na síntese de lignina, um componente da imunidade contra geminivírus

RAIMUNDO, G. A. S.[1]; TEIXEIRA, R. M.[1]; PÁDUA, C. C. A.[1]; ZANOTTI, A.[2]; MEIRA, R. M. S. A.[2]; FONTES, E. P. B.[1.]

[1]Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Anatomia Vegetal e Morfogênese, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

Os geminivírus compõem uma família na qual as espécies são vinculadas pela mosca branca (*Bemisia tabaci*) e é muito importante nas regiões tropicais e subtropicais, onde causa prejuízos à tomaticultura. Estudos da defesa antiviral mediada pelo receptor de membrana NIK1 (*NSP- Interacting Kinase*) indicaram a proteína nuclear LIMYB (*L10 – Interacting MYB Domain Contain Protein*) como componente crucial na resposta contra infecção por geminivírus. LIMYB é um fator transcricional que se liga a promotores de genes de proteínas ribossomais, reprimindo a transcrição destes e ocasionando supressão da tradução global, consequentemente, limitando a propagação viral sistêmica. Recentemente, análises de transcriptoma mostraram LIMYB atuando em promotores de genes relacionados à biossíntese de fenilpropanóides, rota responsável pela produção de monolignois, componentes dos polímeros de lignina. A lignificação pode conferir barreira física numa estratégia de enrijecimento da parede celular em resposta a patógenos, promovendo resistência mecânica ao ataque de hemípteros como a *Bemisia tabaci*. O objetivo deste estudo foi avaliar alterações na anatomia e transcriptoma ligados à produção de lignina, que são influenciados por LIMYB. A pesquisa foi desenvolvida no Laboratório de Biologia Molecular de Plantas da UFV, Viçosa, em janeiro de 2018. Plantas de *Arabidopsis thaliana* expressando normalmente e linhagens superexpressando LIMYB, com 24 dias tiveram as folhas coletadas e fixadas em FAA (formaldeído, ácido acético glacial, etanol 50% 1:1:18) para obter secções transversais com 5 µm de espessura via microtomia. As secções foram tratadas com azul de toluidina. Adicionalmente, avaliaram-se, por qRT-PCR, os níveis de expressão do gene da peroxidase da via de biossíntese de lignina. Estes ensaios permitiram averiguar aumento tanto da deposição de lignina no xilema, como da expressão da peroxidase nas linhagens de plantas super-expressando LIMYB, evidenciando distintos possíveis mecanismos de defesa associados a este fator de transcrição.

Apoio: CNPq, CAPES, UFV, Fapemig

Efeito do silenciamento dos genes GmERD4 e GmIMT no acúmulo do *Cowpea mild mottle virus* em plantas de soja

BARBOSA, T.M.C.[1]; ZANARDO, L.G.[1]; CARVALHO, C.M.[1]; ZERBINI, F.M.[1]

[1]Laboratório de Virologia Vegetal Molecular, Universidade Federal de Viçosa

O *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV, família Betaflexiviridae, gênero Carlavirus), agente causal da necrose da haste da soja, é um vírus emergente no Brasil. Até hoje, poucos estudos abordaram a replicação de betaflexivírus, e sabe-se apenas que ocorre no citoplasma. Duas proteínas de soja (*GmERD4*, associada a respostas de seca, and *GmIMT*, uma inositol methyltransferase), foram previamente demostradas interagir com o domínio da RNA polimerase dependente de RNA (RdRp), da replicase do CPMMV. Analises da expressão de ambos os genes em plantas de soja infectadas com o CPMMV demonstrou que eles são induzidos entre 3 a 7 dias após a inoculação viral (dai). No entanto, a superexpressão de *GmERD4* em protoplastos de soja aumentou o acúmulo viral. Assim, neste trabalho buscou-se melhor caracterizar a interação CPMMV-soja. Foi utilizado o silenciamento gênico induzido por vírus (*virus-induced gene silencing* - VIGS) com um vetor VIGS baseado no *Bean pod mottle virus* (BPMV) para o silenciamento de *GmERD4* e *GmIMT*. Para a validação do experimento foi realizada a extração do RNA total das plantas silenciadas. Posteriormente, o nível de expressão dos genes alvo e o acúmulo de CPMMV foram quantificados por qRT-PCR, por quantificação relativa e absoluta, respectivamente. Em plantas inoculadas com a construção de *GmERD4*-BPMV, o nível de expressão do gene alvo *GmERD4* foi de 40% em relação as plantas controle. Em plantas inoculadas com a construção *GmIMT*-BPMV, a diminuição na expressão de *GmIMT* foi de 60% de sua expressão. Surpreendentemente, o silenciamento de *GmERD4* e *GmIMT* reduziu drasticamente o acúmulo de CPMMV em 5 dai e, no caso de plantas silenciadas por *GmIMT*, o efeito persistiu até 14 dai. Esses resultados indicam que o *GmERD4* é essencial durante os estágios iniciais da infecção pelo CPMMV, enquanto o *GmIMT* é essencial durante todo o processo de infecção. Portanto, a interação entre CPMMV e estas duas proteínas constitui um alvo em potencial de medidas antivirais para o controle da necrose da haste da soja.

Apoio: CNPq

Estudo das vias moleculares de resposta ao *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV) em soja

BARBOSA, T. M. C.[1]; ALVES, M. S.[1]; ZANARDO, L. G.[1]; CARVALHO, C. M.[1]

[1]Laboratório de Virologia Vegetal Molecular, Universidade Federal de Viçosa

Das inúmeras doenças que atingem plantações de soja, a necrose da haste vem tomando destaque nas últimas décadas e se tornando uma doença alarmante. Esta é causada por um vírus pertencente à família *Betaflexiviridae*, gênero *Carlavirus*, o *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV), sendo de rápida disseminação e sintomas muitas vezes severos, podendo levar plantas à morte. Os mecanismos que geram os sintomas causados pela patogenicidade, e como a planta resiste a esses agentes, ainda não são bem compreendidos, como as vias de sinalização em resposta ao patógeno. Diante disto foram investigados genes envolvidos em vias em plantas de soja que apresentavam diferentes sintomas em resposta a inoculações sucessivas com o isolado do vírus CPMMV. Foram avaliadas plantas na 3ª e a 6ª passagem do inóculo viral. A caracterização das bases moleculares das respostas sistêmicas de defesa em soja infectada foi feita com o objetivo de averiguar os níveis de expressão de 14 genes alvo sendo MAPKs: MAPKKα, MEK2, SIPK e MAPK3; WRKYs, MSK1, CDPK5, SNC1, EDS1 e RBOHB; através de RT-qPCR. Quando avaliados em extratos foliares da terceira passagem, todos os genes apresentaram superexpressão, já na sexta passagem os genes MAPKKKα, CDPK5, MSK1 e WRKYs foram subexpressos, os genes MEK2 e MAPK3 sofreram subexpressão nesta mesma passagem. Análises fenotípicas das plantas utilizadas para a obtenção dos extratos foliares mostraram que as folhas das plantas da terceira passagem apresentavam sintomas necróticos e na sexta passagem possuía sintomas de mosaico. Ao relacionar os resultados fenotípicos e moleculares foi possível sugerir a forma como a expressão dos genes pode ocorrer, após uma mudança do determinante viral, influenciando na expressão do fenótipo observado. Os resultados de expressão gênica permitiram a conclusão de que na sexta passagem onde não há ocorrência de necrose sistêmica, observa-se a supressão da morte celular diante da redução da expressão de diversos genes analisados, mas possivelmente, não há a restrição do movimento viral ao longo da planta, o que permite a manutenção da ativação de diversas vias de ativação.

Apoio: CNPq

Estudo de genes candidatos efetores de *Phakopsora pachyrhizi* através de silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro (HIGS)

MELO, B. V. A.[1]; ZANARDO, L. G. [1]; KNUPP, V. R. A. [1]; BROMMONSCHENKEL, S. H.[1]

[1]Laboratório de Genética e Genômica de Interações Planta-patógeno, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.

Phakopsora pachyrhizi é um fungo biotrófico pertencente ao filo Basidiomycota e agente causal da ferrugem asiática da soja, doença com grande importância no Brasil, onde causa perdas de até 90% da produção do grão. Durante a interação com a planta hospedeira, o patógeno secreta diversos efetores capazes de alterar os processos celulares para modular ou suprimir a resposta de defesa vegetal. Devido à dificuldade de se obter mutantes nulos por inativação gênica para patógenos biotróficos, técnicas baseadas em RNA de interferência têm sido utilizadas para estudos funcionais de genes durante a interação com o hospedeiro. O silenciamento gênico induzido pelo hospedeiro (HIGS) explora a troca de pequenos RNAs (small RNAs - sRNA) entre organismos associados onde o hospedeiro transfere fragmentos de RNA – sRNAs ou RNA dupla fita (dsRNAs) – para o patógeno, induzindo o silenciamento gênico . O objetivo deste trabalho foi investigar o efeito fenotípico do silenciamento dos genes Cyp51, SDHC, SDHD e SMT de *P. pachyrhizi*, durante a infecção de plantas de soja a partir da técnica de HIGS. A partir de DNA extraído do isolado monopostular PPUFV02, um segmento de cada um dos genes em estudo foi amplificado pela reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando oligonucleotídeos específicos contendo a sequência do promotor T7 na extremidade e, posteriormente, foi realizada a transcrição *in vitro* dos fragmentos com o MEGAscript RNAi Kit. O dsRNA transcrito, correspondente a cada um dos genes em estudo, foi pulverizado em folhas destacadas de soja da variedade Conquista e mantidas em placa úmida. As folhas pulverizadas com dsRNA e o controle não pulverizado foram inoculadas com uredósporos de *P. pachyrhizi* e avaliadas dez dias após a inoculação quanto ao número de lesões, número de urédias por lesão, coloração das lesões e germinação dos uredósporos. O resultado obtido em soja indica que não há diferença entre as plantas tratadas com dsRNA e o controle não tratado. A partir da avaliação fenotípica não foi possível concluir se o método de HIGS é adequado para estudo funcional no patossistema Soja–*P. pachyrhizi.*

Apoio: FAPEMIG

Expressão de genes do centro de reação do fotossistema II em genótipos de arroz submetidos a déficit hídrico recorrente e após 24h de rehidratação

ROSSATTO, T. [1], AULER, P. A. [1], AMARAL, M. N. [1], MILECH, C. [1], VERGARA, L. O. V. [1], BRAGA, E. J. B. [1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Fisiologia Molecular de Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pelotas

As respostas das plantas à seca podem variar dependendo de muitos fatores e também da ocorrência de um déficit hídrico prévio, que pode deixar uma memória do estresse no vegetal. O objetivo deste trabalho foi observar se a aplicação de um estresse hídrico (restrição) no estádio vegetativo (V5) irá afetar a expressão de genes pertecentes ao fotossístema II (*PsbD, PsbD2 e PsbDA*), após passar por estresse recorrente no período reprodutivo, em genótipos de arroz oriundos de diferentes sistemas de cultivo – Irrigado (BRS Querência) e sequeiro (AN Cambará). Os tratamentos foram: C: controle - plantas mantidas em condições ótimas de irrigação; PTv+R: Pré-tratamento com déficit hídrico no estádio vegetativo e no estádio reprodutivo; PTv: Plantas sob déficit hídrico no estádio vegetativo e em condições ideais no estádio reprodutivo; NPT: Plantas sob condições ótimas de irrigação no estádio vegetativo e no reprodutivo sob déficit hídrico. As coletas foram realizadas no estádio reprodutivo após sete dias de déficit hídrico e após 24h de rehidratação. Foi realizada a extração de RNA e síntese de cDNA e utilizado o gene *UBC-E2* como normalizador. Foi observado que o gene *PsbDA* teve uma expressão diferencial entre genótipos nos tratamentos PTv+R e NPT. Para o genótipo de várzea os menores valores foram em PTv+R (0,41) e NPT (0,32) enquanto que para o de sequeiro o menor valor foi em PTv+R (0,16) podendo estar sendo influenciado pelo pré-tratamento e com isso um aumento mais lento na síntese da proteína D1 como forma de economia de energia para um estresse futuro. Após 24h de rehidratação, os genes *PsbD* e *PsbDA* tiveram uma expressão relativa mais alta no tratamento NPT no genótipo de sequeiro, podendo sugerir que o pré-tratamento nesse genótipo faz com que a sinalização para a transcrição dessa proteína seja mais lenta após o reestabelecimento da condição hídrica ideal. A partir das expressões diferenciais pode-se concluir que existe uma dinâmica de resposta distinta em relação ao efeito *priming* entre os genótipos e que nos parâmetros analisados o genótipo de sequeiro responde mais ativamente ao pré-tratamento.

Apoio: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e FAPERGS (Fundação de Pesquisa do Rio Grande do Sul).

Expressão de genes do metabolismo do ácido abscísico em dois genótipos de arroz submetidos a déficit hídrico recorrente

AULER, P. A.[1], ROSSATTO, T.[1], AMARAL, M. N.[1], MILECH, C.[1], VERGARA, L. O. V.[1], BRAGA, E. J. B.[1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Fisiologia Molecular de Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pelotas

Os efeitos da restrição hídrica podem variar dependendo de muitos fatores e da ocorrência de eventos prévios de seca que podem deixar um efeito residual, influenciando o desempenho futuro. Os mecanismos moleculares envolvidos nas respostas oriundas do pré-tratamento não são bem entendidos, mas acredita-se que o acúmulo de proteínas celulares estão associadas à sinalização e a fatores de transcrição Além disso, sabe-se que o ácido abscísico é o principal fitohormônio relacionado a estresses abióticos sendo acumulado nas células em situações desfavoráveis, agindo como molécula sinalizadora e de defesa. Com isso, a hipótese deste trabalho é que genótipos de arroz provenientes de sistema de cultivo irrigado e sequeiro apresentam uma expressão diferencial nos genes da rota do ABA quando submetidos a déficit hídrico recorrente. O objetivo desse trabalho foi observar a expressão de doze genes (*ZEP, NCED1. NCED2, NCED3, NCED4, NCED5, AAO1, AAO2, AAO3, ABAH1, ABAH2 e ABAH3*). Foram utilizados dois genótipos: BRS Querência (irrigado) e AN Cambará (sequeiro) sendo que o déficit hídrico foi aplicado no estádio vegetativo (V5) e/ou no estádio reprodutivo. Os tratamentos foram: C: controle - plantas mantidas em condições ótimas de irrigação; PTv+R: Pré-tratamento com déficit hídrico no estádio vegetativo e no estádio reprodutivo; PTv: Plantas sob déficit hídrico no estádio vegetativo e em condições ideais no estádio reprodutivo; NPT: Plantas sob condições ótimas de irrigação no estádio vegetativo e no reprodutivo sob déficit hídrico. Foi realizada a extração de RNA e síntese de cDNA e utilizado o gene *UBC-E2* como normalizador. Foi observado que enquanto no genótipo irrigado onze dos doze genes analisados tiveram maior expressão nas plantas que não receberam pré-tratamento no genótipo de sequeiro os maiores valores de expressão foram em quatro genes (*NCED5, ABAH1, ABAH2 e ABAH3*) nas plantas com pré-tratamento. Essas expressões diferenciais entre genótipos permitem concluir que existe uma dinâmica de resposta distinta em relação ao efeito do pré-tratamento que juntamente com outras análises podem elucidar pontos chaves para a tolerância ao déficit hídrico em plantas de arroz.

Apoio: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e FAPERGS (Fundação de Pesquisa do Rio Grande do Sul).

Expressão gênica de três UDP-glicolsiltransferases em *Stevia rebaudiana* cultivadas in vitro sob diferentes concentrações de NaCl

MILECH, C.[1]; LUCHO, S. R.[1]; AULER, P. A.[1]; AMARAL, M. N.[1]; CALDERÓN, A. A. [2]; BRAGA, E. J. B.[1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Fisiologia Molecular de Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pelotas
[2]Departamento de Ciências e Tecnologia Agrária, Universidade Politécnica de Cartagena

A espécie *Stevia rebaudiana* Bertoni, conhecida como estevia, é uma importante planta medicinal, usada pela indústria farmacêutica e alimentícia. Sua importância deve-se, em grande parte aos glicosídeos de esteviol (GSs), que são compostos altamente doces, não tóxicos e não mutagênicos. A via de biossíntese dos GSs compreendem três estágios principais, sendo que os dois primeiros consistem em múltiplos passos enzimáticos em que os genes *DXS, DXR, CMS, CMK, MCS, HDS, HDR, GGDPS, CDPS, KS* e *KO,* parecem estar envolvidos e o último compreende a hidroxilação do ácido kaurenoico pela enzima KAH e finalmente a glicosilação do esteviol por UDP-glicosiltransferases (UGT85C2, UGT74G1 e UGT76G1), produzindo diferentes GSs. Uma abordagem recente mostra o uso de NaCl para otimizar a produção de metabólitos secundários e embora existam resultados conflitantes em estevia, um efeito positivo em outras plantas já foi relatado. Neste sentido mais estudos são necessários em relação à concentração ideal que trará benefícios em condições salinas para a estevia. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar mudanças na expressão gênica de três UDP-glicolsiltransferases (*UGT85C2*, *UGT74G1* e *UGT76G1)* em *Stevia rebaudiana* cultivadas in vitro, quando submetidas a diferentes concentrações de NaCl (0,0; 0,5 e 1,5 g L^{-1}). A técnica de RT-qPCR foi empregada para quantificar a transcrição dos genes específicos da via de biossíntese dos GSs. Os genes *UBQ* e *ACT* foram utilizados como controle interno para normalizar os dados das reações. Avaliando o nível de expressão dos genes que codificam para as três UDP-glicosiltransferases, observou-se aumento nos níveis de transcrição para o gene *UGT76G1*, cerca de 2,65 vezes, quando comparado com plantas controle. Em contraste, as diferentes concentrações de NaCl não propiciaram aumento na expressão dos outros genes avaliados (UGT85C2 e UGT74G1). De um modo geral, este estudo oferece novos *insights* em relação à expressão de genes que regulam enzimas chaves da biossíntese dos GSs em plantas *Stevia rebaudiana* sob o efeito de diferentes concentrações de NaCl.

Apoio: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e CNPQ (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico)

Filogeografia molecular de duas espécies neotropicais de *Inga* (Leguminosaea) do noroeste da América do Sul

ROCHA, V. D.[1]; DAL'SASSO, T. C. S.[1]; BATISTA, J. P.[1]; OLIVEIRA, L. O.[1.]
[1]Laboratório de Biologia Molecular e Filogeografia, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

A filogeografia tem fornecido conhecimento que nos ajudam a compreender a história evolutiva da flora neotropical. Ela provê conhecimentos acerca dos processos que envolvem a origem e distribuição das espécies, incluindo suas relações filogenéticas. Dentre as espécies neotropicais, encontra-se *Inga edulis* e *Inga sapindoides,* as quais se apresentam co-distribuídas no noroeste da América do Sul. Neste estudo, avaliou-se a estrutura filogeográfica *I. edulis* e *I*. *sapindoides* por meio de uma rede de haplótipos contendo sequências de regiões do genoma cloroplastídico (cpDNA). O objetivo foi responder as seguintes perguntas: Qual nível de diversidade genética em *I. edulis* e em *I*. *sapindoides*? As duas espécies compartilham haplótipos de cpDNA? Foram obtidas 87 sequências que haviam sido depositadas no GenBank (região espaçadoras intergênicas *trnT-trnE*, *trnE-trnY, trnY-trnD* e genes *trn*E e *trn*Y.). O banco de dados incluiu sequências de 41 de indivíduos de *I. sapindoides* e 47 de *I. edulis.* Os indivíduos foram amostrados no Peru, Bolívia e Brasil. As sequências concatenadas somaram 1113 pb; elas foram editadas e corrigidas no programa SEQUENCHER v4.8. Os seguintes índices foram calculados no programa DNAsp v6.11: diversidade haplotípica (Hd), diversidade de nucleotídeos (pi), número médio de diferença de nucleotídeo (K) e número de sítios variáveis (S). A rede de haplótipos foi inferida utilizando o método Median-Joining no programa NETWORK 5.0. Os índices de diversidade foram maiores em *I. sapindoides* (Hd=0,810; pi=0,00229; K=2,544; S=9) em comparação com *I. edulis* (Hd=0,086; pi=0,00027; K=0,304; S=7). Foram encontrados dez haplótipos, sendo que o haplótipo 2 apresentou maior frequência e foi compartilhado entre indivíduos de *I. edulis* e *I. sapindoides* que haviam sido amostrados no Peru e na Bolívia. Sete haplótipos foram exclusivos de *I. sapindoides,* enquanto dois foram exclusivos de *I. edulis*. Conclui-se que a relação genética apresentada pela rede, evidenciando o compartilhamento de haplótipo entre *I edulis* e *I. sapindoides* pode estar relacionado a um polimorfismo ancestral que foi mantido após a especiação ou a hibridização interespecífica com captura de cloroplasto.

Apoio: CNPq, CAPES.

Gene regulation and tissue characterization of the cell wall of embryonic axis of soybean seeds during germination

SANGI, S.[1]; ALEXANDRINO, R.C[2]; DA CUNHA, M.[2]; OLIVEIRA, A. E. A.[1]; GRATIVOL, C.[1]

[1]Laboratório de Química e Funções de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense
[2]Labório de Biologia Celular e Tecidual, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense

The seeds are responsible, through the embryonic axis (ee), for the growth and establishment of future seedlings during the germination process. During the germination stage, the cell wall (pc) expands to promote the plant growth. This expansion involves the selective loosening of pc and the regulation of specific genes. In this context, the objective of this work was to identify and characterize the expression variation of genes involved in the regulation and biosynthesis of pc in ee during the germination of soybean seeds. For this purpose, transcriptome libraries of soybean seeds embryonic axis (ee) were used for 0, 3, 6, and 24 hours after seed imbibition. Also, microscopic phenotypic analysis of seed and were performed during germination. Thereby, we identified 2,143 genes that control various pathways of biosynthesis and assembly of the pc of the soybean ee. Among the pathways of pc formation, phenylpropanoids, peroxidases, family 8 glycosyltransferase, arabinogalactans, expansins, proteases, cellulose synthase-like, xyloglucans and COBRA have highly expressed punctually. The expression of the pc genes identified have a large contribution in the pc biosynthesis in the and during germination. The macro and microscopic analyzes showed increase of the cellulose content and expansion of pc of the during germination, being that the average size of the cellular area of the point of 3h and 24h after the imbibition were 15.79 and 81.81 mm², respectively. The identification of genes regulated during germination provided a basis for a functional and biochemical characterization of the cell wall components that control not only the biosynthesis but also the expansion of the wall in soybean seeds. Furthermore, the identification of these genes provided a better understanding of the seed germination process, which may contribute to new approaches to soybean production.

Apoio: CAPES, CNPQ, FAPAERJ

Identificação de genes de resistência à *Hemileia vastatrix* em *Coffea*

ALVES, D. R.[1]; ALMEIDA, D. P.[1]; CASTRO, I. S. L[1]; ZAMBOLIM, L.[3]; MENDES, T. A. O.[4]; CAIXETA, E. T.[1,2]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Café
[3]Laboratório de Proteção de Plantas, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.
[4]Laboratório de Parasitologia e Epidemiologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

Um dos problemas de destaque enfrentados pelos cafeicultores é a suscetibilidade do café a diferentes doenças, estando à ferrugem, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, entre os principais patógenos que causam prejuízos econômicos no mundo. Uma vez que, ao longo do tempo, as plantas podem tornar-se suscetíveis a novas raças do patógeno, o desenvolvimento de cultivares resistentes a ferrugem tem sido um desafio em programas de melhoramento do cafeeiro. A utilização de ferramentas moleculares em conjunto com estudos de bioinformática tem mostrado resultados significativos que possibilitam a ampliação do conhecimento dos genes que estão envolvidos na resistência de *Coffea* a *H. vastatrix*. O objetivo deste trabalho foi identificar genes de resistência, a partir do sequenciamento de um clone da biblioteca BAC oriunda do genótipo Híbrido de Timor resistente à ferrugem alaranjada. O clone contendo a marca previamente identificada como associada à resistência foi sequenciado por Plataforma Illumina MiSeq 100PE (*paired-endreads*). A montagem dos *contigs* foi feita usando o software SPAdes. A predição de genes foi realizada no programa AUGUSTUS e a anotação destes foi feita utilizando uma ferramenta para a busca de similaridade de sequência, BLAST, contra o genoma de *Coffea canephora*. A análise do sequenciamento revelou a presença de análogos de genes de resistência (RGA) com base em domínios proteicos conservados como TIR (Toll/interleukin-1 receptor), NBS (Nucleotide Binding Site), LRR (Leucine Repeat), CC (Coiled Coil) e LZ (Leucine Zipper). Estão presentes genes candidatos com um papel conservado para a proteção contra patógenos e resistência a doenças com resposta de defesa nas primeiras horas de infecção. Foram ainda encontradas regiões associada à defesa indireta, incluindo uma resposta hipersensível, que restringe o crescimento do patógeno e genes de defesa que tem uma expressão constante durante a infecção. Assim, os resultados apresentados agregam informações importantes que podem ser utilizadas para a compreensão dos genes envolvidos na resistência do café e posteriormente utilizados para o desenvolvimento de cultivares com resistência durável a *H.vastatrix.*

Apoio: Capes, CNPq, Consórcio Pesquisa Café, INCT Café.

Identificação de LRR receptor like kinase em *Hibrido de Timor 832/2*

ALMEIDA, D. P.[1]; CASTRO, I. S. L[1]; BARREIROS, P. R. R. M [2]; ZAMBOLIM, L.[2]; MENDES, T. A. O[3]; CAIXETA, E.T[1,4]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa
[2]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa
[3]Laboratório de Parasitologia e Epidemiologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa
[4]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Café

Dentre as principais doenças que afetam a produção cafeeira em todo mundo, a ferrugem alaranjada, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix* é a doença que mais preocupa os cafeicultores. Dessa forma, o melhoramento do cafeeiro tem buscado desenvolver cultivares resistentes a essa doença, porém muitos delas já foram suplantadas devido a adaptabilidade do patógeno. Avanços dos estudos moleculares e análises de sequências nucleotídicas ou proteicas podem auxiliar no entendimento dessa adaptabilidade e interação do patógeno e hospedeiro. Objetivou-se com esse trabalho identificar e caracterizar análogos de genes de resistência (RGA). Foi feito o screening na biblioteca BAC oriunda do genótipo Hibrido de Timor CIFC 832/2 por marcador funcional para LRR receptor Kinase. O clone BAC isolado com inserção de fragmento do gene foi sequenciado por Plataforma Illumina HiSeq2000/2500 100PE (*paired-endreads*) em Macrogen (Seul, Coréia do Sul). O processamento da sequência realizado *Paired-end* e a montagem dos *contigs* foram feitos usando o software SPAdes, a predição de genes realizada com o programa AUGUSTUS e a predição de domínio protéicos no software PFAM. Como complemento de anotação, foi realizado um Blast das ORFs previstos contra sequências de codificação (CDS) de *Solanum lycopersicum*, *Vittis vinifera* e *C. canephora*. No clone sequenciado foram identificados dois Leucine-rich repeat receptor-like protein kinases (LRR-RLKs), ambos com domínios conservados leucine rich repeat e protein kinase. O dois receptores apresentaram similaridades com receptores presentes nos cromossomos 1, 4 e 12 de *C.canephora, S. lycopersicum e V. vinifera,* respectivamente. Esses dois genes são de grande inportância para o entendimento de como funciona a defesa do cafeeiro ao fungo *H. vastatrix* e posterior manipulação dos mesmos no melhoramento visando resistência durável a essa importante doença.

Apoio: Capes,CNPq, Embrapa Café

Identificação de peptídeos antimicrobianos de diferentes genótipos de feijão comum: caracterização bioquímica e enzimática

ANDRADE, E. K. V.[1]; BARD, G. C. V.[2]; PEREIRA, L. S.[2]; SOUZA, T. A. M.[2]; GOMES, V. M. [2]; RODRIGUES, R.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
[2]Laboratório de Fisiologia e Bioquímica de Microrganismos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância socioeconômica, cultivada em várias partes do mundo. Entretanto, sofre muitos prejuízos por inúmeras pragas e doenças que afetam a cultura, e causam redução da produtividade. Nos últimos anos, diversos trabalhos vêm demonstrando a função de algumas proteínas e peptídeos com atividade antimicrobiana, a partir de diferentes espécies de plantas e principalmente isoladas de sementes, contra uma vasta gama de microrganismos patogênicos. Entre os principais peptídeos antimicrobianos (AMPs) descritos estão as proteínas transferidoras de lipídeos (LTPs) e as defensinas. O objetivo principal deste trabalho foi identificar a presença de AMPs e avaliar a atividade inibitória de extratos de diferentes genótipos de feijoeiro-comum sobre a atividade da α-amilase salivar humana e α-amilase larval do inseto *C. maculatus,* bem como sobre a enzima tripsina*.* Foram utilizadas sementes de feijão-comum pertencentes ao Banco de Germoplasma da UENF. As sementes de 19 genótipos foram submetidas à extração proteica em tampão fosfato de sódio, pH 5.4 e submetidas à precipitação com sulfato de amônio a 70 % de saturação. Os extratos obtidos foram monitorados por eletroforese em gel de tricina. A presença de LTPs foi observada em nove frações de feijão-comum, enquanto que a detecção de defensinas foi visualizada em todas as frações de feijão-comum. Para a avaliação da atividade inibitória das α-amilases foram utilizados 50 µg. mL^{-1} dos extratos brutos. Os resultados mostraram que 17 frações causaram inibição da atividade da α-amilase salivar humana, variando de 81,8 a 100 % de inibição e 18 frações causaram inibição da atividade da α-amilase larval do *C. maculatus,* variando de 81,7 a 100 % de inibição. Apenas quatro frações (F5, F6, F2239 e F2271) das 19 testadas, não foram capazes de inibir a atividade da enzima tripsina, também utilizando uma concentração de 50 µg. mL^{-1}.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPERJ, UENF

Identificação de SNP significativos associados à resistência a cercosporiose em *Coffea arabica* via GWAS

SILVA, R. A.[1]; SOUSA, T.V.[1]; ALKIMIM, E. R.[2]; ALVES, D. R.[1]; CAIXEITA, E.T.[3]; NASCIMENTO, M.[4]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Triângulo Mineiro.
[3]EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[4]Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal De Viçosa.

O Brasil é o maior produtor e exportador de café do mundo, sendo a segunda maior *commodity* do país. Dessa forma, se faz necessário a busca por cultivares superiores que atendam as necessidades do mercado. Uma das necessidades emergentes são cultivares resistentes as principais doenças fúngicas. O fungo *Cercospora coffeicola* é o agente causal da cercosporiose, uma das doenças secundárias do café, que sob condições ambientais adversas, tem causado dados severos em diferentes fases da cultura. Com isso, os programas de melhoramento de café necessitam utilizar estratégias que potencializem o desenvolvimento de cultivares para suprir essa demanda. Uma ferramenta que tem se mostrado eficiente é o estudo de associação genômica ampla (GWAS), que possibilita inferir sobre as relações das variações genéticas com características fenotípicas, em nível populacional. Através de testes de hipóteses, objetivando detectar efeitos significativos e identificar regiões do genoma com os genes que estão sendo expressos no fenótipo. Assim, o objetivo do presente trabalho foi a identificação de possíveis regiões genômicas que apresentem efeito significativo sobre a característica cercosporiose, por meio da GWAS. A população de trabalho foi composta por 195 indivíduos de *Coffea arabica*, onde se extraiu o DNA de todas as plantas, que posteriormente tiveram amostras sequenciadas para identificação de marcadores moleculares do tipo SNP. As avaliações fenotípicas para cercosporiose foram conduzidas durante os anos 2014, 2015 e 2016. As estimativas categóricas foram realizadas através de uma avaliação por notas de 1 a 5, onde atribuísse notas 1 para genótipos sem nenhum sintoma da doença, caracterizado por ausência de lesões foliares, e 5 para genótipos altamente suscetíveis. As análises de GWAS foram executadas com auxílio de *Scripts* personalizados, implementados no *software* R. A partir do GWAS detectou-se três marcadores SNP significativos para cercosporiose, localizados em cromossomos diferentes. Esses resultados podem se tornar uma ferramenta importante, possibilitando a seleção de genótipos superiores com maior economia de tempo e eficiência nos programas de melhoramento de café.

Apoio: CNPq, Capes, INCT Café e Consórcio Pesquisa Café

Identification of GmbZIP89 as a possible node of salicylic acid – jasmonate crosstalk in soybean, and its importance during *P. pachyrhizi* infection

FONTES, P. P.[1]; SOUZA, G. B.[1]; GONÇALVES, A. B.[1]; CARVALHO, K.[2]; MARCELINO-GUIMARÂES, F. C.[2]; FIETTO, L. G.[1]

[1]Laboratório de Biotecnologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Soja, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Londrina, Paraná

The biotrophic fungus *Phakopsora pachyrhizi* is currently the major pathogen affecting soybean production worldwide. Previously, we verified that the fungus induces jasmonic acid (JA) pathway in detriment of the salicylic acid (SA) pathway as a mechanism for the establishment of infection in the compatible interaction. Studies aimed at the identification of genes and the understanding of soybean defense pathways in response to infection by fungi may highlight targets for the development of rust-resistant plants. *Phakopsora pachyrhizi* infection and JA treatment induced the expression of the GmbZIP89 transcription factor. In this work, we analyzed using the VIGS the function of the GmbZIP89 to fungal infection to test its putative role as a node of SA-JA antagonism in soybean. Evaluated marker genes expression from SA and JA signaling pathways in silenced plants (iGmbZIP89) by qPCR. Phenotypic analyses and disease severity were assessed after *P. pachyrhizi* infection. The iGmbZIP89 plants showed silencing of 45%. The lower disease severity showed that the iGmbZIP89 plants became significantly more resistant to infection. These data corroborate with the hypothesis that the GmbZIP89 gene may be a fungus-modulating target or a plant resistance negative regulator. In qPCR, JR1 and JAZ1 genes of the JA-mediated pathway are repressed in silenced plants. In contrast, PR1 of the SA-mediated pathway, presented expression twice as high as the control. The greater expression of PR1 indicate that the GmbZIP89 transfactor acts on the crosstalk of the SA/JA pathway, suggesting that GmbZIP89 may be acting directly or indirectly in the transcriptional repression of SA-mediated pathway genes. Thus, it is possible to suppose that fungus effectors act in the modulation of the expression of target genes, such as GmbZIP89 for the activation of the JA pathway and inhibition of SA defense. Inhibition of SA defense avoiding the HR process, guaranteeing an adaptive advantage to the fungus by maintaining the integrity of the foliar tissue, an important event for the proliferation of the biotrophic pathogen.

Apoio: CNPq

Identification of transcription factors involved in aluminum tolerance in popcorn (*Zea mays*) by gene expression analysis

SCUTARI, V. P.[1]; PINTO, V. B. [1,2]; FERREIRA, P. G.[3]; MENDES, T. A. O.[3]; COSTA, M. D. B. L.[2]; VIANA, J. M. S.[1]

[1] Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[3] Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

Tracking the differential gene expression in two popcorn lines (Al- sensitive and Al-tolerant) by RNA sequencing, this study aimed to investigate the transcription factors (TFs) involved in the response mechanism against Al-stress. Seeds from Popcorn Breeding Program germplasm were germinated at 25ºC $\pm$ 1ºC in a growth chamber for seven days, after the seedlings were transferred to a nutritive solution with constant aeration to acclimated for 24 hours. Then, the treatment group was submitted to aluminum stress with 160 µM Al^{3+} at pH 4.5 for 72 hours. The roots total RNA of the three biological replicates from the four treatments were isolated with Trizol LS reagent and the RNA libraries were sequenced using the Illumina HiSeq 2500 platform. Clean reads of all twelve samples were aligned to the maize reference genome. Cuffdiff program was used to identify differentially expressed genes, that were considered those with significant value of FDR < 0.05 (false discovery rate) and a log2 fold change value (treated/control) > 1 to upregulated genes and < -1 to downregulated genes. Were detected several TFs in both genotypes, in the sensitive were 32 and 23 down and up-regulated, respectively and the tolerant presented 89 and 38, also down and up-regulated, respectively. TFs exclusively present overexpressed in the tolerant genotype were ZF-HD, CO-like, ARF and E2F/DP suggesting that these TFs may play a role in the regulation of expression as a positive response against Al helping the plant to neutralize the stressed situation. The highest positive fold change TFs value found was the MYB in the Al-tolerant (Zm00001d017243), these TFs family was already described playing a role in the cleavage mediated by miRNA, essential for responding to Al-stress. Were reported some WRKY family genes in both genotypes that some of them may act as repressor or activator of Al-tolerance genes. These result open new gates to understand the regulation of genes involved in tolerance and the relationship of ZF-HD, CO-like and E2F/DP with aluminum stress is still poorly understood being that these TFs might play diverse roles in transcriptional regulation of key genes in Al-stress response.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES

Impacto gerado na germinação de mutantes de *Arabidopsis thaliana* com baixa biossíntese de lisina submetidas a condições de estresse salino

NEVES, T. G.[1]; SILVA, W. A. PEREIRA-LIMA, I. A.[1]; ARAÚJO, W. L.[1.]

[1]Unidade de Crescimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

O Excesso de sal nos solos gera prejuízos significativos à agricultura, interferindo de forma negativa na segurança alimentar mundial. O catabolismo de aminoácidos, durante o estresse salino, é um processo importante pois é uma via alternativa de geração de energia, devido ao fornecimento de elétrons para cadeia transportadora de elétrons mitocondrial e compostos intermediários para o ciclo dos ácidos tricarboxílicos, mantendo assim a homeostase celular. Sabe-se que tanto a biossíntese quanto o catabolismo de lisina apresentam uma estreita ligação com o metabolismo energético. Dessa forma buscou-se investigar o papel da lisina na germinação de *Arabidopsis thaliana (At)* submetidas ao estresse salino. Para isso utilizou-se sementes de *At* mutantes com redução na expressão de duas enzimas da rota de biossíntese de lisina mediante uso de T-DNA para (i) *dapat* (AT4G33680) e (ii) *dhdps-2* (AT2G45440). As sementes de *At* dos ecotipos Columbia-0 e Wallewinskya e as linhagens mutantes correspondentes com baixa biossíntese de lisina foram esterilizadas e cultivadas em placas de Petri contendo MS ½ força e NaCl nas concentrações de 50 mM, 150 mM e 250 mM e sem adição de sal (controle). O experimento foi instalado em delineamento inteiramente casualizado. Os resultados dos ensaios de germinação mostraram que sementes *dhdps-2* sofreram menos com as crescentes concentrações de NaCl, já as sementes de *At dapat* foram as mais afetadas na presença de NaCl. No ensaio de germinação onde o meio continha 250 mM de NaCl, o mutante *dhdps-2* obteve uma alta percentagem de sementes com emissão radícula. Uma redução na formação de parte aérea foi observada em todos os genótipos na presença de 250 mM de NaCl, isso se deve, pelo fato de que o estresse salino afeta todos os estágios de crescimento das plantas. Sementes *dhdps-2* apresentaram uma maior porcentagem de sementes germinadas e isso foi observado em todas tratamentos com diferentes concentrações de NaCl. Uma possível explicação para esse fenótipo pode estar associada ao acúmulo de compostos provenientes da via do aspartato, que atuam como compostos osmoprotetores, sendo a treonina o aminoácido mais acumulado em plantas mutantes *dhdps-2*.

Apoio: Capes

Impactos sobre o aparato fotoquímico fotossintético atribuídos à expressão da 2-oxoglutarato descarboxilase, de cianobactérias, em plantas de *Arabidopsis thaliana*

SILVA, W. A.[1]; APFATA, J. A. C.[1]; NEVES, T. G.[1]; VARGAS, J. R.[1]; ARAUJO, W. L.[1]; NUNES NESI, A.[1]

[1]Unidade de Crescimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

Foi descoberto que as cianobactérias não possuem a enzima 2-oxoglutarato desidrogenase (2-OGDH). Contudo, outras duas enzimas estariam complementando funcionalmente a 2-OGDH, uma delas é a 2-oxoglutarato descarboxilase (2-OGDC), inexistente em plantas. Nosso objetivo foi identificar alguns dos efeitos atribuídos à expressão do gene sll1981 da cianobactéria *Synechocystis* sp. PCC 6803, que codifica para a enzima 2-OGDC, em *Arabidopsis thaliana*. Utilizamos cinco genótipos: o selvagem (WT) e os mutantes OGDC1, OGDC4, OGDC5 e OGDC18. As amostras foliares foram submetidas à extração etanólica, determinando-se, na fração solúvel em etanol, os teores de clorofilas totais e a razão *chl a/chl b.* Os parâmetros de fluorescência da clorofila *a* foram medidos com o analisador de gases infravermelho acoplado a um fluorometro, sob 150 e 1000 µmol de fótons m^{-2} s^{-1}. Os níveis de clorofilas totais e a razão *chl a/chl b*, de modo geral, não diferiram entre os genótipos. A eficiência fotoquímica máxima do fotossistema II (F_V/F_M) exibiu valores próximos àqueles encontrados em folhas sem estresse oxidativo (~ 0,80). A eficiência de captura da energia de excitação pelos centros de reação abertos do fotossistema II (F_V'/F_M') e o coeficiente de extinção (*quenching*) não fotoquímico (qN) não variaram entre os genótipos, independente da intensidade de luz. O *quenching* fotoquímico (qP), rendimento quântico do transporte de elétrons (ΦPS II) e a taxa de transporte de elétrons (ETR) foram menores nos mutantes sob 1000 µmol de fótons m^{-2} s^{-1}. Os resultados indicam, além da ausência de fotoinibição nos mutantes, uma alta estabilidade do aparato fotoquímico fotossintético dessas plantas quando expostas a uma intensidade de 150 µmol de fótons m^{-2} s^{-1}. Sob 1000 µmol de fótons m^{-2} s^{-1}, um pulso saturante, mas não fotoinibitório, os menores valores de qP, ΦPS II e ETR nos mutantes estão, possivelmente, relacionados com uma menor taxa fotorrespiratória, decorrente da injeção intracelular de CO_2 via descarboxilação do 2-oxoglutarato pela 2-OGDC, haja visto que tal mecanismo têm sido associado à dissipação do excesso de energia de excitação da cadeia de transporte de elétrons do cloroplasto.

Apoio: CAPES, CNPq, FAPEMIG e Instituto Max Planck

Impacts of 2-oxoglutarate decarboxylase expression from cyanobacteria on physiological and growth parameters in *Arabidopsis thaliana* plants

SILVA, W. A.[1]; APFATA, J. A. C.[1]; NEVES, T. G.[1]; VARGAS, J. R.[1]; ARAUJO, W. L.[1]; NUNES-NESI, A.[1]

[1]Plant Growth Unit, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa

It is known the crucial role played by 2-oxoglutarate decarboxylase (2-OGDC) in the cyanobacteria metabolism, but it is not present in the plants. Our goal was to identify, through physiological and growth parameters, some of the impacts attributed to the *sll1981* gene expression from *Synechocystis* sp. PCC 6803, which encodes the 2-OGDC enzyme, in *Arabidopsis thaliana*. For this purpose, 6 replicates and 5 genotypes were used: the wild-type (WT) and OGDC1, OGDC4, OGDC5 and OGDC18 mutants. Leaf gas exchange measurements were performed under 150 and 1000 µmol photons m^{-2} s^{-1} using an infrared gas analyzer. At 14, 21, 28 and 35 days after transplanting, the rosettes were weighed to obtain their fresh mass (RFM) and then maintained for 72 hours in a forced air circulation oven, at 65^0C, to obtain the dry mass (RDM). To determine the rosette area (RA), images were analyzed using ImageJ software. To find the specific leaf area (SLA), we collected 5 leaf discs (of previously established area) of each repetition, determining the discs dry mass (DDM). SLA was calculated by the formula: leaf disc area x 5/DDM. The higher growth and biomass accumulation in the mutants were translated into increments in RA, RFM and RDM and decrease in the SLA. Under 150 µmol photons m^{-2} s^{-1}, none of the leaf gas exchange parameters varied between genotypes. Under 1000 µmol photons m^{-2} s^{-1}, the internal CO_2 concentration (C_i) was higher in the mutants, which is most likely associated, at least partially, with a trend of increase in stomatal conductance (g_s). The net photosynthetic (*A*) and respiratory (R_d) rates were essentially unaltered. We concluded that the increased biomass accumulation of the mutants was not supported by increases in *A* and R_d. The higher growth and biomass accumulation, associated with little or no change in *A* (in good agreement with the unaltered levels of starch and sucrose also found in this study) and R_d, suggest an imbalance between growth and carbon metabolism. Additional studies are required to understand the underlying mechanisms involved in these higher growth and biomass accumulation, as well as the source of the channeled energy to support such responses.

Acknowledgement: FAPEMIG, CNPq, CAPES and Max Planck Society

Importância do catabolismo de lisina nos parâmetros de fluorescência da clorofila *a* em *Arabidopsis thaliana* submetida a estresse salino

NEVES, T. G.[1]; SILVA, W. A.[1]; SILVA, T. C.[1]; ARAÚJO, W. L.[1]

[1]Unidade de Crescimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

Solos onde a concentração de sal exceda à 10 mM de cloreto de sódio (NaCl) são considerados salinos e geram prejuízos significativos à agricultura. Excesso de NaCl no solo gera estresse iônico e osmótico, prejudicando processos fotossintéticos e respiratórios em plantas. Em condições de estresse salino a geração de energia em forma de ATP é reduzida devido ao déficit de carboidratos provenientes de processos fotossintéticos. O catabolismo de lisina fornece elétrons para cadeia transportadora de elétrons mitocondrial e compostos intermediários para o ciclo dos ácidos tricarboxílicos, mantendo assim homeostase celular. Dessa forma buscou-se investigar parâmetros de fluorescência da clorofila *a* em plantas de *Arabidopsis thaliana (At)* submetidas ao estresse salino. Para isso utilizou-se plantas de *At* com redução na expressão de duas enzimas da rota de biossíntese de lisina mediante uso de T-DNA para *dapat* (AT4G33680) e *dhdps-2* (AT2G45440). As sementes de *At* dos ecotipos Columbia-0 e Wallewinskya e as linhagens mutantes correspondentes com baixa biossíntese de lisina foram cultivadas em vasos contendo substrato comercial. Quando obtiveram quatro semanas de idade, as plantas foram submetidas ao estresse salino com a aplicação de 15 ml de solução salina, direto ao substrato, nas concentrações de 50 mM e 150 mM de NaCl. Os parâmetros de fluorescência da clorofila *a* foram obtidos através do fluorômetro de amplitude de pulso modulado, sendo as leituras feitas nos seguintes tempos: 0, 6, 24, 120 e 240 horas após a aplicação do estresse. Ao final de 240 horas de estresse salino, ambos genótipos mutantes e seus respectivos tipos selvagens apresentaram reduções na razão *F*v/*F*m. Todos genótipos cultivados em condições normais (0 h) mostraram uma boa conversão da energia luminosa a nível de fotossistema II (PSII), apresentando uma razão *F*v/*F*m adequada, variando entre 0,75 e 0,85. Os resultados obtidos demonstraram que, no decorrer do tempo, o estresse salino moderado e severo geraram fotoinibição crônica em todos genótipos analisados. Tomados em conjunto, os resultados obtidos sugerem um papel preponderante do metabolismo de lisina associado à tolerância ao estresse salino.

Apoio: Capes

Indução de calos para a embriogênese somática em tecidos foliares de três acessos de macaúba [*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart.]

MEIRA, R. O. [1], MEIRA, F. S. [1], CONCEIÇÃO, L. D. H. C. S. [2], SCHERWINSKI-PEREIRA, J. E. [3]

[1]Universidade de Brasília.
[2]Embrapa Cerrados, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

A macaúba é uma palmeira nativa brasileira que se destaca pela sua alta produção de óleo, sendo considerada a segunda em produtividade de óleo vegetal entre as plantas oleaginosas. Em função desta característica, aliada a qualidade do seu óleo, a espécie possui alto potencial para a integrar programas destinados para a produção de biodiesel. No entanto, a macaúba ainda é incipientemente domesticada, sendo sua exploração predominantemente extrativista. A embriogênese somática tem se mostrado de grande importância para a propagação clonal de palmeiras. Assim, a técnica pode ser de grande importância para acelerar a exploração comercial desta espécie, notadamente a partir da possibilidade de propagar genótipos ou plantas elite, seja para a produção de mudas em escala comercial ou então para apoiar programas de melhoramento genético. Este trabalho teve como objetivo avaliar três acessos de macaúba quanto a resposta inicial para a formação de calos visando a embriogênese somática. Para isso, explantes foliares imaturos foram obtidos de plantas adultas do Campo Experimental da Embrapa Cerrados, Brasília, DF. Estes acessos foram provenientes de três regiões: Tiros, MG, Carmo do Paranaíba, MG e Buriti Vermelho, DF. A indução foi realizada utilizando-se duas plantas por acesso, sendo os explantes foliares inoculados em meio de indução formado pelos sais do meio de cultura Y3, suplementado com vitaminas do meio de MS, 2,5 $g.L^{-1}$ de carvão ativado, além de Picloram na concentração de 450 □M. Verificaram-se diferenças significativas entre os acessos testados, após 90 dias de indução. A maior formação de calos foi observada nos explantes dos acessos da região de Buriti Vermelho (13%), seguido dos de Tiros (2,5%) e Carmo do Parnaíba (0,83%). Os resultados obtidos corroboram com a ideia da influência dos genótipos na resposta de explantes visando a embriogênese somática e alerta para a necessidade de se otimizar protocolos já estabelecidos. Conclui-se que, nas condições estudadas, o acesso de Buriti Vermelho – DF é o mais responsivo em termos de calogênese.

Agência Financiadora: CAPES, CNPq.

Influência de diferentes concentrações de tiamina na embriogênese somática de dendezeiro *(Elaeis guineensis)*

NEVES, G. F. [1]; TEIXEIRA, L. S.[2];GRANJA,M.M.C.[1]; MOTOIKE, S. Y.[3]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Células Vegetais, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Crescimento e Desenvolvimento de Plantas, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa

A importância econômica do dendezeiro, somada à impossibilidade de propagação vegetativa pelos métodos convencionais dessa espécie fazem da micropropagação uma ferramenta indispensável para a clonagem de genótipos elite, porém, se faz necessários estudos frequentes de protocolos de cultivo *in vitro*, uma vez que as respostas para cada genótipo são distintas. As vitaminas promovem mesmo em baixas concentrações, função reguladoras no desenvolvimento celular, sendo extremamente importantes no cultivo *in vitro* de plantas. A tiamina (vitamina B1), atua em rotas da biossíntese de aminoácidos, essenciais para o desenvolvimento vegetal. Porém, sabe-se ainda que a resposta à adição de vitaminas no cultivo *in vitro* é muito particular de cada espécie. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes concentrações de tiamina no desenvolvimento de calos embriogênicos de dendezeiro. Massas pro-embriogênicas oriundas de explantes foliares de dendezeiro foram inoculados em meio de cultivo Y3 suplementado com 3000 mg/L de carvão ativado e 1000 µM de Putrescina. Os tratamentos consistiram de quatro formulações distintas de vitamina STABA formulada com distintas concentrações de tiamina: (T1), 1mg/L (fórmula original); (T2), 2 mg/L; (T3), 10 mg/L;(T4) 20 mg/L. O experimento foi montado em DIC contendo cinco tratamentos e dez repetições, totalizando 50 unidades experimentais, sendo cada unidade experimental representada por uma placa de Petri com seis massas pro-embriogênicas de $3mm^3$ cada. As placas foram mantidas em sala de cultivo a 28°C no escuro por 45 dias. Após 45 dias foram avaliados o percentual do número de massas pró-embriogênicas que desenvolveram estruturas semelhantes a embriões somáticos na fase torpedo. Os percentuais de massas embriogênicas com presença de possíveis embriões somáticos desenvolvidos foram: 100% (T2), 66,6% (T3), 33,3% (T4), 16,6% (T1). Pode-se concluir que a concentração de 2 mg/L foi requerida para o melhor desenvolvimento de embriões somáticos de dendezeiro pois todas as massas pró-embriogênicas apresentaram desenvolvimento de calos em fase torpedo nessa concentração.

Apoio: CNPq

Lipoxigenases podem produzir voláteis responsáveis por induzir respostas de defesa em plantas-controle vizinhas

BERNARDES, R. M.[1]; GAMES, P. D. [1]; FONTES, P. P. [1]; PEREIRA, P. R. G. [2]; BARACAT-PEREIRA, M. C. [1]

[1]Laboratório de Proteômica e Bioquímica de Proteínas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Nutrição Mineral de Plantas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A Proteômica é uma importante ferramenta de auxílio à biologia molecular de plantas. Sua integração com técnicas clássicas de melhoramento genético resulta em novas possibilidades ao desenvolvimento de variedades vegetais mais resistentes e produtivas. Pode fornecer informações sobre variabilidade genética, aplicando-se a estabelecer distâncias genéticas e relações filogenéticas entre linhagens, espécies, gêneros. No melhoramento genético de plantas, a proteômica pode envolver a detecção de proteínas de resposta a estresses diversos. Resultados prévios de nosso grupo de pesquisa na UFV indicaram a ocorrência de respostas a estresse promovido por voláteis em plantas-controle de pimentão mantidas vizinhas (controle-perto) às plantas feridas (tratadas), o que não ocorreu com plantas-controle mantidas afastadas das feridas (controle-longe). Nas respostas proteômicas com 48h após os ferimentos, houve maior abundância de proteínas de defesa e menor abundância de proteínas do metabolismo de síntese proteica e síntese de energia. Como resposta de defesa, houve alterações nas atividades de lipoxigenases (LOX), enzimas marcadoras de indução de resistência, formando hidroperóxidos de ácidos graxos poli-insaturados que geram voláteis capazes de induzir resistência em plantas não feridas (controle-perto). Este trabalho visa confirmar a indicação de que LOX de pimentão estariam envolvidas na síntese de voláteis que causam estresse em plantas vizinhas não feridas. O alinhamento de sequências de LOX de folhas de pimentão com LOX de folhas e sementes de soja, estas conhecidas pela síntese de voláteis, evidenciou elevada similaridade, cerca de 52%. A confirmação da presença em LOX de pimentão dos resíduos em posições características no sítio ativo de LOX1 de soja (HIS690, HIS499, HIS504, ASN694 e ILE839), e o alinhamento de ambas as LOX confirmaram que os sítios são conservados. Assim, os resíduos idênticos e as posições idênticas sugerem similaridade funcional entre ambas, reforçando a sugestão de respostas por voláteis em plantas controle-perto em pimentão. A modelagem molecular por similaridade de LOX de pimentão confirmará similaridades conformacionais com LOX de soja.

Apoio: FAPEMIG, CNPq, CAPES, FINEP, NuBioMol/UFV, BIOAGRO/UFV.

Morfoanatomia de calos embriogênicos provenientes de embriões zigóticos de açaí solteiro (*Euterpe precatoria* Mart.)

FERREIRA, J. C. B.[1]; SILVA-CARDOSO, I. M. A.[1]; FERREIRA, C. D.[1]; COSTA, F. H. S.[2]; SCHERWINSKI-PEREIRA, J. E. [1,3]

[1]Departamento de Engenharia Florestal, Universidade de Brasília.
[2]Laboratório de Propagação e Conservação *in vitro* de Plantas, Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre.
[3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Euterpe precatoria Mart. (açaí solteiro) é uma palmeira com perfil econômico similar e complementar ao relatado para *E. oleracea*. Porém, ele possui estipe solitário, o que fundamenta a aplicação da embriogênese somática para propagação clonal. Neste trabalho objetivou-se identificar a origem anatômica de células e calos embriogênicos oriundos de embriões zigóticos (EZ) de *E. precatoria* e caracterizá-los morfoanatomicamente. EZ maduros foram inoculados em meio de cultivo Y3, acrescido de 30 $g.L^{-1}$ de sacarose e diferentes concentrações das auxinas Picloram e 2,4-D (0; 6,79; 13,57; 20,36 e 27,15 µM). Após 35 dias de cultivo, amostras foram coletadas de diferentes tratamentos e submetidas a fixação em Karnovsky modificado, desidratadas em série alcóolica (30%-100%) e infiltradas em resina Leica. Secções anatômicas obtidas em micrótomo rotativo manual foram coradas em Azul de Toluidina. Verificaram-se calos embriogênicos em ambas auxinas, sobretudo, nas concentrações 13,57 e 20,36 µM. Observou-se formação, a partir da região distal, de um calo esponjoso branco similar ao haustório do EZ durante o processo germinativo, e/ou liberação dos cordões procambiais envoltos por uma massa calogênica compacta e amarelada, por meio do rompimento da protoderme da região proximal. As secções das estruturas esponjosas revelaram protoderme e subprotoderme compostas por células embriogênicas em divisão, muitas em processo de isolamento, além de multiplicação de células embriogênicas nas proximidades dos feixes vasculares, originando estruturas nodulares internas. Já as secções dos cordões procambiais da região proximal revelaram intensa proliferação de células embriogênicas nas suas adjacências, algumas formando estruturas nodulares com centros mais meristemáticos e bordas vacuoladas, outras isolando-se e formando embriões somáticos com suspensores visíveis. As células embriogênicas exibiam alta relação núcleo/citoplasma, núcleos volumosos, vacúolos fragmentados e paredes celulares aparentemente mais espessas. A anatomia revelou que a origem de células e de calos embriogênicos em EZ de *E. precatoria* está intimamente relacionada à reatividade de células provasculares e protodérmicas.

Apoio: CAPES, Embrapa.

Níveis de peroxidação lipídica em folhas jovens de palmeiras visando a embriogênese somática

MEIRA, R. O.[1]; FERREIRA, J. C. B.[1]; MEIRA, F. S. [1]; SILVA-CARDOSO, I. M. A.[1]; SCHERWINSKI-PEREIRA, J.E.[1,2]

[1]Universidade de Brasília.
[2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia,
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

As palmeiras constituem um grupo especial do ponto de vista do melhoramento de plantas, especialmente em função das dificuldades inerentes à reprodução vegetativa dos indivíduos. A propagação por embriogênese somática é a técnica mais indicada e utilizada nesse caso e, de modo geral, ela é iniciada por exposição dos propágulos a estresses diversos. Diante disso, objetivou-se analisar a peroxidação lipídica de tecidos foliares das espécies *Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart. e *Euterpe precatoria* Mart. para verificar potencial de uso na iniciação da técnica. Foram utilizadas folhas jovens (palmito) de *A. aculeata* e *E. precatoria* provenientes de plantas adultas. Uma vez obtidos, os palmitos foram reduzidos para 30 cm de comprimento quando então foram desinfestados em etanol 70% por três minutos e hipoclorito de sódio (2,5%) por 20 minutos, seguida de três lavagem em água destilada e autoclavada. Posteriormente, o palmito foi dividido de acordo com a proximidade do meristema apical em três regiões: distal, mediana e proximal. Para análise de peroxidação lipídica foi utilizado o método de TBARS (*Thiobarbituric acid reative substances*), na qual o TBA proporciona a formação de complexos de cor avermelhada, com aldeídos de baixa massa molecular, como o malondialdeído (MDA), produto secundário do processo de peroxidação, o qual é identificado por espectrofotômetro. Verificou-se que os níveis de peroxidação lipídica para ambas espécies não apresentaram diferenças significativas entre as regiões do palmito avaliadas. Os resultados obtidos refletem não haver diferença quanto ao estádio fisiológico e à vulnerabilidade das regiões do palmito ao estresse ocasionado pela excisão dos propágulos e/ou processo de desinfestação. Portanto, os pré-tratamentos adotados antes do estabelecimento *in vitro* podem por si só serem fontes de estresse potenciais para a iniciação do processo de embriogênese somática.

Apoio: CAPES; UnB; Embrapa

Peptídeos em *Plantago major* L. para fins biotecnológicos

GOMES, I. S. [1]; PEREIRA, P. R. G. [2]; BARACAT-PEREIRA, M. C. [1]

[1]Laboratório de Proteômica e Bioquímica de Proteínas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Nutrição Mineral de Plantas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Os peptídeos antimicrobianos (AMPs) compreendem uma importante classe de moléculas com potencial para defesa, e cumprem a função de primeira linha de defesa em organismos multicelulares, incluindo-se plantas. Embora apresentem importante ação contra bactérias, fungos, vírus encapsulados e até contra células cancerosas, pouco são relatados a partir de estudos genéticos, e bases de dados são deficientes em descrever suas sequências gênicas e proteicas. *Plantago major* L., popularmente conhecida como tanchagem, contém diversos constituintes com efeitos terapêuticos e tem sido utilizada no tratamento de diversas doenças por séculos em todo o mundo. A Política Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos para o Sistema Único de Saúde (SUS-Brasil) incentiva estudos para oferecer formas de tratamento acessíveis e de baixo custo, e o estudo dos AMPs é valioso para identificar agentes de defesa e moldes para desenvolver peptidomiméticos de defesa. Esse trabalho tem o objetivo de prospectar a constituição peptídica bioativa de folhas frescas de plantas de tanchagem, visando caracterizar peptídeos com atividade antimicrobiana. Coletadas as folhas, foi preparado um extrato em ácido acético 10% (v/v), o qual foi aquecido (80°C, 15 min), filtrado em membrana de 10 kDa, concentrado 50 vezes e dessalinizado em ZipTip C18. As amostras foram analisadas por espectrometria de massas (MS) em equipamento Ultraflex III (Bruker Daltonics) - MALDI-TOF/TOF, no NuBioMol/UFV, em matriz ácido α-ciano-4-hidroxicinâmico (placa de aço MTP Anchor Chip TM600/384TF, sem tratamento químico prévio e, posteriormente, com redução e alquilação. Os espectros MS1 e MS2 apresentaram íons com caráter peptídico, contendo padrão isotópico e imônios característicos. Análises dos espectros obtidos indicam a presença de um conjunto de peptídeos no extrato, incluindo-se um peptídeo com cerca de 4 kDa, sem a presença de cisteínas, quando avaliado no NCBI-prot. Moléculas com massas moleculares coerentes com peptídeos estão em processo de identificação para desenvolver agentes de defesa para uso biotecnológico, e também para conhecimento do conjunto de moléculas peptídicas da tanchagem.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG, FINEP, DBB/UFV, NuBioMol/UFV e BIOAGRO/UFV

Protein-protein network analysis reveals patterns involved in aluminum tolerance in popcorn (*Zea mays*)

SCUTARI, V. P.[1]; PINTO, V. B. [1,2]; FERREIRA, P. G.[3]; MENDES, T. A. O.[3]; COSTA, M. D. B. L.[2]; VIANA, J. M. S.[1]

[1] Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa
[2] Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa
[3] Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa

In acid soils, with pH values at or below 5, the phytotoxic species Al^{3+} is solubilized in soil solution and becomes one of the most important abiotic stresses limiting the crops production. Using RNA sequencing technology and refined bioinformatics tools, we investigated new patterns involved in defense response under Al-stress of two popcorn lines – one Al-sensitive and the other Al-tolerant – tracked by protein-protein network analysis. Seeds from Popcorn Breeding Program germplasm were germinated at 25ºC $\pm$ 1ºC in a growth chamber for seven days, after the seedlings were transferred to a nutritive solution with constant aeration to acclimated for 24 hours. Then, the treatment group was submitted to aluminum stress with 160 µM Al^{3+} at pH 4.5 for 72 hours. The roots total RNA of the three biological replicates from the four treatments were isolated with Trizol LS reagent and the RNA libraries were sequenced using the Illumina HiSeq 2500 platform. Clean reads of all twelve samples were aligned to the maize reference genome (B73 RefGenv4). The Cuffdiff (v2.2.1) program was used to identify differentially expressed genes. Upregulated and downregulated genes set from each genotype were used to construct an interaction network, firstly retrieved from STRING and the result used as an input for downstream analysis in Cytoscape. The Moduland and BiNGO plugins were used to create modules and evaluate the significant overrepresentation genes involved in biological processes, respectively. The network of the Al-tolerant upregulated genes showed enrichment process of cell wall as glucan and cellulose biosynthesis and cytoskeleton organization, and fatty acid biosynthesis. In other hand, upregulated genes network from Al-sensitive showed enrichment in response to stimulus modules and from the downregulated a high number of genes involved in oxidation reduction, lipid metabolic process and water transported having their expression reduced. These results indicate that the cell wall stiffening and the membrane permeability may play an important role in Al-tolerance in popcorn, highlighting the importance of the dynamics changes of cell wall cooperating against the Al-damages.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES

Response of genes involved in oxidative stress under aluminum stress in popcorn (*Zea mays*)

PINTO, V. B. [1,2]; SCUTARI, V. P.[1]; FERREIRA, P. G.[3]; MENDES, T. A. O.[3]; COSTA, M. D. B. L.[2]; VIANA, J. M. S.[1]

[1] Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[3] Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

Many forms of reactive oxygen species (ROS) cause negative effects in the properties on plant cells might result in programmed cell death or apoptosis. This study aimed to identify genes responding to oxidative stress under Al-stress as a tolerance mechanism. Seeds of Al-sensitive (L60) and Al-tolerant (L133) lines were germinated at 25ºC $\pm$ 1ºC for seven days, seedlings were transferred to a nutritive solution acclimated for 24 hours. Then, the treatment group was submitted to aluminum stress with 160 µM Al^{3+} at pH 4.5 for 72 hours. The roots total RNA of the three biological replicates from the four treatments were isolated and the RNA libraries were sequenced using the Illumina HiSeq 2500 platform. Clean reads of twelve samples were aligned to the maize reference genome (B73 RefGenv4). Cuffdiff program was used to identify differentially expressed genes considered those with significant value of FDR < 0.05. Gene ontology (GO) enrichment analysis was performed in AgriGO and interaction network in Cytoscape. GO enrichment revealed genes categorized in oxidation reduction activity in both line, but lipid metabolic process was appeared up-regulated in the L133 but down-regulated in L60. Only in L133 was found significant genes categorized up-regulated in glutathione transferase (GST) activity. Were found peroxidases (POD), catalases (CAT), some reductases (RE) only in L133 and cytochrome P450 genes with oxidoreductase activity, no superoxide dismutase has been found. GSTs genes were expressed in both genotypes, 11 up-regulated in L133 contrasting with only three in L60 that may participate in the signal transduction process and detoxification, supporting that GSTs may reduce the oxidative damage caused by Al stress. The several number of cytochrome P450 genes in both lines may indicate an important adaptive mechanism, which relieves endoplasmic reticulum by decrement of oxidative load under Al-stress. Our results suggest that the plant, besides increasing the defense machinery against ROS, might be performing an autophagy role to alleviate the damages caused by Al-stress and inducing a cell wall stiffening to prevent the Al ion transport via symplast.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES

Tektin1 protein interacting with regulatory genes of spermatogenesis in mouse

GARCIA, I. S.[1]; ALVES, N. S. D.[1]; ARAÚJO, L. S.[1]; IIDA, H. [2]

[1]Laboratory of Animal Biotechnology, Animal Science Department, Federal University of Viçosa.
[2]Laboratory of Zoology, Graduate School of Agriculture, Kyushu University.

Tektins (TEKTs) are constitutive filamentous proteins of microtubules in cilia, flagella, basal bodies, and centrioles. In mammals, five TEKTs (TEKT1, 2, 3, 4, and 5) have been identified in testis and spermatozoa. The importance of tektins regarding the structure and function of the spermatozoa has been reported. Tektin1, a protein that is encoded by the TEKT1 gene, which is predominantly expressed in testis, has already been identified in spermatocytes and rounded spermatids in the seminiferous tubules, as well as being present in the acrosome region in mouse spermatozoa, indicating that this protein may play a role in spermatogenesis. We aim to identify genes that interact with tektin1 protein and to verify if these genes are related to spermatogenesis. Yeasts were used as a vector for replication of the gene of interest (TEKT1) in 100 samples, after which DNA extraction was done using trizol, the DNA was then amplified by polymerase chain reaction (PCR), using random primers to bind specifically to the DNA fragment containing TEKT1, the PCR product was inserted into a T-vector for TA cloning (thymine and adenine), results of cloning were confirmed using restriction enzymes and performing an agarose gel electrophoresis. The samples were sequenced to determine the precise order of nucleotides in the DNA molecule, this sequence was then transferred to the BLAST database, allowing the identification of the genes that interacted with tektin1. One of the genes identified was the Ornithine decarboxylase antizyme 3 (Oaz3), which in mouse is responsible for forming a rigid connection between the sperm head and its tail during spermatogenesis. It can be concluded that the tektin1 protein interacts with at least one gene related to sperm structure formation, therefore, this protein would be related to the spermatogenesis process.

Support: CAPES and JASSO

Transcriptômica de pessegueiro e ameixeira sob estresse por alagamento: enriquecimento de vias metabólicas

KLUMB, E. K.[1]; ARGE, L. W. P.[2]; BIANCHI, V. J.[1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Fisiologia Molecular de Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pelotas.
[2] Labinfo; LNCC - Laboratório Nacional de Computação Científica.

O alagamento do solo é comum na região Sul do Rio Grande do Sul, principal zona produtora de pêssegos do Brasil, e este pode resultar em baixa produtividade dos pomares. A tolerância do pessegueiro ao alagamento se deve a adaptabilidade do porta-enxerto e a variabilidade genética da cultivar. Frente ao exposto, o objetivo deste estudo foi caracterizar as vias metabólicas enriquecidas com genes diferencialmente expressos (DEGs) em porta-enxertos de *Prunus* spp. sob estresse por alagamento. Plantas de pessegueiro 'Capdeboscq' e ameixeira 'Julior' compuseram os tratamentos controle (irrigação diária) e alagamento (lâmina d'água de 5cm acima do substrato). Folhas completamente expandidas foram coletadas nos tempos zero e 48h de alagamento. O RNA foi extraído, submetido a preparo de bibliotecas e sequenciado (*paired-end* 2x100pb) em sequenciador Illumina HiSeq 2500®. Após avaliação da qualidade das *reads*, removeu-se os adaptadores e bases de baixa qualidade. As *reads* foram mapeadas contra o genoma de referência do pessegueiro e realizada a contagem das mesmas. A expressão diferencial de genes foi realizada com o pacote edgeR Ver. 3.7 com valor FDR < 0,05. A análise de enriquecimento de vias metabólicas (KEGG) foi conduzida com o teste exato de Fisher e FDR < 0,10. A expressão diferencial de 'Capdeboscq' (sensível ao alagamento) foi de 3.011 DEGs e, de 'Julior' (tolerante), 251 DEGs. 'Capdeboscq' apresentou sete vias metabólicas enriquecidas com DEGs *down regulated*, das quais três vias estão envolvidas no metabolismo de carbono fotossintético, e oito vias com DEGs *up regulated*. 'Julior' apresentou vias enriquecidas apenas para DEGs *up regulated*. Verificou-se que 'Capdeboscq' apresentou impacto negativo pronunciado no funcionamento das vias metabólicas responsáveis pelo metabolismo do carbono e proteínas associadas a fotossíntese em relação a 'Julior', uma vez que exibiu alto número de DEGs *down regulated*. Os resultados obtidos trazem valiosa informação científica para auxiliar na elucidação de mecanismos moleculares envolvidos nas respostas de plantas de *Prunus* spp. sob alagamento, visando o melhoramento genético destas espécies para tolerância ao alagamento.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)

Transporters involved in aluminum stress defense response in popcorn (*Zea mays*)

PINTO, V. B. [1,2]; SCUTARI, V. P.[1]; FERREIRA, P. G.[3]; MENDES, T. A. O.[3]; COSTA, M. D. B. L.[2]; VIANA, J. M. S.[1]

[1] Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Vegetal, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[3] Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

One of the most important mechanisms of plant tolerance to Al in recent years has been the role of Al transporters in the plasma membrane and in the tonoplast. This study aimed to identify transporters involved in Al-tolerance in popcorn. Seeds of Al-sensitive (L60) and Al-tolerant (L133) lines were germinated at 25ºC $\pm$ 1ºC for seven days, seedlings were transferred to a nutritive solution acclimated for 24 hours. Then, the treatment group was submitted to aluminum stress with 160 µM Al^{3+} at pH 4.5 for 72 hours. The roots total RNA of the three biological replicates from the four treatments were isolated and the RNA libraries were sequenced using the Illumina HiSeq 2500 platform. Clean reads of twelve samples were aligned to the maize reference genome (B73 RefGenv4). Cuffdiff program was used to identify differentially expressed genes considered those with significant value of FDR < 0.05. Were found different transporters in both genotypes including ABC transporters, Nramp, aquaporins, SWEET transporters, Al-activated malate transporter (ALMT) and multidrug and toxic compound extrusion (MATE). The number of genes that encode these transporters are more expressed in Al-tolerant then in Al-sensitive popcorn genotypes, the majority in both cases were ABC transporters G and B families and the most expressive in tolerant line were the ABC G member 29 and ABC B member 19. The Nrat1 and Nramp6 were identified in Al-sensitive up-regulated and down-regulated, respectively. Aquaporins were found overrepresented (*PIP-2*) and with the expression reduced (*PIP-2* and *TIP3-1*) in Al-tolerant, suggesting that the not only tonoplast aquaporins may be involved with the Al-tolerance response and PIP protein may play an important role in Al-response in popcorn. The majority of SWEET transporters were found up-regulated in L133 that might play a role maintaining the tight regulation on vacuolar sugar storage. These results reported the effective response of transporters and suggested new transport involved in response to Al-stress and showed that the sensitive plant is able to response with some mechanisms against the absorption of Al ion, but is not enough to support this stress.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES

Validação de genes de referência para estudos de expressão gênica em RT-qPCR em plantas do gênero *Alternanthera* em resposta ao elicitor metil jasmonato

MILECH, C.[1]; AULER, P. A.[1]; LUCHO, S. R.[1]; ROSSATO, T.[1]; AMARAL, M. N.[1]; BRAGA, E. J. B.[1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos e Fisiologia Molecular de Plantas, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pelotas

Dentre os mais variados gêneros de plantas medicinais, encontra-se o gênero *Alternanthera*, que possui uma ampla variedade de compostos fitoquímicos, com destaque especial para as betalaínas, pigmento natural produzido pela ordem Caryophyllales. As betalaínas, além de possuírem atividade antioxidante, são estáveis em uma faixa maior de pH do que as antocianinas, possibilitando o seu uso em alimentos processados em substituição às antocianinas e aos corantes artificiais. Em razão de sua importância comercial e a necessidade de se conhecer rotas metabólicas e formas de incrementar a biossíntese destes pigmentos é importante entender os processos moleculares que regulam o seu metabolismo. Neste sentido estudos de expressão gênica, com uso de elicitores como o metil jasmonato se tornam uma importante ferramenta para o incremento de metabólitos. No entanto, para inferir a expressão real, é necessário que sejam utilizados genes de referência adequados para a condição estudada. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a estabilidade de dez genes de referência, sendo eles: ubiquitina hidrolase (*UBQ*), transportador tipo ABC (*ABCG18*), Integrase (*DDF2*), Proteína transmembrana (*AUX1*), Ubiquitina conjugada (*UBC4*), Acetolactato sintase (*ACT*), proteína ribossomal (*RP*), gliceraldeído 3-fosfato dehidrogenase (*GAPCP-1*), Actina (*ACTI*N) e tiorredoxina (*TH7*), sob o efeito do metil jasmonato em plantas de *Alternanthera sessilis*. Para isso foi utilizado o software RefFinder, que faz uso dos quatro algoritmos principais atualmente disponíveis para a seleção de genes de referência: geNorm, NormFinder, BestKeeper e o método comparativo ΔCt. Os resultados indicaram que o *GAPCP-1*, *UBQ* e a *ACT* podem ser utilizados como genes de referência nestas condições. Os genes, *ACTIN*, tradicionalmente usado como gene de referência, apresentou uma estabilidade baixa e os genes *DDF2* e *TH7* apresentaram a menor estabilidade, neste estudo. Este é o primeiro estudo sobre a estabilidade dos genes de referência em plantas de *Alternanthera*, e é de grande relevância para posterior análise da expressão gênica da via biossintética das betalaínas neste gênero.

Apoio: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e CNPQ (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico)

Genética Quantitativa e Estatística

Análise da Endogamia em populações originadas de diversos cruzamentos

SILVA, R. P. [1]; CHAGAS, F. E. O.[1]; BARBOSA, I. P.[1]; CRUZ, C. D. [1]; PEDRO, C.[1]

[1] Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Um dos pressupostos para que o equilíbrio de Hardy-Weinberg ocorra é a ocorrência de acasalamentos ao acaso. O cruzamento entre aparentados é chamado de endogamia. Sua magnitude é dada pelo coeficiente de endogamia da população (F) e pode variar de 0, quando todos os cruzamentos são aleatórios, até 1, quando todos os homozigotos são autozigotos. É calculada pelo resultado da diferença entre o número observado de heterozigotos e o número esperado caso os cruzamentos fossem aleatórios, dividido pelo número observado de heterozigotos. O objetivo desse trabalho foi analisar a intensidade do coeficiente de endogamia em 7 populações originadas de diferentes cruzamentos. Para isso foram simuladas no programa computacional GENES (CRUZ, 2013) duas populações dialélicas (P1 e P2) com 100 indivíduos e 20 locos co-dominantes e realizados diversos cruzamentos originando cinco outras populações, também com 100 indivíduos, provenientes da autofecundação de P1 (P3), segunda autofecundação de P1 (P4), hibridação entre P1 e P2 (P5), acasalamento ao acaso de P1 (P6) e acasalamento ao acaso da população 2 (P7). O coeficiente de endogamia para as populações 1,2,3,4,5,6 e 7 foram, respectivamente, de 0,0291, -0,0217, 0,5181, 0,7698, -0,1806, -0,0319 e -0,0176. Para as populações originais 1 e 2 foram observadas taxas de endogamia praticamente iguais a zero. Essas populações foram simuladas pelo programa em situação de equilíbrio de Hardy-Weinberg. Nas populações 3 e 4 é possível verificar como a autofecundação afeta a população, pois a cada geração é reduzida a metade o número de heterozigotos. A população 5 é resultante de uma hibridação, gerando uma alta taxa de heterozigotos, o que provoca uma endogamia matematicamente negativa. Por fim, as populações 6 e 7, resultantes de acasalamento ao acaso, também apresentaram equilíbrio entre o número de heterozigotos observados e esperados, resultando em uma endogamia que pode ser considerada nula. Pode-se notar que o presente trabalho representou de maneira adequada as variações de taxas de endogamia de acordo com a população analisada.

Apoio: FAPEMIG

Análise das frequências alélicas e genotípicas de populações originadas de diversos cruzamentos

SILVA, R. P. [1]; CHAGAS, F. E. O.[1]; BARBOSA, I. P.[1]; CRUZ, C. D.[1]; FERRAZ, A. G.[1]

[1]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral,
Universidade Federal de Viçosa.

O cruzamento ao acaso é o que possibilita que uma população mantenha suas frequências alélicas e genotípicas constantes. O objetivo desse trabalho foi analisar como diferentes tipos de cruzamentos afetam as frequências alélicas e genotípicas de uma população. Para isso foram simuladas no programa computacional GENES duas populações dialélicas (P1 e P2) com 200 indivíduos e 20 locos co-dominantes e realizada a autofecundação de P1 (P3), autofecundação de P2 (P4), hibridação entre P1 e P2 (P5), acasalamento ao acaso de P1 (P6) e acasalamento ao acaso da população 2 (P7). Considerando o loco 1, as sete populações apresentaram, respectivamente, frequências do alelo A iguais a 0,8125; 0,2775; 0,7975; 0,2675; 0,53; 0,845 e 0,7225. Em relação ao genotípico homozigoto dominante, observou-se, respectivamente, frequências iguais a 0,69; 0,07; 0,745;0,17;0,205;0,705 e 0,1. Em relação ao genótipo heterozigoto, frequências iguais, respectivamente, a 0,245; 0,415; 0,105; 0,195; 0,65; 0,28; 0,355. Para as populações 3 e 4, as frequências genotípicas dos homozigotos aumentaram e dos heterozigotos diminuíram, algo típico quando se está fazendo uma autofecundação. As frequências alélicas se mantiveram estatisticamente constantes, uma vez que na autofecundação não há perda nem acréscimo de alelos, mas sim uma redistribuição dos mesmos dentro dos genótipos. Para a população 5, tanto as frequências alélicas e, consequentemente, as genotípicas, foram alteradas. Quando há uma hibridação, as frequências alélicas se tornam igual a média das frequências alélicas das populações que foram cruzadas e um grande aumento da taxa de heterozigotos. Por fim, para as populações 6 e 7, resultantes do acasalamento ao acaso, não houve alteração estatística das frequências alélicas e genotípicas. As alélicas por não haver perda ou ganho de alelos, já as genotípicas por serem dadas pelo quadrado da soma das frequências alélicas, o que se era esperado em um acasalamento ao acaso. Pode-se notar que o presente trabalho representou de maneira adequada as variações das frequências alélicas e genotípicas em populações de diferentes cruzamentos.

Apoio: FAPEMIG

Analise de adaptabilidade e estabilidade em genótipos de algodão como ferramenta auxiliar para uma recomendação mais precisa

EVANGELISTA, J.S.P.C[1]; FARIAS, F.J.C.[2]; BHERING L.P[1]

[1]Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia,
Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Algodão, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

O Brasil é um dos maiores produtores do mundo da cultura do algodoeiro a produção de algodão em pluma estimada para a safra 2017/18 é de 1,8 milhões de toneladas. São cultivados em diversos estados, que proporcionam diferentes condições edafoclimáticas. Objetivou-se neste trabalho avaliar adaptabilidade e a estabilidade fenotípica e o melhor desempenho dos genótipos de algodão, para uma recomendação que se estende a todos os municípios em estudo. Foram conduzidos 10 ensaios de competição de cultivares de algodoeiro nas safras 2013/2014 e 2014/2015. Os ambientes avaliados foram determinados pela combinação entre as safras e os municípios de Santa Helena do Goiás-GO, Primavera do Leste, Campo verde e Pedra Preta. Os experimentos foram conduzidos em delineamento blocos casualizados com 12 genótipos e quatro repetições. As características avaliadas foram comprimento de fibras (UHM), resistência de fibras (SRT) e finura da fibra (MIC) e produtividade de fibras (PROD). Realizou-se análise de variância conjunta, adaptabilidade e estabilidade pelo método Eberhart & Russell (1966) e teste de comparação entre médias de Scott Knott. Na análise de variância conjunta todas as fontes de variação foram significativas (P<0,05). O teste de Scott Knott distribuiu os genótipos, para todas as características estudadas, em dois grupos (a e b) sendo o “a” que reúne os genótipos com os melhores desempenhos para a característica, todas as cultivares alocadas no grupo b, exceto para a característica MIC, proporcionaram médias a baixo da média geral. Os ambientes analisados, apresentaram amplo espectro de variação nos índices ambientais. Todas cultivares apresentaram boa estabilidade de comportamento. O genótipo IMA CV 690 é considerado o ideal, por ser um genótipo altamente estável, obtém ampla adaptabilidade (ß1 = 1) apresenta média alta, obtendo a maior produtividade entre as cultivares estudadas e obtendo a maioria dos caracteres estudados no grupo “a” no teste de comparação entre médias. O modelo linear de adaptabilidade e estabilidade foi adequado para avaliação dos genótipos em estudos.

Apoio: CAPES, EMBRAPA Algodão

Análise multivariada em clones de café conilon

FERREIRA, T. C.[1]; COSTA, T. L.[1]; CAVALCANTE, V. S.[1]; MOURA, W. M.[1]; GIARDINI, R. M.[1]; PEREIRA, M. G.[1]

[1]EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

O conhecimento da diversidade genética de uma população é fundamental para a escolha de genitores em programas de melhoramento. Com a utilização de métodos de análises multivariada é possível determinar a distância genética existente entre os genótipos, gerando oportunidade de escolha de genitores divergentes em programas de melhoramento. Desta forma, este trabalho objetivou avaliar a diversidade genética entre clones de café conilon cultivados no município de Leopoldina-MG. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições e 22 clones. Em 2017, estimou-se a divergência genética entre os clones por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D2ii) e agrupamento pelo método de Tocher considerando as características: vigor vegetativo (VIG), porte das plantas (PP), severidade de ferrugem (SF), severidade de cercosporiose (SC), intensidade de seca de ponteiro (ISP), porcentagem de frutos com lojas vazias (PLV) e produtividade (PROD). Os clones foram agrupados em dez grupos distintos, sendo que o maior grupo com cerca de 32%, ficaram alocados no grupo 1 (Clones: 4, 5, 12, 9, 18, 22, 14). Os clones 13, 15, 16 e 7 ficaram agrupados no grupo 2, já os clones 10, 11, 2, 6 e 3 formaram grupos individuais, evidenciando sua dissimilaridade em relação aos demais. Cruzamentos dirigidos devem ser realizados entre os clones de grupos mais distantes, para que possa ser obtida elevada variabilidade genética e maior possibilidade de seleção de genótipos superiores. O clone 3 foi o mais divergente, por ter apresentado maior distância em relação a cinco clones, por outro lado o clone menos divergente foi o 9 por ter apresentado menor distância em relação a cinco clones, deste modo, estes possuem maior potencial para serem usados no processo de seleção visando à obtenção de ganhos genéticos para o café conilon. No estudo da contribuição relativa das características pelo método de Singh (1981), observou-se que as características que proporcionaram maiores contribuições relativas foram: PP (25,78%), PROD (22,56%), VIG (14,34%) e SC (14,34%). Por outro lado, as que proporcionaram as menores contribuições foram: ISP (4,67%), SF (8,42%) e PLV (9,89%).

Apoio: Consórcio Pesquisa Café, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Correção para estande em milho pipoca via modelos mistos

SILVA, M. B. P.[1]; ROCHA, J. R. M. S. C.[1]; ALVES, R. S.[1]; ANJOS, R. S. R. [1]; CARNEIRO, P. C. S. [1]; SOUZA, J. C.[2]

[1]Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Melhoramento Genético de Milho, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras.

Na experimentação agrícola é comum ocorrer falhas de plantas nas parcelas, o que pode comprometer a estimativa da produtividade. Assim, este trabalho teve como objetivo comparar dois modelos quanto à correção da produção de grãos por parcela para estande em milho pipoca. A partir do sétimo ciclo de seleção recorrente do programa de melhoramento de milho pipoca da Universidade Federal de Lavras, 28 famílias de meio-irmãos foram avaliadas, quanto a produção de grãos por parcela, em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Na predição dos valores genotípicos das famílias foram utilizados dois modelos, um sem a correção para estande (modelo 1) dado por $y = Xr + Zg + \varepsilon$ e outro com correção para estande (modelo 2) dado *por* $y = Xr + \beta Cov + Zg + \varepsilon$, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios) *e* ε o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável estande. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. As análises estatísticas foram realizadas via o software Selegen REML/BLUP. Ajustando-se o modelo 1, não foi possível detectar variabilidade entre as famílias (LRT= 2,48). Entretanto, com o ajuste do modelo 2 detectou-se variabilidade entre as mesmas (LRT= 156,78). A acurácia média estimada pelo modelo 1 (0,6343) foi superior à obtida pelo modelo 2 (0,5651), porém o coeficiente de variação experimental (CVe%) passou de 50,17 para 27,60, considerando os respectivos modelos. Estes resultados indicam que o emprego da covariável (modelo 2), além de permitir a correção dos valores genotípicos para estande, promoveu redução da estimativa da variância ambiental. Utilizando o modelo 2 e adotando-se intensidade de seleção de 30% (8 genótipos), o ganho predito com a seleção foi de 0,0364 kg (7,28%). Assim, a utilização do modelo com correção para estande é efetiva na seleção de genótipos superiores.

Apoio: CNPq, Capes e Fapemig

Correlação entre ambientes na avaliação de cultivares de algodão

EVANGELISTA, J.S.P.C[1]; FARIAS, F.J.C[2]; BHERING L.P[1]

[1]Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia,
Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Algodão, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Cada ambiente obtém diferentes condições bióticas e abióticas, observando distintos desempenho dos genótipos de algodão, favorecendo ou desfavorecendo o potencial genético da cultivar. O objetivo do trabalho foi avaliar a correlação entre ambientes, para um futuro acréscimo ou descarte da quantidade de ambientes em avaliação de genótipos de algodão. Foram avaliados 10 ambientes determinados pela combinação entre as safras de 2013/2014(13/14) e 2014/15(14/15), e os municípios de Santa Helena do Goiás-GO (SHE), Primavera do Leste-MT(PVA), Campo verde (CV) e Pedra preta (PPA), sendo que em PVA foram utilizados quatro fazendas experimentais (a, b, c e d), duas para as safras 2013/2014 (a e b) e duas 2014/15 (c e d). Os experimentos foram conduzidos em delineamento blocos casualizados com 12 genótipos e quatro repetições. O caráter avaliado foi produtividade de fibras. Realizou-se análise de variância conjunta e a correlação foi estimada pelo método de Pearson entre as médias dos genótipos nos pares de locais. Na análise da variância conjunta, para todas as fontes de variação foram significativas, ou seja, indica que há presença de variabilidade genotípica e variabilidade entre locais e anos avaliados, e a presença de interação GxA indica que os genótipos respondem de maneira diferencial às mudanças de ambiente. Somente os ambientes $SHE_{13/14}$ x $CV_{14/15}$ (r=0,59), $PPA_{13/14}$ x$PPA_{14/15}$ (r=0,82), $SHE_{14/15}$xPVA_{d} (r=0,74) e PVA_{d}x$PPA_{14/15}$ obtiveram correlações significativas, indicando que estes ambientes apresentaram um comportamento semelhante nas safras avaliadas. A correlação média foi de 0,15 considerada muito baixa, evidenciando a existência de grandes diferenças entre os locais e anos avaliados. A baixa correlação de Pearson, encontrada no estudo, confirma a presença de interação GxA e mostra que é indispensável a avaliação das cultivares em vários anos e locais.

Apoio: CAPES, EMBRAPA Algodão

Correlações genéticas entre caracteres produtivos em milho

COELHO, I. F.[1]; BHERING, L. L.[1]
[1]Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Os principais objetivos dos programas de melhoramento é encontrar os materiais mais produtivos e adaptados à determinada região. Dentre as diversas etapas de um programa, a fase de conhecimento e caracterização das características é fundamental. Uma das estratégias utilizadas para aumentar a eficiência na seleção, diminuindo o tempo, é o estudo mais detalhado das relações entre as características. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi identificar as relações entre as características com a produtividade, além de conhecer à fração genética presente nessa correlação. O trabalho foi desenvolvido na cidade de Mineiros, Goiás, e foram utilizados 91 materiais provenientes de cruzamento dialélicos de 12 híbridos comerciais e uma população rústica, e foram utilizados 6 híbridos comerciais como testemunhas. Foram avaliados 13 características agronômicas, sendo Florescimento (masculino e feminino), em dias; Altura da planta e da espiga, em metros; Stand; Acamamento; Quebra; Número de espigas por planta; Comprimento e diâmetro de cinco espigas, em centímetros, e produção de espigas e de grãos, em quilograma por hectare. Ao analisar as correlações genéticas e fenotípicas das características com produção de grãos, notou-se que a correlação fenotípica foi significativa, pelo teste t, para todas as características, exceto acamamento e quebra. Já para correlações genéticas, houve o mesmo resultado, excluindo também a correlação entre stand e produção de grãos que também não foi significativo, pelo teste de mantel. Destacam-se entre os resultados, as altas correlações, tanto fenotípicas quanto genotípicas, para a altura de espiga e planta e comprimento de cinco espigas e diâmetro de cinco espigas, com produção de grãos. Pode-se ressaltar, ainda, a correlação negativa e significativa entre florescimentos masculino e feminino e produção de grãos, demonstrando que, entre os materiais estudados neste trabalho, quanto maior o tempo até o florescimento, menor será a produtividade. Conclui-se portanto, que a seleção de materiais mais precoces ocasionará ganho na produção, neste experimento.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG

Decision Tree for classification of cultivars of Irrigated Rice in the State of Minas Gerais

SILVA JÚNIOR, A. C.[1]; OLIVEIRA, G. F.[2]; COSTA, W. G.[1]; SANT'ANNA, I.C.[2]; SOARES, P. C.[3]; CRUZ, C. D.[1]

[1]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Inteligência Computacional, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[3]EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

Rice is of main importance as a staple food for about 2.4 billion people, with a forecast that by 2050 this number will double. In order to keep up with demand growth, the use of improved cultivars is one of the most powerful ways of increasing crop production. Since Minas Gerais is among the main rice-producing states in the country, this work was carried out to predict rice yield by means of 3 variables and to verify which were the most important variables for the prediction. The Observation Tests were conducted at the Experimental Field of Lambari-MG, in the Agricultural Year of 2014/15. The values of flowering (days), height of plants (cm) and tillering were measured in addition to grain yield ($kg.ha^{-1}$). Cultural practices were carried out according to the culture recommended. For the prediction of rice yield regression trees (AR) and their refinements (bagging, random forest and boosting) were constructed. The absolute percentage error (MAPE) was used to compare the methodologies. Among the methodologies evaluated, boosting was the one that presented lower MAPE (6.7%). The other approaches presented MAPE values equal to 7.27% (bagging), 8.38% (random forest) and 11.03% (Tree). When analyzed to the importance of the variables for the prediction of rice yield, all methodologies indicated that height is the most important. Considering the results, a similarity between the MAPE values obtained by the Regression Tree refinements is observed. This result was already expected since these approaches aim to reduce model instability leading to an increase in accuracy. In addition, results obtained from random forest will present different results to those obtained by bagging only when there are correlated predictor variables, which, according to the results, was not the case. Finally, because the low values of MAPE, AR and its refinements are presented as an interesting alternative for the prediction of grain yield ($kg.ha^{-1)}$ of rice.

Apoio: Fapemig, CAPES e CNPq

Diallel analysis and inbreeding depression of popcorn populations

RISSO, L. A.[1]; VIANA, J. M. S.[1]; ALMEIDA, V. C.[1]; PEREIRA, H. D.[1]; RIBEIRO, A. F. S[1]; RIBEIRO, M. P.[1]

[1]Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

The quantification of inbreeding depression constitutes crucial tool to define the potential of genotypes, with objective in extraction of inbred lines. Lower magnitudes of inbreeding depression are an indication of lower genetic loads, which results in a greater potential for extraction of superior inbred lines (IL). The objective of this study was to determine depression inbreeding involved in expansion volume and grain yield between tropical and temperate popcorn populations. Nine parental populations, seventy-two crosses from this populations, and first generation of self-pollination of the parents from complete diallel were evaluated in an alpha lattice design, with three replications in two locals, growing season 2017/2018. The nine populations were Viçosa cycles 4, Beija-Flor c4 (obtained from four half-sib selection cycles), Sintético-UFV, ARZM 07-49, UFVMP1, UFVMP2, UFVMP3, UFVMP4 and UFVMP5.The first three populations, representing tropical germplasm. Fourth population considered in between tropical and temperate popcorn population, and five last populations derived from temperate hybrids. Grain yield (GY, kg ha^{-1}) and expansion volume (EV, mL g^{-1}) were measured. Analyses of variance were conducted, and inbreeding depression (ID) was estimated based on average performance of the parents and its respective S_1 populations. The Self populations and environments interaction were significantly ($P<0.01$) for GY and EV. For EV, the values of ID ranged from -7.6 (UFVMP4) to 3.2 (ARZM), while for GY, ranged from -1654.0 (ARZM) to 631.0 (UFVMP2). The temperate populations showed positive higher values for ID than tropical populations for GY. Considering the estimates of ID, the populations ARZM and BFC4 were the most promising for extraction of inbred lines for GY, and for EV, the population UFVMP4 showed the most promising for extraction of IL. Given the lowest ID with high mean varieties. The populations ARZM and UFVMP4, showed the best probability of the success into the generation IL destined GY and EV, respectively.

Apoio: Capes

Diversidade genética em híbridos de sorgo granífero

ELIZEU, A. M.[1]; BHERING, L. L.[1]

[1]Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral,
Universidade Federal de Viçosa.

O sorgo [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] é uma *Poaceae* de origem africana de grande importância econômica, utilizada como fonte de alimentação humana e produção de ração animal. Vantagens como a adaptação a ambientes com déficit hídrico e altas temperaturas faz do sorgo uma cultura promissora para cultivo em safrinha, substituindo parcialmente o milho. O estudo da diversidade genética entre cultivares é importante nos programas de melhoramento para o direcionamento de hibridações, conhecimento do germoplasma disponível, organização dos recursos genéticos, além de conhecer o nível de divergência dos híbridos da população. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre híbridos de sorgo granífero. Foram avaliados 42 híbridos de sorgo provenientes do cruzamento de sete linhagens R com seis linhagens A. Os ensaios foram conduzidos em Sinop-MT em 2012. As características avaliadas foram: dias para florescimento (FLO), altura de plantas (AP), acamamento (ACAM), incidência de antracnose (ANT), *stay green* (SG) e produtividade de grãos (PROD). Para as análises de diversidade, foram utilizados o método UPGMA, Tocher modificado e contribuição relativa de Singh. O teste de Scott e Knott apontou os híbridos 1, 16, 17, 18 e 30 como aqueles favoráveis para todas as características. O estudo da diversidade genética revelou uma concordância entre os métodos. Os nove grupos formados pelo método de Tocher modificado foram agrupados em 4 grupos maiores pelo método UPGMA. Os híbridos 16 e 17 bem como 18 e 30 permaneceram no mesmo grupo independente do método de agrupamento. Por sua vez, o híbrido 1 foi alocado no mesmo grupo que 16 e 17 pelo método UPGMA, e quando utilizado o agrupamento de Tocher modificado, este híbrido não esteve presente no mesmo grupo dos genótipos selecionados. As características que mais contribuíram para a diversidade genética foram ALT, FLO e PROD. A análise de diversidade genética foram eficientes na recomendação de híbridos superiores, além de revelar os níveis de divergência genética entre os genótipos avaliados, demostrando ser uma importante ferramenta em programas de melhoramento genético de sorgo granífero.

Apoio: CAPES

Diversidade genética entre famílias de meios-irmãos de *Archontophoenix alexandrae* (Palmeira-real-australiana)

MARIGUELE, K. H.[1]

[1]Epagri/Estação Experimental de Itajaí (EEI), Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina.

Conhecer a diversidade genética da população base de melhoramento possibilita tomar decisões para a condução do programa. A variabilidade genética é a matéria-prima do melhorista, por isso a caracterização da população em estudo para a escolha de genitores que serão usados na formação da próxima geração, possibilita ganhos genéticos sem perda significativa da diversidade. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética de famílias de palmeira-real-australiana através de teste de progênie. Quarenta e duas famílias de meios-irmãos foram estudadas usando o delineamento blocos casualisados com 21 repetições e uma planta por parcela no município de Luiz Alves – SC. Foram avaliadas 11 variáveis: oito fitométicas e três de rendimento (tolete, banda e picado). As medidas fitométricas – altura de planta e diâmetro do colo – foram coletadas no momento do plantio, aos 6, 12, 18 e na colheita (28 meses) após o plantio. Os dados foram analisados usando o Selegen – para a obtenção dos valores genotípicos das famílias – e o PAST – para obter o dendograma pelo Método UPGMA a partir da distância de Dice. De acordo com a Análise de Deviance, há diferença significativa genotípica para todas as características avaliadas, nas condições em que o experimento foi conduzido. A partir do dendograma gerado, é possível perceber a formação de três grupos, quando o dendograma é cortado com 50% do valor de distância. Cuja distribuição é: 11, 21 e 10 genótipos nos Grupos I, II e III, respectivamente. No entanto, o Grupo I é formado, exclusivamente, por alguns dos genótipos que apresentam efeitos genéticos positivos para rendimento de tolete. Ao contrário do Grupo III, que é formado, exclusivamente, por genótipos que apresentam efeitos genéticos negativos para o mesmo caráter. Portanto, é possível afirmar que existe variabilidade genética entre os genótipos estudados, para o conjunto de variáveis analisadas.

Apoio: Fapesc

Estratificação ambiental na avaliação entre genótipos de milho em segunda safra

COELHO, I. F.[1]; BHERING, L. L.[1]

[1]Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral,
Universidade Federal de Viçosa.

A recomendação de um material para determinada região é baseada em avaliações por diversos anos. Desde a caracterização de linhagens, passando pelo surgimento do híbrido nas estações experimentais, até seus ensaios em diversos ambientes para caracterização regional e de características quanto a adaptabilidade e estabilidade por exemplo, o material passa por diversas análises. Um dos métodos de se testar a qualidade do material genético, e conferir sua resposta, é implantá-lo em diversos ambientes para testar sua capacidade de produção em cada um, e o quanto esta desta variabilidade é devido à fração ambiental. Neste caso, análises de adaptabilidade e estabilidade são muito recorridas pelos melhoristas e de fundamental importância para recomendação de determinado híbrido ou variedade. Porém, a determinação de quais ambientes selecionar, e quantos, é realizado através da utilização de análises específicas quanto às interações GxA em cada ambiente. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi fornecer, por meio de análises de estratificação ambiental, avaliar os locais e tentar agrupá-los com base nas significâncias das interações GxA nos quatro ambientes avaliados. O trabalho foi desenvolvido em quatro ambientes diferentes no sudoeste do estado de Goiás, nas cidades de Jataí, Mineiros e Caiapônia, com altitudes variando de 668 m a 938 m. Foram utilizados 91 materiais provenientes de cruzamento dialélicos de 12 híbridos comerciais e uma população rústica, além disso, adoutou-se 6 híbridos comerciais como testemunhas. Foram avaliados as características de produção de espigas e produção de grãos, em kg/ha. Se realizou uma análise de variância para verificar a diferença entre os genótipos, e, posteriormente, se realizou uma análise de estratificação ambiental, com o auxílio do software Genes. Em caso de interações GxA não significativas em pares de ambientes, procede-se a formação de grupos de ambientes. Porém, os resultados apresentados demonstraram que não houve interação GxA não significativa em nenhum par de ambiente. Pode-se, portanto, concluir que os quatro ambientes apresentam interações GxA diferentes, não sendo aconselhado a exclusão de nenhum ambiente.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG

Estudo de correlação fenotípica e regressão linear simples entre proteína total e solúvel em RILs de soja derivadas de F5

AGUIAR, R.[1]; BERNARDELI, A. M. A.[1]; LAMAS COSTA, M. D.[1]; BUENO, R. D.[1]; SILVA, J. N. B.[1]; LORENZONI, R. M.[1]

[1]Laboratório de Bioquímica Genética de Plantas, Bioagro, Universidade Federal de Viçosa.

A soja (*Glycine max* L. Merrill) é uma importante espécie vegetal utilizada como fonte de proteína. O teor de proteína total no grão (TPT) vem ganhando espaço nos programas de melhoramento genético de soja, bem como o teor de proteína solúvel (TPS), isto é, aquela porção que não sedimenta com forças centrífugas moderadas. Estudos de estimação de TPT e TPS, e que também comprovem o grau de associação entre eles são úteis e torna o processo de seleção mais ágil. O objetivo do trabalho foi realizar um estudo de regressão linear simples e estimar o coeficiente de correlação fenotípica (r) entre os percentuais de TPT e TPS. Iniciou-se tal pesquisa com o plantio de um ensaio de campo com 255 RILs (*Recombinant Inbred Lines*) derivadas de F5, obtidas por meio de um cruzamento acessos PMQS80 e PMQS12. O ensaio de campo foi realizado em novembro/2017, na estação experimental CEPET-UFV em Capinópolis-MG, no delineamento em blocos incompletos, com 2 repetições e 5 testemunhas por bloco, e colhido em março/2018. Para fenotipagem, uma amostra de 30 sementes por parcela foi processada em moinho MARCONI MA020. TPT foi obtido através do método de espectrofotometria de infravermelho próximo, e TPS pelo método de *Kjeldahl*. O software GENES foi utilizado para as análises entre as variáveis aleatórias x (TPT) e y (TPS). O resultado evidenciou um r=0.0983, não significativo a 5% pelo teste t; e cov(x,y) = 0.4681. A associação linear é aproximadamente nula entre as duas variáveis, não se podendo afirmar que progênies de alto TPT, em geral, apresentem valores superiores TPS, e vice-versa. Também, os coeficientes de regressão obtidos (βo=29.787432 e β1=0.175903) não podem ser utilizados para estimar TPS, uma vez que o coeficiente de determinação foi 0.00966914. Portanto, a seleção para o aumento de TPT não implica na seleção indireta positiva ou negativa para TPS, e vice-versa. Assim, um programa de melhoramento de soja pode, alternativamente, executar dois projetos de distintos, selecionando progênies para TPT ou TPS.

Apoio: CNPq e FAPEMIG.

Herdabilidade genômica e capacidade preditiva de características agronômicas via seleção genômica em *Coffea arabica*

SOUSA, T. V.[1]; ALKIMIM, E. R.[2]; RESENDE, M. D. V.[3]; OLIVEIRA, A. C. B.[3]; ZAMBOLIM, L.[1]; CAIXETA, E. T.[1,3]

1Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Triângulo Mineiro.
[3]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa.

A maioria das características agronômicas são governadas por muitos genes, apresentam baixas herdabilidades, sendo, portanto, de elevada complexidade seletiva. Assim, a seleção de genótipos superiores é desafiadora e deve ser criteriosa e acurada, exigindo métodos seletivos eficientes. Nesse sentido, a seleção genômica tem proporcionado benefícios significativos aos programas de melhoramento. A seleção genômica possibilita estimativas acuradas de parâmetros genéticos, como a herdabilidade. Além disso, a partir de tais metodologias é obtida a capacidade preditiva, que corresponde à correlação entre os valores genômicos preditos e os valores fenotípicos corrigidos. Quanto maior for a capacidade preditiva, mais acurada é a estimação dos valores genéticos genômicos por meio da metodologia de seleção genômica, e, consequentemente, mais precisa será a seleção dos melhores indivíduos nos programas de melhoramento. Assim, objetivou-se estimar a herdabilidade genômica e a capacidade preditiva da seleção genômica para as principais características de interesse agronômico em progênies de *C. arabica* oriundas de cruzamentos entre Catuaí e Híbrido de Timor. Um total de 195 indivíduos de café arábica foram fenotipados para 18 características agronômicas e genotipados com 21.211 marcadores moleculares SNP. Os dados fenotípicos foram corrigidos por meio da abordagem de modelos mistos. As análises de seleção genômica foram realizadas utilizando o método G-BLUP via procedimento RKHS (*Reproducing Kernel Hilbert Spaces*) com algoritmo Bayesiano. As herdabilidades genômicas e as capacidades preditivas foram estimadas e evidenciaram magnitude moderada a alta, para a maioria das características avaliadas. Contudo, algumas características agronômicas mostram-se de alta complexidade, com baixas herdabilidades genômicas, sendo governadas por muitos QTLs, justificando as baixas capacidades preditivas estimadas em tais características, evidenciando a necessidade de se incorporar outros indivíduos às metodologias de seleção genômica e, dessa forma, maximizar a eficiência seletiva dos programas de melhoramento dessa espécie.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; INCT Café; Embrapa Café

Heritability of seed protein content in F5-derived soybean RILs

BERNARDELI, A. M. A [1]; LAMAS COSTA, M. D. [1]; BUENO, R. D. [1]; COSTA SILVA, L.C. [1]; SILVA, J. N. B. [1]; AGUIAR, R. [1]

[1]Lab of Genetic Biochemistry of Plants - BioAgro, Federal University of Viçosa.

Soybean is one of the most important major crops worldwide, containing about 40% of protein in its seeds. Improving soybeans for high seed protein content (SPC) may enhance its competitiveness in both human and livestock consumption. However, it is not easy to obtain high SPC soybean cultivars, once the inverse relationship between SPC and the major traits that are taken into consideration for selection in plant breeding makes it more laborious. For the last decades, breeders have been focusing mainly in yield, resulting in an indirect negative selection over SPC. The estimates of genetic variance (σ_g^2) and broad sense heritability (h^2) for this trait is vital to access its genetic control as well as to infer about the genetic gain from selection throughout the generations. The objective of this study was to estimate h^2 for SPC. To achieve it, a single cross between two high SPC soybean accessions, PQMS80 and PQMS12, resulted in 269 F5-derived soybean RILs (recombinant inbred lines). They were submitted to field trials during summer 2017 in randomized complete blocks with two replications in two different locations (Capinópolis and Viçosa). Phenotyping consisted in measuring SPC in 20g of milled soybean seed sample performed by Antaris II FT-NIR. All the effects were considered as random and the variance components were estimated by the expected mean squares in ANOVA. The h^2 for individual environment was the quotient between σ_g^2 and phenotypic variance. The results for h^2 were 80.1273% and 76.8439% for Capinopolis and Viçosa, respectively. The trial carried in Capinopolis provided higher magnitudes of genetic and phenotypic variances in comparison to Viçosa. However, the gap between these two estimates was shorter in the former environment, thus resulting in higher h^2, despite the similar results for each environment. These results are consistent to those from other related researches, which indicate a considerable number of genes controlling the expression of SPC, but not as much genes such as those controlling yield, once high SPC soybean cultivars share the same pair of alleles for a great number of loci, as exemplified in the single cross of this study.

Support: CNPq, FAPEMIG

Heterosis analysis for tropical and temperate popcorn populations based unrestricted Gardner and Eberhart model

RISSO, L. A.[1]; VIANA, J. M. S.[1]; ALMEIDA, V. C.[1]; SCUTARI, V. P[1]; PEREIRA, H. D.[1] RIBEIRO, M. P.[1]

[1]Departamento de Biologia vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

The use of divergent germplasm can increase frequency of favorable alleles in maize breeding program. Diallel mating designs have been widely used to evaluate the genetic parametrics, giving information about heterosis effects. The objectives of this study were to determine the heterosis components involved in expansion volume and grain yield between tropical and temperate popcorn populations. Nine popcorn populations representing two germplasm group were chosen for evaluation. Viçosa cycles 4, Beija-Flor c4 (obtained from Viçosa and Beija-Flor after four half-sib selection cycles), Sintético-UFV, ARZM 07-49, UFVMP1, UFVMP2, UFVMP3, UFVMP4 and UFVMP5. The first three populations, representing tropical germplasm. Fourth population considered in between tropical and temperate popcorn population, and five last populations derived from temperate hybrids. Populations were intercrossed following the complete diallel mating design with reciprocals. The trials of 72 crosses and their parental populations were assessed using alpha lattice design with three replications across two locations, Viçosa and Madre de Deus de Minas, Minas Gerais, Brazil, in 2017. The plots were harvested, Grain Yield (GY,Kg.ha-1) and Expansion volume (EV,g.mL-1) were measured. To assess expansion volume, we used 250g samples, using Metric Weigth Volume Tester. Analyses of variance were conducted, and genetic value and heterosis estimative were partitioned following unrestricted Gardner and Eberhart (1966) model. Highly significant differences were found in the GxE interaction source variation for GY and EV. The same were observed varieties and heterosis estimative. The mean or varieties effect of tropical population was higher than temperate populations for GY. It is an indicator in terms of the frequency of the favorable genes. Higher varieties values for EV was observed for temperate population, indicating superior genes for quality. Average heterosis were positive, estimative indicate dominance for GY and EV. Specific heterosis interpopulation was negative for all crosses for GY and EV. Based on results of heterosis, some crosses can be considered candidates to improvement.

Apoio: Capes

Índice de seleção BLUP com genitores e populações F_1, F_2 ou F_3 para a seleção de populações F_2 de soja

ROHR, L. A.[1]; SILVA, L. A.[1]; CARVALHO, N. T.[1]; DEL CONTE. M. V.[1]
DA SILVA. F.L.[1]

[1]Laboratório de Genética de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A seleção entre populações em fases iniciais em programas de melhoramento genético de soja consiste em uma etapa muito importante para definir a eficiência dos mesmos. No entanto, tal processo é complexo por muitas vezes ser impreciso, devido às altas taxas de segregação dentro das populações, somada a alta frequência de alelos em heterozigose e a alta influência ambiental sobre a produtividade de grãos. Sendo assim, se faz necessário a adoção de metodologias mais sofisticadas que possibilitem a seleção mais acurada de populações nas primeiras fases de experimentação. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a viabilidade do Índice de Seleção para seleção de populações F_2 de soja. O experimento foi conduzido na cidade de Viçosa, na Unidade Experimental Horta Nova da Universidade Federal de Viçosa. A semeadura foi realizada na safra 2016/17, o delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC), com 3 repetições constituídas de 18 populações F_2 e seus respectivos genitores. A produtividade de grãos de cada parcela foi corrigida para 13% de umidade e extrapolada para sacas/hectare^{-1}. Realizou-se a análise de deviance pelo software R, considerando como efeitos fixos aqueles relacionados às repetições e os efeitos aleatórios aqueles relacionados aos efeitos genotípicos dos genitores e populações, sendo esses, testados pelo teste LRT via distribuição de qui-quadrado. A acurácia média da seleção de populações com base no valor genotípico foi de 10%, sendo este valor considerado baixo, enquanto a acurácia média para a seleção de genitores foi de 57%. Já a acurácia média do índice utilizado (F_2 + genitores) foi de 66%, sendo esta estratégia de seleção mais precisa em detrimento à seleções baseadas puramente nos valores genotípicos. Considerando a intensidade de seleção de 30%, apenas 4 das populações indicadas pelo índice como promissoras seriam selecionadas em um programa de melhoramento baseado apenas no valor genotípico. Conclui-se assim, que o índice utilizado no presente trabalho permitiu maior precisão na seleção das populações.

Apoio: Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais - FAPEMIG

Índice genômico via regressão bayesiana aplicado ao melhoramento de arroz

SUELA, M. M.[1]; AZEVEDO, C. F.[1]; RESENDE, M. D. V.[1,2]; SILVA, F. F.[1,3]; NASCIMENTO, M.[1.]

[1]Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[3]Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O arroz (*Oryza sativa*) caracteriza-se como o principal alimento de mais da metade da população mundial, porém, apesar de suprir a população mundial atual, estima-se que até 2050, a produção de arroz no mundo tenha que aumentar de 60 a 110% para suprir a demanda populacional. Em função de sua importância, desenvolver métodos eficientes que visam a predição e a seleção de indivíduos geneticamente superiores, quanto a características da planta, é de extrema importância para os programas de melhoramento. Aliado a isto, a utilização de marcadores moleculares permite alta eficiência seletiva e o aumento do ganho genético. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar e comparar a eficiência do método Lasso Bayesiano (BLASSO) e do Índice Delta-p/BLASSO na estimação de valores genômicos e dos efeitos de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) em dados fenotípicos associados a características de morfologia, qualidade e de produtividade de arroz (comprimento e largura da folha bandeira, número de panículas por planta, número de ramos da panícula primária, comprimento da semente, largura da semente, teor de amilose, teor de proteína e resistência a bruzone). O Índice Delta-p/BLASSO é baseado no princípio da seleção combinada, utiliza conjuntamente as informações dos valores genômicos preditos via BLASSO e via Delta-p. Os valores genômicos são ponderados por pesos que dependem da capacidade preditiva proveniente de cada método e de suas respectivas variâncias genéticas estimadas. O BLASSO é um método bayesiano que assume distribuição dupla exponencial para os efeitos dos marcadores e vêm se mostrando acurado para a predição genômica. Já o método Delta-p utiliza o conceito de mudança na frequência alélica devido à seleção e o conceito teórico de ganho genético (contraste entre médias de duas subpopulações). O Índice Delta-p/BLASSO, considerando as nove características, obteve média de ganho, em termos de capacidade preditiva, de 3,60% a mais em relação ao BLASSO. A porcentagem de 3,60% é altamente expressiva, tomando como base o reduzido esforço computacional demandado, e sob o enfoque de seleção anual esses ganhos são acumulativos e crescem rapidamente.

Apoio: Fapemig e Funarbe

Influência da ancestralidade e estrutura populacional na herdabilidade genômica em modelos multivariados

SIMIQUELI, G. F.[1]; RESENDE, M. D. V.[1,2]

[1]Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Programas de melhoramento podem utilizar mais de uma população para obtenção de modelos genômicos. Entretanto, a estrutura de populações e a mistura do genoma por fluxo gênico (ancestralidade) podem influenciar nas estimativas de herdabilidade genômica (h^2). Um modelo bayesiano multivariado foi desenvolvido para contabilizar a estrutura populacional, porém não acomoda indivíduos misturados. Portanto, o objetivo deste trabalho foi comparar a influência de modelos multivariados com uso da matriz de parentesco corrigida pela ancestralidade via método PC-Relate (Modelo 1) e modelo sem correção (Modelo 2) nas estimativas de h^2. Foram utilizados dados simulados a partir de uma população separada em quatro por 50 gerações com um evento migratório na 48ª geração. O tamanho efetivo foi decrescente da população 1 para a 4. Foram simulados valores genéticos com distribuição normal multivariada com herdabilidades de 0.1, 0.25 e 0.5 baseados na matriz de parentesco realizado de 200 QTL (*Quantitative Trait Loci*) selecionados aleatoriamente para cada característica. Os modelos multivariados bayesianos foram ajustados com o pacote MTM no software R. Foi adotada a validação cruzada de 5 *folds*. As h^2 foram menores em média para o modelo 1, o que indica contribuição da ancestralidade para a variância genética dentro das populações. A diferença de h^2 entre os dois modelos aumenta com a redução do tamanho efetivo e com o aumento da herdabilidade da característica. As h^2 do modelo 2 para as populações com menor tamanho efetivo (3 e 4) foram superestimadas (limite inferior do intervalo de credibilidade a 95% de significância acima do valor simulado). Portanto, para obter h^2 mais próximas da realidade em modelos multivariados, a correção da ancestralidade é recomendada em populações com baixo tamanho efetivo e em características com alta herdabilidade.

Apoio: CNPq; CAPES

Influência da ancestralidade e estrutura populacional nos valores genéticos genômicos em modelos multivariados

SIMIQUELI, G. F.[1]; RESENDE, M. D. V.[1,2]

[1]Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Incluir mais indivíduos fenotipados de diferentes populações em modelos genômicos pode ser interessante para o ganho de acurácia nos programas de melhoramento. Entretanto, a estrutura de populações e a mistura do genoma por fluxo gênico (ancestralidade) podem influenciar a predição de valores genéticos genômicos (VGG). A estrutura populacional já foi acomodada em modelos multivariados bayesianos, porém estes não consideram a ancestralidade. Portanto, o objetivo deste trabalho foi comparar a influência de dois modelos multivariados nos VGG, sendo um com uso da matriz de parentesco corrigida pela ancestralidade via método PC-Relate (Modelo 1) e outro sem correção (Modelo 2). Foram utilizados dados simulados de uma população separada em quatro por 50 gerações com um evento migratório na 48ª geração entre as populações 1 e 3 e entre a 2 e a 4. O tamanho efetivo foi decrescente da população 1 para a 4. Foram simulados valores genéticos para herdabilidades de 0.1, 0.25 e 0.5 com distribuição normal multivariada baseados na matriz de parentesco realizado de 200 QTL (Q*uantitative Trait Loci*) para cada característica. Os modelos multivariados bayesianos foram ajustados com o pacote MTM no software R. Foi adotada a validação cruzada de 5 *folds*. O erro quadrático médio (EQM) entre os VGG simulados e os preditos foi obtido para comparação dos modelos. O EQM do modelo 1 foi em média maior do que o modelo 2, sendo a diferença mais evidente em altas herdabilidades (h^2). Os desvios padrões devido a validação cruzada foram maiores e os EQM menores em h^2 altas do que em baixas para ambos modelos. O EQM foi menor em populações com menor tamanho efetivo para h^2 de 0.1. Para h^2 de 0.5, os EQM foram menores para populações 2 e 4 e maiores para 1 e 3. Portanto, a predição dos VGG de características com alta e baixa h^2 é mais influenciada por eventos migratórios recentes e pelo tamanho efetivo, respectivamente para ambos modelos. Desta forma, a ancestralidade não afeta drasticamente os VGG, sendo seu efeito mais evidente em características com alta h^2.

Apoio: CNPq; CAPES

Phenotypic and genetic correlations between seed protein and oil contents in F5-derived soybean RILs

BERNARDELI, A. M. A [1]; LAMAS COSTA, M. D. [1]; BUENO, R. D. [1]; COSTA SILVA, L.C. [1]; SILVA, J. N. B. [1]; AGUIAR, R.[1]

[1]Lab of Genetic Biochemistry of Plants - BioAgro, Federal University of Viçosa.

Soybean is an important source of protein and oil, containing about 40% and 20% of those compounds in its seeds, respectively. Selection of more than one trait relies on the study of both phenotypic and genetic correlations in order to access the degree of relationship between traits. Even more, it is a vital index to predict any specific trait response because of changes in another. Previous studies carried out in homozygous lines or segregant soybean populations have shown a range of positive correlation estimates between lateness of maturity and high seed oil content (SOC), and negative correlation between yield and high seed protein content (SPC). In addition, other traits have been addressed such as flowering date, cycle, seed size and weight. The objective of this investigation was to estimate phenotypic (r_p) and genotypic (r_g) correlations between SPC and SOC for a F5-derived soybean RILs population. First, a single cross between two high SPC and low SOC soybean accessions, PQMS80 and PQMS12, resulted in 269 F5-derived soybean RILs (recombinant inbred lines). They were submitted to field trials during summer 2017 in randomized complete blocks with two replications in two different locations (Capinópolis and Viçosa). Phenotyping consisted in measuring SPC in 20g of milled soybean seed sample performed by Antaris II FT-NIR. The results for Capinópolis were r_p = -0.6638 and r_g = -0.8065, and r_p = -0.5873, and r_g = -0.7619 for Viçosa. The trial carried in Capinópolis provided higher magnitudes of both r_p and r_g, and r_g were superior to r_p in both environments. Although the correlations were different, they did not vary significantly among locations. This research follows other related studies in which strong negative r_p and r_g between SPC and SOC were obtained. Therefore, it can be concluded that a positive selection for protein content makes an indirect negative selection for oil, and vice-versa. An alternative is to select midpoint values for protein and oil instead of extreme ones derived from transgressive phenotypes in order to obtain a superior line with good rates of these two compounds in its grains.

Support: CNPq, FAPEMIG

Rendimento médio de sementes por cacho de *Archontophoenix spp.* (Palmeira-real-australiana)

MARIGUELE, K. H.[1]

[1]Epagri/Estação Experimental de Itajaí (EEI), Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina.

A produção de palmito é tradicional no Estado de Santa Catarina, com uma área de 5 mil há, aproximadamente, e em torno de 50 agroindústrias. Dentre as espécies cultivadas, a palmeira-real-australiana é, tradicionalmente, cultivada. A qual se expandiu no estado como uma alternativa ao extrativismo do palmito juçara (*Euterpe edulis*). Apesar disso, os produtores ainda não dispõem de um material de propagação melhorado. Por isso, a Epagri iniciou um programa de melhoramento dessa espécie para rendimento e qualidade de palmito. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o peso médio de cachos de sementes de 220 plantas de uma população base. Essa população está localizada na EEI, Itajaí – SC, e é usada para avaliar o rendimento de sementes e, através de testes de progênies, o rendimento de palmito. Os dados foram coletados na safra 2017/2018 e avaliados usando o software Selegen – Modelo 58 (ausência de delineamento). Das plantas que formam a população, 134 produziram sementes na safa estudada que resultou num rendimento total de sementes de 1828,93 kg de sementes. A Análise de Deviance mostrou diferença significativa entre os genótipos avaliados. Quanto aos componentes de variância foram obtidos os valores 4,0717 – variância genotípica; 22,4228 – variância fenotípica individual; 18,2092 – variância residual. As médias fenotípicas mostraram variabilidade, cujos valores variaram de 1,13 até 17,71 kg/cacho. Foi observado que 61 genótipos apresentaram valores genotípicos com efeitos positivos. Esses valores variaram de 7,44 até 11,54 kg/cacho. Desse modo, é possível afirmar que existe variabilidade genética entre as plantas avaliadas, para o caráter estudados. Além disso, para a formação de uma população melhoradas é preciso considerar os resultados do teste de progênies. Para que a nova população apresente indivíduos com maior rendimento de sementes e, que proporcione, maior rendimento de palmito.

Apoio: Fapesc

Uso de seleção genômica na predição do desempenho de híbridos não realizados

SANT'ANNA, I. C.[1]; CARNEIRO, V. Q.[2]; SILVA JUNIOR, A. C.[2]; NASCIMENTO, M.[1]; CRUZ, C. D.[2]

[1]Laboratório de Inteligência Computacional aplicada agropecuária, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A seleção de genitores para produção de híbridos é uma etapa crucial no programa de melhoramento e define o potencial de sucesso no desenvolvimento de uma cultivar superior. A utilização de seleção genômica (GS), permite a predição de indivíduos que ainda não tiveram seus fenótipos coletados, é uma alternativa viável e promissora. A acurácia do processo preditivo depende de representatividade da população utilizada no treinamento em relação a de validação. Em alguns programas tem-se um grupo de g linhagens e, como população de validação, o conjunto de h híbridos possíveis de ser estabelecidos entre pares de genitores (h = g(g-1)/2). Assim, tais populações diferem quanto a níveis heterótico e representatividade genotípica. Além disso, o número h pode ser relativamente elevado e, em termos práticos, somente alguns híbridos serão estabelecidos apesar de haver interesse sobre os demais, denominados de híbridos não realizados. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência da GS na predição do valor genético de híbridos não realizados por meio do enriquecimento da população de treinamento com alguns dos híbridos. Foi simulado um conjunto de 100 linhagens, genotipadas em relação a 1000 SNPs, e geradas informações genotípicas em relação a 4950 híbridos oriundos de todos os pares de linhagens. Os dados fenotípicos foram simulados adotando-se três modelos: modelo aditivo, dominante e epistático. Foram simulados caracteres quantitativos com herdabilidades (h^2) de 30 e 60. Para avaliar a capacidade de preditiva (CP) do modelo (RR-BLUP) foi utilizado duas estratégias. Na primeira, o treinamento foi realizado utilizando apenas os dados das g linhagens para fins da predição dos h futuros híbridos. Na segunda, foi realizado o treinamento envolvendo dados de g linhagens enriquecidos com informações de h' (h'=625) híbridos formados pelo dialelo com 50 genitores. O quadrado da correlação entre o GBV verdadeiro e valor genético simulado foi utilizado para medir a CP, independente da estratégia utilizada para estimar os efeitos. Assim, a predição de híbridos não realizados é um procedimento eficaz e melhora a acurácia do processo preditivo em média de 5%.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

Melhoramento Animal

Aplicação de MRA para avaliação genética de caprinos leiteiros

NOGUEIRA, B. C. F.[1]; SOUZA, N. O. [2], OLIVEIRA, H. R.[2], SILVA, D. A. [2], CARVALHO, N. C. [2], SILVA, F. F.[2]

[1]Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa
[2]Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa

Modelos de Regressão Aleatória (MRA) selecionam caprinos leiteiros geneticamente superiores pois são utilizados para estimar valores genéticos para cada dia da lactação. A maioria dos estudos consideram apenas a primeira lactação de caprinos leiteiros como base para a seleção genética, o que pode gerar uma seleção falha. Este estudo testou os MRA que mais se adequam para avaliação genética de caprinos leiteiros da raça Alpina em segunda lactação. Um total de 15.509 registros de 529 cabras em segunda lactação do setor de caprinocultura da UFV foram utilizados para testar 320 MRA. Os MRA diferiram em relação ao número de classes utilizados para modelar a variância residual e em relação a ordem do polinômio ortogonal de Legendre utilizado para modelar as curvas fixa, genética e de ambiente permanente. O MRA adequado foi escolhido com base no logaritmo do máximo da função de verossimilhança, teste de razão de verossimilhança, número de parâmetros, critério da informação de Akaike modificado e critério de informação baysiano modificado. O modelo que considerou 4 classes de variância residual, curva fixa de ordem 6, curva genética de ordem 3 e curva de ambiente permanente de ordem 6 foi considerado como favorito. A herdabilidade estimada por este modelo variou de 0,9 a 0,29 ao longo da lactação, sendo maior entre o 220º e 240º dias, sugerindo que o uso deste modelo ocasiona ganhos genéticos, já que há maior influência do efeito genético sobre a variância fenotípica nesse intervalo. As variâncias fenotípica e de ambiente permanente apresentaram maiores valores entre o 40º e 60º dias, o pico da lactação, período que o animal está mais suscetível aos efeitos não genéticos. O comportamento heterogêneo da variância residual ao longo da curva de lactação pode ser justificado pela influência de fatores como a escala de produção que é maior no início da lactação. Alguns trabalhos mostram aumento das variâncias residuais e fenotípicas da primeira para a segunda lactação, enquanto que a estimativa da variância genética diminui. Diante disso, estudos de MRA para caprinos em segunda ordem de parto devem ser feitos para entender melhor o comportamento da característica.

Apoio: CNPq e Fapemig

Melhoramento de Plantas

Acúmulo de zinco nas folhas de cultivares de café arábica sob restrição nutricional desse nutriente

FERREIRA, T. C. [1]; CAVALCANTE, V. S.[1]; MOURA, W. M. [1]; GIARDINI, R. M. [1]; COSTA, T. L. [1.] PEREIRA, M. G.[1]

[1]EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

A maioria das lavouras de café no Brasil apresentam deficiência em zinco (Zn). Como uma alternativa para contornar esse problema, existe o uso de cultivares capazes de crescer e produzir sob restrição nutricional desse nutriente. Para isso, deve-se considerar que o acúmulo de nutrientes varia com a genética das cultivares de café. Assim, esse trabalho teve por objetivo avaliar o acúmulo de Zn em diferentes posições nas folhas de 20 cultivares de café arábica cultivadas sob restrição de Zn. O experimento foi instalado em casa de vegetação da Universidade Federal de Viçosa, no delineamento inteiramente casualizado, em solo com baixa concentração de Zn (0,5 mg dm^3) e três repetições, totalizando 60 unidades experimentais. Aos 226 dias após a semeadura as plantas foram seccionadas rente ao solo. As folhas foram separadas em terço inferior, médio e superior do ramo ortotrópico. Em seguida, o material vegetal foi submetido à secagem em estufa com circulação forçada de ar a 70 ºC, por 72 h, até a obtenção de peso constante, posteriormente foi determinado o teor de Zn, e realizado o cálculo de acúmulo. Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias agrupadas pelo teste Skott-Knott a 5% de probabilidade. As cultivares de café apresentaram ampla variabilidade quanto aos conteúdos de Zn nas folhas inferiores, medianas e superiores, o que permitiu a divisão dessas em dois, três e quatro grupos, respectivamente. A maior quantidade média de Zn foi observada nas folhas superiores, sendo que a cultivar, Catucaí 785-15 a que apresentou o maior conteúdo. Assim, essa cultivar pode ser considerada a mais adaptada as condições de baixa disponibilidade de Zn. As cultivares de café translocaram maior quantidade do nutriente para as folhas superiores que são as metabolicamente ativas. Nessas folhas existiu maior variabilidade das cultivares em relação ao conteúdo de Zn.

Apoio: Consórcio Pesquisa Café, FAPEMIG e CNPq

Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de feijão preto e carioca recomendadas no Brasil nos últimos 50 anos

SOUZA, M. H.[1]; PEREIRA, G. S.[1]; CARNEIRO, A. L. N.[1]; SOUZA, D. T.[1]; TRINDADE, T. F. H.[1]; CARNEIRO, J. E. S.[2]

[1]Programa Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Professor, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante cultura agrícola para o Brasil, sendo cultivado em praticamente todo o país. Pode ser produzido em até três safras por ano, em monocultivo ou em consórcio com outras culturas. Entre os tipos comerciais cultivados destacam-se os feijões do grupo carioca e preto, representando cerca de 90% da produção total. A produtividade da cultura vem crescendo nos últimos anos e esse aumento muito se deve ao melhoramento praticado pelas instituições de pesquisa, especialmente as públicas. Essas instituições recomendaram um grande número de cultivares ao longo dos anos. Essa recomendação de modo geral é feita com base no comportamento médio dos genótipos avaliados nas diferentes safras, em vários ambientes e pelo menos em dois anos. Na maioria das vezes, estudos sobre adaptabilidade e estabilidade dos genótipos não são levados em consideração no processo de recomendação. Assim, este trabalho teve como objetivo fazer inferência sobre a adaptabilidade e estabilidade das cultivares de feijão recomendadas no Brasil. Para isso foram avaliadas 80 cultivares de feijão carioca e preto recomendadas nos últimos 50 anos. As cultivares foram avaliadas em Coimbra e Viçosa, Minas Gerais, nas safras da seca e inverno, entre 2013 e 2016, totalizando oito ambientes. O delineamento foi de blocos casualizados com três repetições e parcelas de duas linhas de quatro metros. Os dados de produtividade de grãos (kg/ha) foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, e estimados os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (Eberhart e Russel, 1966). Verificou-se efeito significativo de cultivares para todos os ambientes, indicando variabilidade para o caráter. A interação Cultivares x Ambientes foi significativa, indicando comportamento diferenciado das cultivares nos diferentes ambientes. Das 80 cultivares avaliadas, 42 apresentaram adaptabilidade geral, 20 adaptabilidade a ambientes favoráveis e 18 adaptabilidade a ambientes desfavoráveis. Quanto a estabilidade, 30 cultivares apresentaram alta previsibilidade de comportamento, com valores de R^2 superiores a 70%.

Apoio: Cnpq, Capes e Fapemig.

Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de arroz irrigado por inundação continua

SILVA JÚNIOR, A. C. [1]; OLIVEIRA, G. F. [2]; COSTA[1], W. G. [2]; SANT'ANNA, I.C. [2]; SOARES, P. C. [3]; CRUZ, C. D. [1]

[1]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Inteligência Computacional, Departamento de Estatística Universidade Federal de Viçosa.
[3]EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

Estudos de adaptabilidade e estabilidade são de suma importância para auxiliar a recomendação de cultivares, uma vez que permitem obter informações detalhadas do comportamento dos genótipos avaliados em uma região. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos de arroz irrigado de arroz irrigado por inundação continua em quatro anos agrícolas, para fins de seleção e recomendação de cultivares para cultivos ou programas de melhoramento. Avaliou-se 18 linhagens quanto à produtividade de grãos em quatro anos agrícolas, em três locais, perfazendo 12 ambientes. Entre as linhagens, cinco eram testemunhas (Rubelita, Seleta, Ourominas, Predileta e Rio Grande). Além disso, destaca-se que a linhagem BRA 02691 foi lançada recentemente como nova cultivar, devido ao seu melhor desempenho em relação às demais linhagens dentro do programa de melhoramento de arroz irrigado por inundação contínua. Avaliou-se a adaptabilidade estabilidade por meio dos métodos de Eberhart e Russell, centroides múltiplos e GGE biplot. Observou-se que a análise de variância revelou que os efeitos de ambientes e a interação GxA foram significativos, o que evidência a resposta diferencial dos genótipos frente às particularidades apresentadas pelos ambientes. Não houve efeito do genótipo, o que pode ser atribuído ao fato desse conjunto de genótipos envolverem materiais em estágio avançado de melhoramento, ou ao fato de que a interação GxA, em magnitude elevada, pode ter mascarado o efeito destes. O coeficiente de variação foi considerado médio para a produtividade grãos de arroz. Observou-se que a utilização destas metodologias é uma alternativa viável para classificação de genótipos. Além disso, os genótipos comportaram-se de forma diferente quanto à estabilidade e adaptabilidade nos diferentes ambientes. Ambas as metodologias, identificaram as linhagens BRA 02691 e MGI 0607-1 como promissoras para serem lançadas como cultivares, entretanto, o método do centroide e GGE biplot demonstraram maior sensibilidade em relação ao método de Eberhart e Russell. Utilizar os métodos simultaneamente fornece uma abordagem inovadora para a interpretação das interações GxA.

Apoio: Fapemig, CAPES e CNPq

Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes estados dos Estados Unidos

LEICHTWEIS, B. G.[1,2]

[1] Laboratório de Melhoramento de Oleaginosas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá.

A seleção de genótipos com alta produtividade de grãos e elevados teores de proteína e óleo é o principal objetivo dos programas de melhoramento. Porém, a interação genótipos x ambientes (GxA) constitui-se em um dos maiores problemas dos programas de melhoramento de qualquer espécie, seja na fase de seleção ou na recomendação de cultivares. A interação GxA pode ser reduzida utilizando-se cultivares específicas para cada ambiente, ou cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade. A adaptabilidade é a capacidade de os genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente; a estabilidade é a capacidade de os genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível mesmo com as variações ambientais. O objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento da adaptabilidade e estabilidade de cinco genótipos de soja em quatro locais diferentes. Os locais foram Iowa, Illinois, Indiana e Kansas, principais regiões produtoras de soja nos Estados Unidos. O banco de dados utilizado está disponível na plataforma SOYBASE (https://www.soybase.org/SoyNAM/). O experimento foi conduzido em blocos casualizados, com cinco genótipos (4J105-3-4, 5M20-2-5-2, CL0J095-4-6 e U06-100052) e quatro repetições. A semeadura realizou-se no dia 20 de maio de 2013. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. A análise de adaptabilidade e estabilidade fenotípica dos genótipos foram realizadas por meio do método de Análise gráfica realizado pelo software Genes. Como resultado, o ambiente de Indiana apresentou as maiores médias de produtividade, sendo considerado o mais favorável para produção. Os demais locais foram classificados como desfavoráveis. Os genótipos 4J105-3-4, CL0J095-4-6 e U06-100052 foram mais estáveis e, o genótipo 5M20-2-5-2, apresentou melhor adaptabilidade ao ambiente favorável. E, o genótipo 4J105-3-4 superou a média de produção em todos os ambientes, sendo classificado de genótipo de adaptabilidade ampla.

Adaptabilidade e estabilidade de populações de base genética ampla de milho no sudeste de Minas Gerais pelo método de Eberhart e Russel

CAIXETA, D.G.[1]; RODRIGUES, I. C. L.[1]; FERREIRA, A. G.[1]; DESTRO, V.[1]; FARIA,S. F.[1]; DE LIMA, R. O.[1]

[1]Programa Milho-UFV®, Departamento de Fitotecnia,
Universidade Federal de Viçosa.

O milho é cultivado em praticamente todo o globo terrestre. No entanto, um mesmo cultivar pode possuir reposta diferenciada com a simples mudança do ambiente de cultivo. Dessa maneira, o estudo da interação genótipos x ambientes é de extrema importância na escolha do genótipo mais adaptado à determinado ambiente. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de populações de base genética ampla pela metodologia de Eberhart e Russel (E&R), no sudeste de Minas Gerais. Para isso, na safra 2017/18, dez populações de variedades de polinização aberta (Pop) e um híbrido duplo (BM207) de milho foram avaliados em quatro locais do sudeste mineiro: dois em Coimbra (um com adubação e outro sem adubação nitrogenada) e dois em Viçosa (Horta Nova e Aeroporto). Os experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros, espaçadas em 0,80 m. Foi avaliado o caractere produtividade de grãos (PG, Kg ha^{-1}). Foi realizada uma análise de variância conjunta e uma análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método de E&R. Houve diferença significativa (P>0,01) entre as VPA's, os ambientes e para a interação genótipos x ambientes. A PG variou de 5.309 Kg ha^{-1} a 8.150 Kg ha^{-1}, com média geral de 6500 kg ha^{-1}. Pelos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade propostos por E&R, dez variedades obtiveram o coeficiente de regressão estaticamente igual a um ($ß_{1i}$=1), sendo classificados com adaptabilidade ampla para os ambientes avaliados. A população UFVM100 foi classificada com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ($ß_{1i}$>1). Isso demonstra o incremento na PG, com a melhoria do ambiente. Para a estabilidade fenotípica, 73% das populações apresentaram alta previsibilidade do comportamento (σ^2=0). As Pop Al Avaré e IPR164 e o híbrido BM207 apresentaram σ^2 diferente de zero e foram classificadas com o comportamento imprevisível. Conclui-se que as Pop, Incaper203, UFVM100(HS)C1, UFVM200 e UFVM200(HS)C1 são recomendadas para a região sudeste de Minas Gerais, pois apresentaram ampla adaptabilidade e alta estabilidade.

Apoio: Ao CNPq, FAPEMIG e FUNARBE pelo suporte financeiro para a realização dos experimentos.

Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para conteúdo de proteínas solúveis de reserva em genótipos de soja

LORENZONI, R. M.[1]; SILVA, J. N. B.[2]; BERNARDELI, A. M. A.[2], PIOVESAN, N. D.[3], DAL-BIANCO, M.[2], SOARES, T. C. B.[4]

[1]Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Departamento de Produção Vegetal, Universidade Federal do Espírito Santo.
[2]Laboratório de Bioquímica e Genética Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa.
[4]Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Departamento de Farmácia e Nutrição, Universidade Federal do Espírito Santo.

Estudos de adaptabilidade e estabilidade fornecem informações importantes para o melhoramento de plantas, pois torna possível identificar genótipos que apresentem comportamento semelhante diante das variações ambientais encontradas em diferentes regiões e épocas de cultivo. O objetivo deste trabalho foi avaliar, com base no conteúdo de proteína solúvel dos grãos, a adaptabilidade e a estabilidade de diferentes genótipos de soja, cultivados em dois ambientes distintos. Os experimentos foram conduzidos em Viçosa – MG e Capinópolis – MG. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com três repetições, envolvendo 33 genótipos. A quantificação do conteúdo de proteína solúvel foi realizada pelo método de Kjeldahl a partir do extrato proteico proveniente da extração das proteínas em tampão fosfato salino. Foi realizada análise de correlação entre os ambientes para validação de que os mesmos fossem contrastantes, o que foi evidenciado ao realizar análise correlação pelo modelo fixo. O método do centroide permitiu separar os genótipos em quatro classes, I) Adaptabilidade geral alta (B3PTA21619, BR8014887, CS303PTA276-1.2, NT12 e UFVTN105AP); II) Adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (BARC08, BRS7980, CD213PTA, CD2737RR, CS303PTA182, CS303PTA137 4.10 e SYN1060); III) Adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (DESAFIO RR e VX04 5692-62); IV) Pouco adaptado (ANSC83022, ANSC 89109, BRS 284, CD237RR, CDTN-4, CONQUISTA, M7739 IPRO, M8372 IPRO, N7901, NS 7227, PINTADO, SUPREMA, TMG2181, TMG4182, TMG4185, TMG1176RR, TMG1180RR, TMG1288RR e TMG7262RR). Quanto a estabilidade, a metodologia de Wricke, permitiu inferir que os genótipos com menor valor de Wi (%) são os mais estáveis por serem os que menos contribuem para a interação, sendo eles: ANSC 89109, B3PTA21619, BRS 284, CDTN-4, CONQUISTA, CS303PTA182, CS303PTA137 4.10, CS303PTA276-1.2, M8372 IPRO, N7901, NT12, SUPREMA, TMG4182, TMG1180RR, TMG1288RR, UFVTN105AP. Portanto, os genótipos que apresentam maior adaptabilidade e estabilidade quanto ao conteúdo de proteínas solúveis de reserva são B3PTA21619, CS303PTA276-1.2, NT12, UFVTN105AP.

Apoio: CAPES e Caramuru Alimentos

Análise combinatória para resistência a helmintosporiose-comum em milho-pipoca

BISPO, R. B.[1]; KUROSAWA, R. N. F.[1]; SANTOS JUNIOR, D. R.[1]; MAFRA G. S.[1]; AMARAL JUNIOR. A. T.[1.]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal-LMGV, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

A helmintosporiose-comum, doença foliar causada pelo fungo *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs, constitui umas das doenças mais graves da cultura do milho. No âmbito do Melhoramento Genético de Plantas as pesquisas que visam a compreensão dos efeitos gênicos envolvidos na herança das características agronômicas possuem especial apreço, pois podem determinar o sucesso dos programas ao nortear a aplicação das melhores estratégias de melhoramento. O estudo objetivou determinar, por análise dialélica, os efeitos gênicos envolvidos na resistência a helmintosporiose-comum em milho-pipoca e selecionar híbridos promissores. Foi conduzido um dialelo entre oito linhagens endogâmicas de milho-pipoca e obtidos 28 híbridos. O delineamento experimental utilizado foi Látice quadrado 6x6 com três repetições em dois locais: Campos dos Goytacazes e Itaocara, regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro, respectivamente. As variáveis estudadas foram: severidade média foliar (SMF) e incidência média foliar (IMF). Na análise dialélica conjunta, os efeitos significativos para Ambiente e nas interações de Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC) x Ambiente foram observados tanto para SMF quanto para IMF, indicando que os desempenhos dos genitores e das progênies estão em função do ambiente. Por conseguinte, na análise dialélica individual, houve efeitos significativos para Genótipo, CGC e CEC, em ambas as variáveis e ambientes estudados, o que denota a existência de variabilidade genética entre genitores e as progênies híbridas. Às médias dos quadrados dos efeitos, o componente quadrático de CEC (Φ_S) suplantou o componente quadrático de CGC (Φ_G) indicando que a variabilidade genética entre os materiais é devida a efeitos gênicos não-aditivos e que à resistência a helmintosporiose-comum a obtenção de híbridos é a estratégia mais vantajosa. Adicionalmente, para as regiões norte e noroeste do estado do Rio de Janeiro destacaram-se os híbridos de L80xP2, em relação a SMF, o híbrido L77xP2, em relação a IMF, sendo a combinação L76xP7 a de melhor desempenho para ambas as características simultaneamente.

Apoio: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível superior (CAPES)

Análise de agrupamento entre famílias de Café arabica

FEITOSA, F. M.[1]; CAIXETA, E. T.[2]; RESENDE, M. D. V.[3]; OLIVEIRA, A. C. B.[2]; PEREIRA, A. A.[4]; SOUSA, T. V[1].

[1]Laboratório de Bioteconologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[3]EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[4]EPAMIG, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais

Desde sua introdução no Brasil, o café tem sido uma das culturas de maior importância econômica. Das espécies cultivadas, o *Coffea arabica* L. é a de maior importância econômica e também a mais comercializada. Uma das maneiras de conhecer uma espécie é estudando a sua diversidade genética por meio de características fenotípicas. Estas informações são importantes para a condução de programas de conservação, melhoramento genético e para a definição de estratégias de trabalho. Objetivou-se realizar uma análise agrupamento entre 23 famílias de cafeeiros para o avanço de gerações em programas de melhoramento. Foram avaliadas 23 famílias de cafeeiros, sendo 21 famílias obtidas de cruzamentos entre cultivares de interesse agronômico de porte alto e cafeeiros portadores de resistência à ferrugem (Seleções Indianas), além de duas testemunhas dos cultivares Mundo Novo. O experimento foi montado utilizando se o delineamento de blocos casualizados (DBC), com três repetições e seis plantas por parcela. As características vigor vegetativo, produção, ciclo de maturação dos frutos, uniformidade de maturação dos frutos, tamanho dos frutos maduros, incidência de cercosporiose e incidência de ferrugem foram avaliadas nos anos de 2010 a 2014. O agrupamento foi realizado com base na divergência genotípica calculada por meio da distância euclidiana média como medida de dissimilaridade. A determinação dos grupos pelo método de agrupamento de Tocher. Pela análise de agrupamento, verificou-se a formação de três grupos com base na divergência genética entre as famílias. A maioria das famílias (20 famílias) foram alocadas em um único grupo, indicando pouca variabilidade genética entre as famílias. Esse fato infere que famílias do mesmo grupo são geneticamente próximas. O grupo 2 foi composto pelas cultivares comerciais (as testemunhas) e o grupo 3 por uma família. A formação de grupos propicia a escolha de genitores dentro de um programa de melhoramento, pois cruzamentos divergentes amplia a variabilidade genética. Conclui-se que as famílias de cafeeiros apresentam uma baixa variabilidade genética detectadas por características morfológicas.

Apoio: CNPq, Capes, EMBRAPA Café.

Análise de médias de gerações para descritores relacionados a sementes em abóbora

PEREIRA, A.L.C.[1]; CRUZ, C.E.O. [1]; OLIVEIRA, P.O.B. DE [1]; ALMEIDA, C. F. DE[1]; GOMES, R. S.[1]; DA SILVA, D. J. H[1]
[1]Laboratório de Manejo de Recursos Genéticos, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

As perdas no processamento industrial de abóbora podem chegar a quase 30% de cascas e sementes. As sementes chegam a corresponder a 3,32% do peso da abóbora e são importantes fontes de óleos com propriedades nutricionais benéficas. O teor de óleo em suas sementes varia de 30 a 50%, dependendo da espécie, genótipo e ambiente de cultivo, mostrando grande potencialidade desta cultura para esta finalidade. Uma forma de aumentar a produção de óleo é mediante melhoramento genético, modificando a produção e espessura de suas sementes. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi realizar o estudo das médias dos descritores relacionados as sementes em uma análise de gerações. Para isso foram semeadas simultaneamente seis gerações: P_1, P_2, F_1, F_2, RC_1 e RC_2. Em que os genitores eram contrastantes para os seguintes descritores avaliados: massa de 100 sementes (M100S); massa total de sementes por fruto (MTSF); relação massa de sementes por massa de fruto (MS/MF); número total de sementes por fruto (NTSF); comprimento (CS), largura (LS) e espessura (ES). Para as medidas referentes às dimensões foram utilizados paquímetro, para dados de massa foi utilizada uma balança analítica, para os valores referentes à quantidade, como número de sementes por fruto foi feita contagens. Para os descritores M100S e NSPF os valores da F_1 foram superiores à média dos genitores o que demonstra dominância parcial. Com relação à MTSF houve sobredominância, ou seja, superior ao genitor de maior valor, essas interações foram confirmadas pelos valores de graus médios de dominância encontrados, em que M100S e MTSF apresentaram valores de 0,93 e 0,48 respectivamente e MTSF 1,14. Portando dominância parcial para os primeiros e sobredominância para o último. Quando as estimativas são superiores a uma unidade é indicativo da sobredominâcia no controle genético da característica, existindo a possibilidade de ocorrência de heterose, consequentemente o desenvolvimento de híbridos seria promissor.

Apoio: Capes, CNPq e Fapemig

Análise de shelf life de híbridos de morangueiro (*Fragaria x ananassa Duch)*

DINIZ, F. C. P.[1]; RESENDE, J.T.V.[1], PINHEIRO, D. F.[1], ZEIST, R. A.[1]; CÓRDOVA, K. R. V.[2], NETO, J. G.[3]

[1]Laboratório de Fisiologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste.
[2]Departamento de Engenharia de Alimentos, Universidade Estadual do Centro Oeste.
[3]Departamento de Agronomia, Centro Universitário Campo Real.

O morango (*Fragaria x ananassa Duch)* é um dos frutos mais consumidos mundialmente, devido aos seus atributos nutricionais e organolépticos, sendo associado à prevenção de várias doenças. A firmeza é um dos principais parâmetros em pós-colheita, pois afeta diretamente a vida de prateleira ou *shelf-life*. O cultivo da cultura do morango no Brasil é baseado em cultivares de origem importada, predominantemente com frutos de aptidão para consumo *in natura*, sendo as principais características desejáveis a alta firmeza da polpa e epiderme, a fim de resistirem ao transporte e armazenamento. O desenvolvimento de genótipos superiores a partir de programas nacionais de melhoramento genético são fundamentais para a oferta de híbridos adaptados às condições edafoclimáticas do Brasil, bem como, a redução da dependência por genótipos importados. O objetivo do presente estudo foi analisar a firmeza de polpa de 72 híbridos oriundos do cruzamento da cultivar Monte Rey x RVFS07. O estudo foi conduzido no Laboratório de Fisiologia Vegetal e Horticultura do Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, Guarapuava – PR. As colheitas foram realizadas em setembro de 2018, e a técnica utilizada para análise da firmeza de frutos, foi com a utilização do penetrômetro manual, com ponteira de 6 mm, sendo o resultado expresso em Newton (N), penetração de 50% e velocidade de 1 mm s^{-1}, realizando uma leitura da seção equatorial do morango, após a maturação completa dos frutos. Os resultados obtidos foram analisados por Análise de Variância (ANOVA), e as médias foram submetidas ao teste de comparação de médias, pelo Teste de Tukey à 5% de probabilidade. As médias apresentadas pelos híbridos foram de 4,16N. E os híbridos “RVFSM 158”, “RVFSM 73” e “RVFSM 180”, foram os que mais se destacaram com 9,15 N, 9,5 N e 9,8 N respectivamente. Já os genótipos que obtiveram os menores valores foram RVFSM 30, RVFSM 35 e RVFSM 164 com média de 1,65N. Podendo-se dizer, que os híbridos RVFSM 158, RVFSM 73, e RVFSM 180 possuem maior *shelf-life*, sendo aptos para avançar no programa de melhoramento genético a fim de obter frutos com padrão comercial.

Análise multivariada em clones de café conilon

FERREIRA, T. C.[1]; COSTA, T. L.[1;]; CAVALCANTE, V. S.[1]; MOURA, W. M.[1]; GIARDINI, R. M.[1]; PEREIRA, M. G.[1]

[1]EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

O conhecimento da diversidade genética de uma população é fundamental para a escolha de genitores em programas de melhoramento. Com a utilização de métodos de análises multivariada é possível determinar a distância genética existente entre os genótipos, gerando oportunidade de escolha de genitores divergentes em programas de melhoramento. Desta forma, este trabalho objetivou avaliar a diversidade genética entre clones de café conilon cultivados no município de Leopoldina-MG. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições e 22 clones. Em 2017, estimou-se a divergência genética entre os clones por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D2ii) e agrupamento pelo método de Tocher considerando as características: vigor vegetativo (VIG), porte das plantas (PP), severidade de ferrugem (SF), severidade de cercosporiose (SC), intensidade de seca de ponteiro (ISP), porcentagem de frutos com lojas vazias (PLV) e produtividade (PROD). Os clones foram agrupadas em dez grupos distintos, sendo que o maior grupo com cerca de 32%, ficaram alocados no grupo 1 (Clones: 4, 5, 12, 9, 18, 22, 14). Os clones 13, 15, 16 e 7 ficaram agrupados no grupo 2, já os clones 10, 11, 2, 6 e 3 formaram grupos individuais, evidenciando sua dissimilaridade em relação aos demais. Cruzamentos dirigidos devem ser realizados entre os clones de grupos mais distantes, para que possa ser obtida elevada variabilidade genética e maior possibilidade de seleção de genótipos superiores. O clone 3 foi o mais divergente, por ter apresentado maior distância em relação a cinco clones, por outro lado o clone menos divergente foi o 9 por ter apresentado menor distância em relação a cinco clones, deste modo, estes possuem maior potencial para serem usados no processo de seleção visando à obtenção de ganhos genéticos para o café conilon. No estudo da contribuição relativa das características pelo método de Singh (1981), observou-se que as características que proporcionaram maiores contribuições relativas foram: PP (25,78%), PROD (22,56%), VIG (14,34%) e SC (14,34%). Por outro lado, as que proporcionaram as menores contribuições foram: ISP (4,67%), SF (8,42%) e PLV (9,89%).

Apoio: Consórcio Pesquisa Café, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Associações da produtividade com outras características agronômicas em genótipos de *Coffea arabica* L.

CHAGAS, F.E.O.[1]; BARBOSA, I.P. [1]; CESAR,P.[1]; SILVA, R.P.[1]; OLIVEIRA, A.C.B.[2];

[1] Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

O consumo dos cafés especiais é crescente no Brasil e no mundo. Objetivou-se avaliar a associação entre características agronômicas sobre a produtividade de cultivares de café arábica. O experimento foi instalado no município de Araponga – MG. Em delineamento com blocos casualizados, três repetições e 11 tratamentos. Foram avaliadas as cultivares Araponga MG1, Catiguá MG1, Catiguá MG2, Catiguá MG3, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H419-1, Pau-Brasil MG1, Sacramento MG1, H419-3-3-7-16-4-1 e Catucaí Amarelo 24/137 e a Catuaí Vermelho IAC 144 com diferentes níveis de resistência a ferrugem e a cercosporiose. Foram avaliados o vigor(VI), ciclo médio de maturação(CMT), tamanho de fruto(TF) e incidência à ferrugem(IF) e à cercosporiose(IC). Foram coletadas amostras de frutos do tipo cereja e submetidos a secagem via úmida para posterior avaliação das características sensoriais da bebida, sendo considerada apenas a nota total. Os dados foram submetidos a análise de variância e a análise de trilha, para inferir os efeitos diretos e indiretos das características agronômicas sobre as notas totais. O VI apresentou efeito direto de magnitude 0,918, sendo o maior observado, e efeitos indiretos negativos de alta magnitude via IF e IC. A característica CMT apresentou o menor efeito direto entre todas as características (0,204) e baixos efeitos indiretos. O TF apresentou efeito direto de 0,316 e baixos efeitos indiretos. A IF apresentou efeito direto de 0,544 e a IC apresentou efeito direto de 0,707, podendo ser considerados altos para ambas as doenças. Também apresentaram altos efeitos indiretos negativos via vigor (-0,782 para ferrugem e -0,767 para cercosporiose). Assim, de acordo com os resultados apresentados, o maior vigor vegetativo proporcionou maior produtividade. Plantas com maiores CMT apresentaram maiores produtividades, provavelmente pelo aumento do tempo de produção de foto-assimilados no fruto. As plantas com resistência a doença tenderam a apresentar menor produtividade, considerando o efeito direto das doenças. No entanto, estas podem melhorar a produtividade devido ao efeito indireto sobre o vigor vegetativo.

Apoio: FAPEMIG e CNPq

Associações da qualidade sensorial com características agronômicas em genótipos de *Coffea arabica L.*

CHAGAS, F. E. O[1]; BARBOSA, I. P.[1]; PEDRO, C.[1]; SILVA, R. P.[1]; OLIVEIRA, A.C.B.[2]

[1] Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

O consumo dos cafés especiais é crescente no Brasil e no mundo. Objetivou-se avaliar a associação entre características agronômicas sobre a qualidade sensorial da bebida de cultivares de café arábica. O experimento foi instalado no município de Araponga – MG. Em delineamento com blocos casualizados, três repetições e 11 tratamentos. Foram avaliadas as cultivares Araponga MG1, Catiguá MG1, Catiguá MG2, Catiguá MG3, Oeiras MG 6851, Paraíso MG H419-1, Pau-Brasil MG1, Sacramento MG1, H419-3-3-7-16-4-1 e Catucaí Amarelo 24/137 e a Catuaí Vermelho IAC 144 com diferentes níveis de resistência a ferrugem e a cercosporiose. Foram avaliados o vigor(VI), ciclo médio de maturação(CMT), tamanho de fruto(TF) e incidência à ferrugem(IF) e à cercosporiose(IC). Foram coletadas amostras de frutos do tipo cereja e submetidos a secagem via úmida para posterior avaliação das características sensoriais da bebida, sendo considerada apenas a nota total. Os dados foram submetidos a análise de variância e a análise de trilha, para inferir os efeitos diretos e indiretos das características agronômicas sobre as notas totais. O VI apresentou efeito direto de magnitude 0,497 e efeitos indiretos de baixa magnitude. A característica CMT apresentou efeito direto de 0,597, sendo o de maior magnitude, mas baixos efeitos indiretos. O TF apresentou baixos efeitos diretos (0,203) e indiretos ($-0,18<x<0,196$). A IF apresentou o menor efeito direto entre todas as características, sendo de 0,03. Já a IC apresentou efeito direto de 0,439, podendo ser considerado alto. No entanto, ambas as doenças apresentaram altos efeitos indiretos negativos via vigor (-0,423 para ferrugem e -0,415 para cercosporiose). Assim, de acordo com os resultados apresentados, o maior vigor vegetativo proporcionou frutos de melhor qualidade para a bebida. Plantas com maiores CMT apresentaram maiores qualidade da bebida, provavelmente pelo aumento das concentrações de foto-assimilados no fruto. As plantas com resistência a doença tenderam a apresentar menores qualidades de bebida, considerando o efeito direto das doenças. No entanto, estas podem melhorar a qualidade sensorial devido ao efeito indireto sobre o vigor vegetativo.

Apoio: FAPEMIG e CNPq

Avaliação da resistência de cultivares comerciais de soja à patogenicidade da estirpe XAG 2447

NASCIMENTO, E. F.[1]; FONSECA, P. C.[1]; SILVA, L. A.[1]; SOUZA, N. O.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A pústula bacteriana, causada pela fitobactéria *Xanthomonas axono*podis pv. *glycines*, provoca manchas de coloração verde-amarelada que coalescem com o avanço da doença. O principal método de controle da pústula bacteriana é o uso de cultivares resistentes. Para tanto, é imprescindível que o inóculo utilizado possibilite a diferenciação de reações à doença para um controle genético eficaz. O objetivo do trabalho foi avaliar a patogenicidade da estirpe XAG 2447, uma das fontes de inóculo recomendadas pelo MAPA para a avaliação de reação à pústula bacteriana nos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e adaptabilidade. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, onde 109 cultivares comercias foram semeadas em copos plástico de 200 mL preenchidos com substrato HT Hortaliças e alocados à temperatura média 28 °C e UR 70%, no delineamento inteiramente casualizado com três repetições. No estágio R3/R4, o primeiro trifólio completamente desenvolvido de cada unidade experimental foi perfurado com alfinete nº 29 e inoculado via pulverizador com aproximadamente 3,5 mL de suspensão da bactéria XAG2447 (OD_{600} de 0,3). Avaliações com atribuições de notas variando de 1 a 5 foram realizadas 9 dias após a inoculação, de forma que notas baixas representam menor severidade dos sintomas. Foi realizada a análise de variância com os dados obtidos a 5% de probabilidade. A média de notas foi de 1,09 e o coeficiente de variação foi de 25,83 %. O teste F apontou que não há diferença significativa entre as médias de notas relativas à reação à doença pelos cultivares comerciais utilizados. A herdabilidade estimada foi de 13,38% e 0,36 de acurácia seletiva. Dessa forma, podemos inferir que a estirpe XAG 2447 não é adequada para a avaliação de níveis de doença, uma vez que não é capaz de distinguir genótipos que apresentem resistência/suscetibilidade, como ocorre com outras estirpes. Além disso, os baixos valores da acurácia seletiva e herdabilidade revelam a importância da variância ambiental, que influencia sobremaneira a resposta sintomática da soja à pústula bacteriana.

Apoio: CNPq

Avaliação de cultivares de soja submetidas ao déficit hídrico ao início de desenvolvimento

DUARTE, A. B.[1]; FONSECA, P. C.[1]; VIANA, R. M.[1]; RODRIGUES, T. F.[1]; SOUZA, N. O.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de genética de soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Dada a importância assumida pela soja a nível mundial e visto a sensibilidade desta cultura ao déficit hídrico, faz-se necessário uma melhor compreensão no que diz respeito ao comportamento das cultivares frente a este tipo de estresse. Alguns estudos têm sido realizados, especialmente no estádio reprodutivo. No entanto, a restrição hídrica tem contribuído para o atraso do plantio da soja em algumas regiões brasileiras. Nesse sentido, a busca por cultivares que apresentem melhor desempenho quando a seca é imposta na fase inicial, é de extrema importância. Objetivou-se avaliar cultivares de soja submetidas ao déficit hídrico, na fase inicial de desenvolvimento. Para tanto,19 cultivares de soja foram conduzidas em vaso, em casa de vegetação, sob duas condições de disponibilidade hídrica (controle e estresse). A imposição do estresse se deu por meio de pesagem diária dos vasos, conforme metodologia proposta pelo Programa Soja, da Universidade Federal de Viçosa. O estresse foi imposto quando as plantas se encontravam no estádio V1 de desenvolvimento, e se manteve por 15 dias seguidos. Posteriormente, as plantas foram avaliadas quanto à altura da planta, diâmetro do hipocótilo, matéria seca da parte aérea e matéria seca da raiz. Observou-se, de modo geral, que na condição controle, as cultivares apresentaram maiores médias para as variáveis altura da planta e matéria seca de parte aérea e raiz, assim como para diâmetro do hipocótilo. A altura da planta foi fortemente afetada pelo déficit hídrico imposto na fase inicial de desenvolvimento. Sob estresse a média geral foi de 87 cm, ao passo que na condição estresse, houve média de 114 cm. Na condição estresse o diâmetro foi consideravelmente reduzido. As médias obtidas variaram de 1,55 a 1,89 mm, na condição estresse. Os resultados demonstram elevada variabilidade entre as cultivares.

Apoio: CNPq.

Avaliação de genótipos de feijão guandu no norte de Moçambique

PEDRO, C.[1]; BARBOSA I. P.[1]; PONTES, D. S.[2]; SILVA R. P.[1]; CHAGAS F. E.[1]

[1]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Vegetal,
Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Estatística,
Universidade Federal de Viçosa.

O feijão guandu (*Cajanus cajan* L. Millspaugh), também chamado de feijão bóer em Moçambique, é uma leguminosa cultivada nas regiões tropicais e subtropicais. É originária da Índia e seu cultivo apresenta múltiplas vantagens da perspectiva agronómica, socioeconómica e nutricional. Moçambique é um dos maiores produtores e exportadores da cultura e o seu cultivo é tradicional entre os pequenos agricultores do país. O melhoramento dessa cultura ainda é pouco explorado na região. Assim, objetivou-se avaliar características agronômicas de feijão guandu do programa de melhoramento genético iniciado no norte de Moçambique. O experimento foi conduzido em 2017 no Instituto de Investigação Agrária de Moçambique, Centro Zonal nordeste, em dois locais (Montepuez e Namapa), em DBC com três repetições e espaçamento 0,9 x 0,3 m. Foram avaliados os genótipos: LRG41, ICPL87119, BSMR736, ICP8863, ICEAP00557 e ICPL85063. As características avaliadas foram: ramos primários (RP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV), peso de sementes por vagem (PSV), peso total de semente (PTS), peso de 100 sementes (P100S) e rendimento do grão por hectare (REND). Foi realizada a análise de variância e o teste de Tukey a 5% de significância no *software* GENES. Os valores de coeficiente de variação experimental (%) foram: 28,82 (RP), 7,92 (CV), 6,03 (LV), 10,75 (NSV), 16,05 (PSV), 29,25 (PTS), 12,49 (P100S) e 33,78 (REND). Não foi observada interação GxA para as características avaliadas. Para RP, CV, LV, NSV e PSV foram observadas diferenças significativas entre as médias de tratamento, com destaque para o genótipo ICEAP00557 que apresentou maior média para a maioria das características. As caraterísticas PSV, PTS, P100s e REND apresentaram herdabilidade acima de 86%. O efeito de ambiente foi significativo e positivo para P100S em Namapa e para NSV, PTS e REND em Montepuez. Os resultados obtidos serão uteis na tomada de decisão visando o desenvolvimento de cultivares de feijão guandu no programa de melhoramento no norte de Moçambique.

Apoio: BHEARD-MSU, USAD, IIAM-CZnd, Capes, CNPq

Avaliação de genótipos de soja baseada em descritores de precocidade e resistência ao nematoide do cisto da Plataforma GRIN (USDA)

CASAGRANDE, C. R.[1]; RODRIGUES, F. C.[1]; SCHUSTER, A.[1]; NASCIMENTO, E. F.[1]; SILVA, F. L.[1]; BOREM, A.[1].

[1]Laboratório de Genética de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja é considerada a principal espécie leguminosa produtora de grãos no mundo. O Brasil destaca-se na produção mundial de soja, ficando atrás somente dos Estados Unidos, com 117 milhões de toneladas produzidas na safra 2017/2018. No entanto, inúmeros fatores bióticos, como o nematoide do cisto, comprometem a sua produtividade. Nas últimas safras, a ocorrência deste nematoide acentuou-se principalmente nas lavouras do Cerrado brasileiro. Esse aumento é atribuído ao fato de que os agricultores adotaram cultivares mais precoces para escape da ferrugem asiática, no entanto os genes de resistência a cisto não são encontrados nessas cultivares. Diante disso, os objetivos deste trabalho foram identificar genótipos de soja de grupo de maturação relativa (GMR) IV, V e VI e com resistência as raças 1 e 3 de nematoide de cisto para identificação de potenciais genitores. Para tanto, utilizou-se os dados do Banco de Germoplasma da plataforma National Genetic Resources em: https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/descriptors.aspx. Do total de 20.251 genótipos cadastrados para GMR, 4.590 correspondem ao grupo IV, 3.111 o grupo V e 1.737 o grupo VI. Para resistência ao nematoide do cisto raça 1, do total de 1.575, 46 genótipos são considerados resistentes. Enquanto que para a raça 3, do total de 12.775, 86 genótipos são descritos como resistentes. Analisando as três características simultaneamente, dezessete genótipos apresentam todas as características em conjunto, sendo eles: PI 84751, PI 89772, PI 90763, PI 303652, PI 437725, PI 438498, PI 507422, PI 507470, PI 507475, PI 548402, PI 548982, PI 548988, PI 339868 B, PI 404198 A, PI 438489 B e PI 567516 C. A seleção combinada proporcionou estratificar os genótipos que apresentam menor ciclo de cultivo com genes de resistência ao nematoide do cisto. Experimentos devem ser realizados para comprovar sua adaptação edafoclimática nas condições brasileiras de cultivo e os que se mostrarem promissores podem ser selecionadas pelo programa de melhoramento para novas hibridações controladas.

Apoio: CNPq

Avaliação de híbridos crípticos de milho para a região Campos das Vertentes

GLORIA, H. B.[1]; RUY, M.C. [1]; ALMEIDA, B. K. S.[1]; SILVA, M. B. P.[2]; SOUZA, J. C.[1]

[1]Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.
[2] Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

Os programas de melhoramento genético para a cultura do milho usam como estratégia o desenvolvimento de sementes híbridas. Isso pode ser obtido pelo método de obtenção de híbridos crípticos. Os quais são originados da autofecundação dos genitores de híbridos interpopulacionais de destaque em um ciclo seletivo, e esses genitores são semeados em linhas proporcionando novas combinações entre plantas, gerando híbridos crípticos. Neste sentido, progênies S1 oriundas de duas populações provenientes do ciclo 5 de SRR do Programa de Melhoramento Genético de Milho da UFLA foram cruzadas duas a duas gerando os 141 híbridos crípticos avaliados na safra 2017/2018. O experimento foi conduzido em dois locais a área experimental da UFLA e na fazenda Queixada, Lavras – MG, adicionando três testemunhas comerciais (DKB 390 PRO 2, HIBRIDO UFLA JM 100 e 30F53VYHR) com duas repetições. O delineamento utilizado foi látice quadrado simples 12x12, com parcelas de duas linhas de três metros de comprimento, espaçadas de 0,6m e 0,25m entre plantas. Avaliou-se o peso de espigas despalhadas por parcela. Foram realizadas a análises de variância para o caráter e este apresentou diferenças significativas (P>0,05), entre os tratamentos. E a análise conjunta foi realizada com a decomposição da soma de quadrados de ambientes/tratamentos. Foram identificados híbridos com produção acima da média geral em ambos os ambientes. A partir das estatísticas de acurácia e coeficiente de variação, infere-se boa precisão experimental, possibilitando o uso da herdabilidade como parâmetro seguro de identificação do genótipo com base no fenótipo. Neste sentido, foram selecionados os híbridos crípticos superiores na população, os quais também apresentam melhor desempenho comparado as testemunhas que são híbridos comerciais de ótima produção na região. Neste sentido, esses híbridos crípticos apresentam potencial produtivo para serem disponibilizados como novos híbridos para a região avaliada, sendo necessário para isso apenas o VCU (valor de cultivo e uso) para fins de registro junto ao RNC do MAPA.

Apoio: CAPES

Avaliação de populações de base genética estreita de milho em condições contrastantes de nitrogênio

JARDIM, M. E.[1]; ZUFFO, L. T.[1]; FARIA, S. V.[1];CUPERTINO, M. R.[1]; LIMA, N. L.[1]; DE LIMA, R. O.[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A autofecundação de híbridos comerciais de milho para formação de populações de base genética estreita, visando a extração de novas linhagens superiores, é prática comum em programas de melhoramento. A seleção de genótipos eficientes no uso de nitrogênio (N) é essencial para garantir uma boa produtividade e reduzir os custos de produção. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial agronômico de populações de base genética estreita de milho em condições contrastantes de N. Foram conduzidos dois experimentos na Estação Experimental de Coimbra, um em alto N (AN) e outro em baixo N (BN), na safra de 2017/18. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros, espaçadas em 0,80m. Em ambos os experimentos os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura do milho na região, com exceção da adubação nitrogenada de cobertura, que não foi feita no BN. Foram avaliados os seguintes caracteres: florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), teor de clorofila na folha (SPAD), altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE), prolificidade (PRL), área foliar (AF, cm^2) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando significativos pelo teste F, tiveram as médias comparadas pelo teste DMS-t. O coeficiente de variação foi de 1,62%(FM) a 20,70% (PG) em BN e 1,47% (FF) a 12,49% (PG) em AN, o que mostra boa precisão experimental. Houve significância ($P<0,05$) para os caracteres FM, FF, AP, AE e AF, em BN, e para FM, FF, AE, AF e PG, em AN. Em BN, as médias de FM e FF foram 71 dias. O valor médio de AP foi 192 cm e de AE 103 cm. PG apresentou média de 5417,5 kg ha^{-1}. Enquanto que, em AN, FM e FF apresentaram média de 72 dias. O valor médio de AE foi de 100 cm. A média de PG foi de 6.512kg.ha^{-1}. As populações F2 dos híbridos P4044 e BM3061 se destacaram como as mais produtivas. Conclui-se que, em AN, as populações diferenciam-se entre si e há populações com potencial para serem usadas como fonte de linhagens endogamicas para futura obtenção de híbridos superiores.

Apoio: Ao CNPq, CAPES, FAPEMIG e FUNARBE

Avaliação de resistência e suscetibilidade de cultivares de soja à pústula bacteriana

FONSECA, P. C.[1]; CARVALHO, N. T.[1]; SILVA, L. A.[1]; SOUZA, N. O.[1]; DUARTE, A. B.[1]; SILVA, F. L.[1.]

[1]Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A pústula bacteriana, doença foliar que acomete a soja (*Glycine max* (L.) Merr.), tendo como agente causal *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*, leva ao desenvolvimento de halos amarelados. O avanço da doença pode causar a desfolha da planta e perdas de até 40% da produção, caso cultivares resistentes não sejam utilizadas. Assim, é de extrema importância a identificação das cultivares quanto à resistência e suscetibilidade ao patógeno. O objetivo do trabalho é avaliar a reação de cultivares comerciais à patogenicidade da *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*, estirpe patótipo para uso em GWAS. O experimento foi realizado em casa de vegetação, utilizando copos plástico de 200 mL preenchidos com substrato HT Hortaliças para plantio de 109 cultivares comercias, empregando delineamento DIC com três repetições. A temperatura e UR médias foram 28 °C e UR 70%, respectivamente. O primeiro trifólio completamente desenvolvido foi perfurado com alfinetes e 3,5 mL da suspensão do inóculo pulverizada (OD_{600} de 0,3) por planta. A avaliação foi realizada 9 dias após a inoculação aplicando escala de notas de 1 a 5, de forma que notas mais altas representam maior severidade dos sintomas. O software Genes foi usado na análise de variância, e o teste Scott-Knott a 5% de probabilidade no agrupamento das médias. O teste F apontou que há diferença significativa entre as médias de notas relativas à reação à doença pelos cultivares comerciais utilizados. O teste Scott-Knott agrupou as 109 cultivares em 4 diferentes grupos, sendo que 68% das cultivares foram alocadas no grupo de maior suscetibilidade ao patógeno. Dessa forma, foi verificado que as cultivares comerciais utilizadas na avaliação de resistência e suscetibilidade são, em sua grande maioria, suscetíveis à pústula bacteriana, apresentando variabilidade de níveis de sintoma, o que contradiz estudos anteriores que enfatizam o caráter monogênico da doença.

Capacidade combinatória de linhagens de milho-pipoca sob condições de estresse hídrico para índice de verde

LIMA, V. J.[1]; KAMPHORST, S. H.[1]; BISPO, R. B.[1]; SANTOS, T. O.[1]; LEITE, T. L.[1]; AMARAL JUNIOR, A. T.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

O índice de verde (SPAD) permite quantificar o conteúdo de verde em que estão os tecidos vegetais e esses valores são indicativos de sua funcionalidade. Os valores de SPAD decrescem mais rapidamente em condições de estresse, sendo uma ferramenta importante no diagnóstico de genótipos mais tolerantes a seca. O objetivo do presente trabalho foi estimar a capacidade combinatória de linhagens de milho-pipoca sob condições de déficit hídrico para o índice de verde. Para tanto, foram obtidos 45 híbridos do cruzamento entre 10 linhagens, em esquema de dialelo completo sem recíproco (modelo II de Griffing). Por meio deste, estimou a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC). O experimento foi conduzido na Estação Experimental do Colégio Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, RJ. O delineamento experimental foi blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela constitui-se de uma linha de 4,4 m, espaçadas em 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas, totalizando 23 plantas por linha. A condição de estresse hídrico foi estabelecida com o corte da irrigação aos 45 dias após plantio, em fase de pré-florescimento. O SPAD foi estimado aos 90 dias após o plantio, por meio de três leituras realizadas no terço médio da terceira folha abaixo da folha bandeira, de três plantas na parcela, com auxílio de medidor portátil de clorofila modelo SPAD–502 "*Soil Plant Analyser Development".* Os resultados do presente estudo foram significativos para os efeitos da CGC e da CEC ao nível de 1% de probabilidade. As linhagens L65, L71, P2, P3 e P7 apresentaram CGC positivo para SPAD ($\hat{g}_i$ = 1,02; 1,74; 2,51; 3,42 e 1,94, respectivamente) e devem proporcionar uma taxa de senescência mais lenta da folha do milho-pipoca quando submetido ao estresse. O híbrido L65 x L76 ($\hat{S}_{ij}$ = 8,80) foi o híbrido com a maior CEC, o qual apresentou melhores condições de manutenção dos tecidos vegetais. Portanto, indica-se o híbrido L65 x L76 e a utilização dos genitores com CGC positiva como possíveis candidatos para manutenção da funcionalidade dos tecidos vegetais e por conseguinte manutenção da produtividade de milho-pipoca sob condições de estresse hídrico.

Apoio: Capes e FAPERJ

Capacidade de combinação entre híbridos comercias de milho avaliados em condições de baixo nitrogênio

LUZ, L. S.[1]; RODRIGUES, H. M.[1]; MITTERHOFER N. E. P. L. C.[1]; PRIMO, R. A.[1] JOMAA, S. A.[1]; DELIMA, R.O.[1]

[1]Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa

A seleção de genitores é uma das etapas primordiais em um programa de melhoramento de plantas. O cruzamento dialélico é um dos principais métodos para a identificação de genitores em melhoramento de milho. Através desse método é possível estimar a capacidade de combinação entre os progenitores. A capacidade de combinação é que determina o potencial do cruzamento e resulta em uma maior eficiência no programa de seleção. O objetivo deste trabalho foi estimar a capacidade de combinação entre híbridos comerciais de milho em condições de baixo nitrogênio. Para isso, avaliou-se 45 populações provenientes de um cruzamento dialélico completo entre dez híbridos comerciais de milho. O experimento foi realizado na estação experimental de Coimbra, MG, safra 2017/2018. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições. Cada Parcela constituiu-se de duas linhas de cinco metros, espaçadas entre se em 0,80m. Todos os tratos culturais foram realizados de acordo com a recomendação para cultura do milho na região, exceto a adubação nitrogenada de cobertura, que não foi realizada. A produtividade de grãos (PG kg ha^{-1}) foi o caractere utilizado para estimação da capacidade de combinação geral (CGC) e específica (CEC) dos genitores. Os dados foram submetidos à uma análise dialélica pelo método de Griffing (1956), modelo 4 (apenas híbridos F1's). Tanto o efeito de CGC como de CEC foram significativos ao teste F ($P<0,01$). A média de produtividade das populações foi de 6.417 Kg ha^{-1}. Os híbridos que apresentaram maior CGC foram BM3061 (768,46), NS70 (765,56) e XB8018(402,93), todos estatisticamente diferente de zero pelo teste t ($P<0,1$). As combinações hibridas que obtiveram maiores valores de CEC foram GNZ7201xSHS4070 (1802,31), BRS1060xSHS4070 (1520,98) e BM3061xBG7049 (1354,06), também estatisticamente diferente de zero. Conclui-se que os híbridos BM3061, NS70 e XB8018 mostram-se promissores para formação de populações base em condições de baixo N, e que o padrão heterótico mostrado entre alguns híbridos podem ser explorados para obtenção de novos híbridos oriundos de linhagens extraídas de populações formadas de híbridos que apresentaram alta CEC.

Apoio: CNPq e Fapemig

Capacidades Geral e Específica de Combinação em Híbridos de Milho-pipoca Sob Níveis Contrastantes de Fósforos

SANTOS JUNIOR, D. R. [1] ;GERHARDT, I. F. S.[1]; LEITE , J. T.[1]; LIMA, V. J.[1]; BISPO, R. B.[1]; AMARAL JÚNIOR, A. T.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal – LMGV- Universidade Estadual Norte Fluminense 'Darcy Ribeiro'.

O fósforo (P) é um macronutriente de importância para a maioria das espécies cultivadas. Trata - se de um recurso não renovável, este trabalho teve como objetivo estimar as capacidades gerais especifica de combinação de um conjunto de híbridos de milho - pipoca e seus parentais, a fim de inferir os efeitos genéticos aditivos e não aditivos. Para este trabalho foram selecionadas três linhagens eficientes e responsivas, três ineficientes e não responsivas e duas como intermediárias na eficiência no uso do P. Para obtenção dos híbridos, os cruzamentos seguiram o esquema de dialeto completo. Os ensaios de avaliações foram conduzidos no verão de 2015/2016 em dois locais, nos municípios Itaocara e Campos dos Goytacazes – RJ, cada local com dois ambientes contrastantes quanto à disponibilidade de P, o delineamento experimental aplicado foi látice triplo 6x6. A análise dialética da capacidade combinatória utilizada foi o método 2 do modelo proposto por Griffiing. O desdobramento dos genótipos nas capacidades combinatórias revelou significância no efeito da CGC para as características AP, FM, FF, TE, DE, P100, PROD, CE e VP nos ambientes de baixo e alto nível de P, evidenciando a presença de efeitos aditivos na expressão dessas características, posto que pelo menos um dos genitores deferiu dos demais em relação à quantidade de alelos favoráveis de efeitos aditivos para as características. Foi observado efeito significativo na CEC para as características AP, AE, FM, TE, DE, PROD e VP nos ambientes de baixo e alto P, indicando que os efeitos gênicos não aditivos exercem influência na expressão dessas características. No ambiente com alto fósforo, o efeito de CEC para as características FF e P100 foi significativo, e não significativo no ambiente de baixo P. Para a CE, a estimativa da Φg foi superior em relação à de Φs para os ambientes de baixo e alto nível de fósforo no solo, revelando maior importância os efeitos gênicos aditivos na expressão da característica. A melhor estratégia para obtenção de genótipos eficientes e responsivos no uso do P consiste na exploração da heterose, por meio do uso de genitores que proporcionem um acúmulo de genes aditivos para a CE.

Apoio: CAPES e FAPERJ.

Características de vagem e sementes de cultivares de soja sujeitas a estresse hídrico

CARVALHO, N. T. [1]; SILVA, L. A.[1]; ROHR, L. A. [1], MOURA, L. O. [1], SILVA, M. G. B. [1;] SILVA, F. L. [1]

[1] Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja é a commodity de maior evidência no âmbito econômico brasileiro. Devido a grande diversidade do uso da oleaginosa, a área destinada ao cultivo de soja vem aumentando anualmente fim de atender tamanha demanda. Porém, as mudanças meteorológicas transcorridas nas últimas décadas e a consequente irregularidade no volume de chuvas torna restrita a disponibilidade hídrica para principalmente práticas agrícolas possuindo influência direta na produtividade da cultura. Para responder à demanda programas de melhoramento genético buscam lançar cultivares que detenham elevadas capacidades produtivas em cenários de escassez hídrica. Este estudo teve como objetivo verificar a existência significativa de cultivares de soja entre controle e submetidas a estresse por seca analisando o número de sementes e massa de grãos. O experimento foi conduzido na cidade de Viçosa-MG em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, no verão de 2018. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados, com dois tratamentos sendo um com irrigação próxima a capacidade de campo e outro mantido próximo ao ponto de murcha permanente, três blocos e 100 genótipos distintos, totalizando 600 unidades experimentais. Em que cada unidade experimental constituiu-se de um vaso com uma planta cada. Os tratamentos de manejo de irrigação foram calculados com base na curva de retenção de água no solo. As plantas foram avaliadas quanto ao número de grãos bem como a massa de grãos. A partir das análises feitas em relação ao número de sementes e massa de grãos pode-se inferir que em ambas não houve efeito significativo para a interação Cultivar x Tratamento (Controle e Estresse). Enquanto que houve efeito significativo dentro de cultivar e em tratamento. Portanto pelo menos uma cultivar difere das demais, e também há diferença entre as médias de Controle e Estresse.

Apoio: GDM, FUNDAÇÃO ARTHUR BERNARDES (UFV)

Caracterização de sementes provenientes de genótipos de macaúba de diferentes procedências

NOGUEIRA, P. T. S.[1]; SILVA, T. C. [1]; MOTOIKE, S. Y. [1]; ANDRADE, A. C. B.[2]; PINHEIRO, A. X. [1]; CAETANO, D. D. N. [1]

[1]Laboratório de Pós-Colheita de Macaúba, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Biologia, Universidade Federal de Viçosa

A macaúba se destaca pela sua elevada produtividade em óleo. Se encontra dispersa por todo território brasileiro e possui a característica de se adaptar em condições edafoclimáticas adversas devido sua plasticidade fenotípica. Em processo de domesticação, a variabilidade dos genótipos de macaúba de procedências distintas pode ser obtida por meio de cruzamentos para auxílio da fase de seleção do programa de melhoramento. Por isso, objetivou-se analisar as características morfológicas de sementes oriundas dos cruzamentos entre plantas de diferentes procedências. No Banco de Germoplasma de Macaúba foram realizadas hibridações entre acessos contrastantes fenotipicamente com origem em MG, MS, NE e SP; autofecundação e polinização natural. Avaliou-se as sementes provenientes dos cruzamentos: NE_RxMG_P, NE_RxNE_P, MS_RxMG_P, MS_RxNE_P, MS_RxMS_P, SP_RxSP_P, SP_RxMS_P, SP_RxMG_P, MG_RxMS_P, MG_RxNE_P, MG_RxMG_P, SP_{Aut}, MG_{Aut}, MS_{Aut}, SP_{PN}, MS_{PN}, MG_{PN} (r e p: receptora e doadora de pólen; pn: polinização natural). O experimento foi disposto em DIC. Avaliou-se os caracteres quantitativos e qualitativos: comprimento, largura das sementes, tipo de superfície e coloração. As médias para as características avaliadas foram submetidas a técnica exploratória multivariada de componentes principais. Esta analise gerou dois componentes principais, formando dois grupos distintos em relação as características. Um grupo composto por: NE_RxMG_P, NE_RxNE_P, MG_RxNE_P, MG_RxMS_P, MG_{Aut}, MG_{PN} e NE_{PN}, se caracterizou pelo maior tamanho, a coloração clara e superfície lisa. O outro grupo, que predomina as plantas de MS, com MS_RxMG_P, MS_RxMS_P, MS_{Aut} e MS_{PN}, se caracteriza pelo aspecto rugoso, coloração escura e menor tamanho. Os demais, SPRxSPP, SP_RxMS_P, SP_RxMG_P MG_RxMG_P, MS_RxNE_P apresentam características intermediárias entre plantas de procedências de MG, NE/NO e MS. As características das sementes provenientes dos cruzamentos se diferiram em relação a procedência geográfica da planta mãe. Este trabalho se faz pioneiro na avaliação destas características e indica à necessidade de continuação das análises para incrementar a diversidade genética e a obtenção de sementes F1's para contribuição do programa de melhoramento.

Apoio: CNPq

Caracterização físico-química de genótipos de morangueiro (*Fragaria x ananassa)*

PINHEIRO, D. F.[1]; RESENDE, J.T. V[1], ZEIST, R.A.[1]; DINIZ, F. C. P[1], CÓRDOVA, K.R. V[2], LUSTOSA, S.B.C.[3]

[1]Laboratório de Fisiologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste.
[2]Departamento de Engenharia de Alimentos, Universidade Estadual do Centro Oeste.
[3]Departamento de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste.

O morango (*Fragaria* x *ananassa Duch*), é um fruto de grande valor comercial e mundialmente consumido. Ele é valorizado também pela sua cor vermelha, textura suculenta, aroma distinto e sabor doce. Considerando as informações mencionadas acima, o objetivo do presente trabalho foi analisar as características pós-colheita de pH e cor, na seleção de novos híbridos. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, Guarapuava – PR. Foram pesquisados 20 híbridos oriundos do cruzamento da cultivar Monte Rey x RVFS16. Foram analisados o teor de pH e cor. Para determinação do pH foi utilizado um potenciômetro digital de modelo mPA-210, calibrado com soluções-tampão com realização de leitura direta da polpa homogeneizada e filtrada. E a avaliação colorimétrica mensurada pelo Sistema CIE L*a*b, em colorímetro com iluminante C ou D65 e ângulo 10º, previamente calibrado. Os parâmetros analisados foram: L*, a* e b*. A variação da coloração (ΔE) = $[(\Delta a)^2+(\Delta b)^2+ (\Delta L)^2]^{1/2}$. Os resultados obtidos no presente estudo foram angariados em triplicata, e foram analisados por Análise de Variância (ANOVA), e as médias foram submetidas ao teste de comparação de médias, pelo Teste de Tukey com p <0,05. Em relação a coloração instrumental da amostra, os valores de L* obtiveram média de 34,25, sendo que o híbrido “RVSFM 1” destacou-se dos demais, com maior média, estes resultados indicam que esses híbridos possuíam coloração vermelho escuro, acima dos demais encontrados comercialmente. E os valores médios de a* mostrou-se de que o híbrido “RVFSM 14” sobressaiu-se dos demais com maior média, e em relação aos valores de b* e o híbrido “RVFSM 11” obteve menor média, o que indica que ele se destacou por possuir maior intensidade do azul e não do amarelo. E em relação ao pH, os dados obtidos demonstram que o híbrido “RVFSM 11” destancando-se significativamente dos demais, com média 4,15. Com os dados expostos, podemos observar de que os híbridos que apresentaram melhores características para seguir ao programa de melhoramento genético foram o “RVFSM 11”, “RVSFM 1” e “RVSFM 14”.

Caracterização morfoagronômica de germoplasma de abóbora do BGH-UFV visando à seleção de genótipos com elevada produção de azeite das sementes

CRUZ, C.E.O. [1]; GOMES, R. S.[1]; MACHADO JUNIOR, R.[1]; ALMEIDA, C. F. DE[1]; DE OLIVEIRA, R. L. [1]; DA SILVA, D. J. H[1]

[1]Laboratório de Manejo de Recursos Genéticos, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Constituído por mais de 70% de ácidos graxos insaturados e com um elevado teor de componentes bioativos, o azeite das sementes de abóbora (*Cucurbita moschata* D.), consiste em uma boa alternativa para a alimentação humana. O Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV mantém mais de 350 acessos de *C. moschata, e* tem identificado em seus trabalhos de caracterização elevada variabilidade para as características de produção de sementes e azeite. Assim, o objetivo deste estudo foi caracterizar morfoagronomicamente parte dos acessos de *C. moschata* do BGH-UFV visando a seleção de genótipos com elevada produção de azeite das sementes. O experimento foi conduzido na "Horta Velha", na UFV, no período de janeiro a abril de 2016. Foram avaliados 148 acessos de *C. moschata* desse Banco e o delineamento adotado foi o de blocos aumentados de Federer, com cinco repetições para as testemunhas. Os genótipos foram avaliados quanto ao número de frutos por planta, a massa de sementes por fruto e massa de cem sementes, e quanto à produtividade de semente e do azeite de sementes. A matriz de distância entre os genótipos foi obtida por meio da distância euclidiana média padronizada e análise da variabilidade morfoagronômica realizada pelo método de agrupamento de Tocher. A partir disso, cada variável de semente foi analisada por meio do agrupamento univariado de Tocher, o que permitiu obter as informações de divergência entre os grupos e as suas respectivas médias. Ao analisar a média dos grupos para cada característica, observou-se que para a massa de sementes por fruto (MSF), os grupos 19 e 22 tiveram as maiores médias, 19.42 e 18.70g, respectivamente. As maiores produtividades de sementes (PS) corresponderam aos grupos 25 e 5, com produtividades de 0,83 e 0.82 ton. $ha^{-1,}$ respectivamente. Os grupos 25 (0.14 ton. ha^{-1}) e 5 (0.16 ton. ha^{-1}) também tiveram as maiores produtividades de azeite da semente (PA). Conclui-se que as maiores médias para a PS e PA foram observada nos grupos 25 e 5, os quais consistem em grupos promissores para a seleção de genótipos com elevada produção de azeite das sementes.

Apoio: Capes, CNPq e FAPMIG

Clones de café conilon variedade Vitória avaliados na Zona da Mata de Minas Gerais

COSTA, T. L.[1]; CAVALCANTE, V. S.[2]; MOURA, W. M.[2]; FERREIRA, T. C.[2]; PEREIRA, M. G.[1]; GIARDINI, R. M.[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa
[2]EPAMIG Sudeste

O cultivo de café conilon possui grande potencial de expansão no estado de Minas Gerais principalmente nas regiões de altitudes mais baixas onde se encontram temperaturas maiores, inaptas ao cultivo do café arábica. O sucesso dessa implementação depende da seleção de materiais genéticos mais adaptados as condições edafoclimáticas existentes na Zona da Mata Mineira. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho dos clones que compõem a variedade Vitória de café conilon em sistema de cultivo convencional e selecionar os mais promissores para o plantio nessa região. O experimento foi instalado no campo experimental da EPAMIG, Leopoldina, em delineamento de blocos casualizados com 13 clones e 4 repetições. Em 2018, foram avaliadas as seguintes características: severidade da ferrugem, severidade da cercosporiose, severidade do ataque de bicho-mineiro, vigor vegetativo, arquitetura, porte, ciclo, intensidade da seca de ponteira, maturação dos frutos, percentagem de frutos com lojas vazias e produtividade (em litros convertida para sacas de café beneficiado/ha). Os dados foram submetidos a análise de variância e as medias agrupadas pelo teste Skott-Knott a 5% de probabilidade. Em relação à severidade da ferrugem e cercosporiose, a maioria dos clones apresentou folhas com poucos sintomas e lesões. Quanto ao porte, arquitetura, vigor e produtividade houve maior variabilidade entre os clones, sendo possível separá-los em 3 grupos para cada característica. Adicionalmente, cerca de 70% dos clones apresentou ciclo precoce e 77% maturação desuniforme. Os clones não diferiram quanto a intensidade da seca de ponteira, severidade do ataque de bicho-mineiro e percentagem de frutos com lojas vazias, apresentando baixa ocorrência, poucas lesões e índice abaixo do aceitável, respectivamente. Há variabilidade entre os clones para as características avaliadas que podem ser utilizadas em programas de melhoramento. Os clones C4, C5, C7 e C9 da variedade Vitória apresentaram alta produtividade e baixa incidência das principais doenças e pragas que influenciam o rendimento dos cafeeiros, apresentando alto potencial de cultivo na região da Zona da Mata Mineira.

Apoio: Consorcio Pesquisa Café, Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Comportamento agronômico de linhagens de feijão carioca no ciclo I de seleção recorrente desenvolvidos na UFV, em Coimbra, MG, na safra 2017

DIAS, F. S.[1]; TRINDADE, T. F. H.[2]; DIQUE, J. E. L.[2]; MOREIRA, J. V. C.[1]; BUSATTE, W. A. B.[1]; CARNEIRO, J. E. S.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento de Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Melhoramento de Feijão, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação de caracteres agronômicos em linhagens é importante, pois faz parte de uma etapa crucial do programa de melhoramento. È necessário que sejam feitas estas avaliações, para que se façam seleções para a continuação do ciclo de seleção recorrente. Esse método de melhoramento é um dos mais aplicados no melhoramento de feijão. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento agronômico de linhagens de feijão carioca. Foram avaliados 225 linhagens de feijão, advindas da seleção das 12 melhores famílias do ciclo I. O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Coimbra, pertencente ao Departamento de Fitotecnia, UFV na safra 2017. Foi utilizado o delineamento em látice com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de dois metros de comprimento, espaçadas em 0,5 m. Os caracteres avaliados foram: arquitetura da planta, aspecto e produtividade de grãos (PG, kg h^{-1}). Os dados foram submetidos à análise de variância. Para todos os caracteres o látice se mostrou eficiente. O coeficiente de variação experimental foi de 13,8%, 14,5%, e 15,2% para aspecto de grão, arquitetura e produtividade, respectivamente, o que indica boa precisão experimental para os caracteres avaliados. A média geral para PG, foi de 1108, 12 kg $há^{-1}$, respectivamente. Doze linhagens apresentaram PG acima de 1001 kg h^{-1}, para aspecto de grão e arquitetura também obteve-se médias baixas (1,58 e 1,99), apresentando plantas eretas e com aspecto de grãos satisfatórios. Conclui-se que há linhagens com bom desempenho agronômico que podem ser utilizadas para próximos ciclos de seleção recorrente de feijão carioca, e posteriormente, serem introduzidas em ensaios de VCU.

Apoio: CNPq, Capes e Fapemig

Comportamento meiótico e viabilidade polínica de *Costus arabicus* L. (Costaceae), uma espécie ornamental

SANTOS, B. N. V. [1]; MACEDO, W. A.[2]; MELLO, V. S.[2]; FERNANDES, L.[2]; ROCHA, V. D.[3]; KARSBURG, I. V.[2]

[1] Laboratório de Citogenética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Laboratório de Citogenética e Cultura de Tecidos Vegetais, Departamento de Biologia, Universidade do Estado de Mato Grosso.
[3] Laboratório de Biologia Molecular e Filogeografia, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

Costus arabicus L. (Costaceae), é uma espécie herbácea com potencial ornamental, sendo cultivada em jardins ou vasos. Com aumento do comércio produtos de floricultura tem sido desenvolvidos vários programas de melhoramento para obtenção cultivares que atendem as exigências do mercador consumidor. A viabilidade polínica é uma ferramenta que permite a escolha de genótipos superiores para programas de melhoramento, e os grãos de pólen viáveis influenciam diretamente o sucesso de cruzamentos controlados. Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivo estimar a regularidade da meiose e a viabilidade dos grãos de pólen de *Costus arabicus* com uso de dois corantes (fucsina e verde malaquita). Para análise meiótico foram preparadas lâminas pela técnica de esmagamento das anteras, as quais foram coradas com orceína acética 2%. Foram avaliadas dez lâminas, sendo contabilizadas 300 células/lâmina, totalizando 3000 produtos pós-meiótico (mônades, díades, tríades, tétrades, políades e sextíade). O índice meiótico (IM) foi calculado utilizando a seguinte formula: IM = [(número total de tétrades normais) / (número total de mônades + díades + tríades + tétrades + políades+ sextíade)] x 100. Para a viabilidade polínica foram utilizados os corantes fucsina e verde malaquita, empregando-se a mesma técnica usada no IM. Foram confeccionadas dez lâminas para cada corante, sendo contabilizadas 300 células por lâmina. O índice meiótico de *C. arabicus* foi de 65,33%, apresentando maior número de células em tétrade, o que indica um processo meiótico regular. Ao utilizar o corante fucsina, foi observado maior percentual de viabilidade 94,60%. Em relação ao verde malaquita, a média de pólens viáveis foi de 80,66%. Houve uma coerência entre as estimativas de índice meiótico e viabilidade polínica, uma vez que alta quantidade de pólens viáveis está refletindo a regularidade do processo de meiose. Conclui-se que espécie *C. arabicus* apresenta bom índice meiótico e alta viabilidade polínica (acima de 80%) independentemente do corante utilizado.

Apoio: CAPES

Correlação entre caracteres em híbridos comerciais de milho

FILHO, V. S. M.[1]; SOUSA, A. M. B. C.[1]; SANTOS, A. L.[1]; RODRIGUES, M. C.[1]; LIMA, N. L. [1]; DE LIMA, R. O. [1]

[1]Universidade Federal de Viçosa.

As correlações indicam a dependência linear entre caracteres agronômicos e podem ser exploradas para a seleção indireta ou índices de seleção. Sendo assim, a correlação é uma importante ferramenta usada para a formação de estratégias de seleção que favoreçam programas de melhoramento a obterem bons resultados em ganho de seleção. Assim, o objetivo desse trabalho foi analisar as correlações fenotípicas entre caracteres de híbridos comerciais de milho. Para isso, 140 híbridos comerciais foram avaliados na Estação Experimental de Coimbra - MG, pertencente a Universidade Federal de Viçosa, na safra 2017/18. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos (alfa-látice 14x10) com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,8m. Todos os tratos culturais foram feitos conforme as recomendações técnicas para a cultura do milho na região. Os caracteres avaliados foram: florescimento feminino (FF, dias); florescimento masculino (FM, dias); área foliar (AF, cm^2); altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm); teor de clorofila na folha da espiga (SPAD); prolificidade (espigas $plantas^{-1}$) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). As análises estatísticas foram feitas com o emprego da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). Foram estimadas as correlações de Pearson entre as médias fenotípicas dos caracteres e essas foram pelo teste t. Dentre os caracteres, FM correlacionouse com FF (0,88), PRL (0,23), AF(0,22), AP(0,39) e AE (0,43), indicando que híbridos mais baixos foram mais precoces. PG apresentou correlação com AF (0,18), AP (0,39) e AE (0,29), o que indica que genótipos com maior AP foram, em geral, os que apresentaram maiores PG. Conclui-se que existem correlações significativas de magnitude moderadamente alta entre caracteres de interesse, indicando a possibilidade de ganhos com seleção indireta para estes.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e FUNARBE

Correlação fenotípica entre teores de óleo e proteína em sementes de soja [*Glycine max* (L.) Merr.]

SILVA, J. N. B.[1]; BERNARDELI, A. M. A. [2]; LORENZONI, R. M.[3]; CARDOSO, J. K. F.[1]; AGUIAR, R.[1]; DAL-BIANCO, M.[1]

[1]Laboratório de Bioquímica e Genética Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Bioquímica e Genética Molecular de Plantas, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Departamento de Produção Vegetal, Universidade Federal do Espírito Santo.

A soja (Glycine max (L.) Merrill) é uma importante cultura em todo o mundo e o grão é composto em média por 80% de proteína e 20% de lipídeo. Os programas de melhoramento da soja têm focado no desenvolvimento de cultivares produtivas com aumento no teor de proteína e óleo. Entretanto, o aumento do teor relativo de óleo é complicado devido a sua alta correlação negativa com o teor de proteína, o que torna desafiador o aumento simultâneo dessas características nas linhagens comerciais. O objetivo do trabalho foi estimar o coeficiente de correlação fenotípica (r) entre os percentuais de óleo e proteína de sementes de soja. O ensaio de campo foi estabelecido na estação experimental Horta Nova-UFV (UEPE-UFV) - Viçosa-MG, sendo o plantio realizado em novembro de 2017. Foram avaliadas 100 famílias $F_{2:4}$ de soja, derivadas do cruzamento entre dois acessos do banco de germoplasma do Programa de Melhoramento da Qualidade da Soja do BioAgro-UFV (PQMS-SUPR e PMQS-08). A fenotipagem consistiu em analisar o conteúdo de óleo por espectrometria de infravermelho próximo (NIR). Os teores de óleo e proteína obtidos foram convertidos para percentuais em base seca. O software GENES foi utilizado para a execução do estudo de correlação entre os caracteres teor de óleo e proteína, em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. Foi observada alta correlação negativa entre os dois caracteres (r = -0.68). A existência dessa correlação inversa já se encontra bem documentada na literatura e em geral, progênies com alto teor de proteína apresentaram valores inferiores ao teor de óleo no grão. Sendo assim, a seleção para o aumento da média de um dos caracteres citados tende a decrescer a média do outro. Programas de melhoramento de soja podem, alternativamente, executar projetos de aumento de proteína e óleo separadamente, mas de forma paralela aos projetos de aumento de produtividade para obtenção de progênies superiores e lançamento destas como cultivares comerciais.

Apoio: CAPES, FAPEMIG e Caramuru Alimentos

Correlações canônicas entre componentes de produtividade e caracteres de arquitetura de plantas em híbridos comerciais de milho

LIMA, N. L.[1]; JOMAA, S. A.[1]; SIMÕES, E. L.[2]; RODRIGUES, I. C. L.[1]; REZENDE, W. M.[1]; DE LIMA, R. O.[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]UFAM/Humaitá - AM/Brasil.

O conhecimento da relação entre caracteres permite maior eficiência no melhoramento genético de caracteres de baixa herdabilidade. As correlações canônicas permitem estimar a máxima correlação entre dois grupos de caracteres. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar as correlações canônicas entre componentes de produtividade e caracteres de arquitetura de plantas em híbridos comerciais de milho. Para isso, foram avaliados 140 híbridos comerciais de milho nas estações experimentais do Aeroporto (Viçosa-MG) e de Coimbra (Coimbra-MG), na safra de 2017/18. O delineamento experimental usado foi blocos incompletos (alfa-látice 14x10), com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,8 m. Foram avaliados dois grupos de caracteres. O grupo 1, referente aos componentes de produtividade: comprimento de espiga (CE, cm); profundidade de grão (PF, mm); número de fileiras da espiga (NF); número de grãos por fileira da espiga (NGF); peso de 200 grãos (P200, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). O grupo 2, referente aos caracteres de arquitetura de plantas: florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias); área foliar (AF, cm^2); teor de clorofila na folha da espiga (SPAD); altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm); diâmetro do colmo (DC, mm); número de nós abaixo da espiga (NNBE) e acima da espiga (NNAE). Os dados foram submetidos à análise de multicolinearidade dentro de cada grupo e, em seguida, foram estimadas as correlações canônicas entre os grupos. A análise de multicolinearidade constatou colinearidade fraca em ambos os grupos, o que não constitui problema sério à análise. Nenhum dos seis pares canônicos estimados foi significativo pelo teste de qui-quadrado (P>0,05), indicando que não foram detectadas inter-relações entre os complexos de caracteres. Conclui-se que não existe relação significativa entre o grupo de componentes de produtividade e o grupo de caracteres de arquitetura de plantas avaliados.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e FUNARBE

Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de genótipos de soja em condição de estresse hídrico

RODRIGUES, F. C.[1]; NASCIMENTO, H. R. [1]; CAVALIN, I. C. [1]; BAPTISTELLA, M. G. [1]; SILVA, F. L. [1]

[1]Laboratório de Oleaginosas, Departamento de Fitotecnia,
Universidade Federal de Viçosa.

A soja (*Glycine Max)* é uma cultura de grande importância na economia mundial. Atualmente, um dos problemas enfrentados pelos agricultores é a baixa disponibilidade de genótipos tolerantes ao estresse hídrico, o que limita a produtividade e dificulta a condução da cultura em certas regiões do país. O estresse hídrico compromete a morfologia e o desenvolvimento da planta, portanto, a avaliação de caracteres agronômicos é de grande valia para entender o comportamento de genótipos de soja quanto a sua adaptação frente ao estresse hídrico. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar as correlações fenotípicas entre características avaliadas em diferentes genótipos de soja com e sem estresse hídrico. O experimento foi conduzido na casa de vegetação no campo experimental Diogo Alves de Melo, na Universidade Federal de Viçosa. O experimento foi delineado em blocos casualizados (DBC), com três blocos, quinze genótipos e dois tratamentos baseados na capacidade de campo: T1= controle (-33 kPa) e T2= estresse (-900 kPa). As características agronômicas avaliadas foram: massa de semente (MS), massa de vagem (MV), massa da haste (MH), massa da raiz (MR) e número de sementes (NS). Os tratamentos foram aplicados durante 15 dias no estádio R5. Para realização das análises foi utilizado o utilizando o software R. As correlações foram estudadas separadamente para cada tratamento. Para o T1 as correlações, em geral, foram baixas ou não houve correlação. A maior correlação no T1 pode ser verificada entre as variáveis MR e MH (0,665), seguida pela correlação entre MV e NS (0,635). Já para T2 a maior correlação ocorreu entre as variáveis MV e NS (0,740), seguido pelas correlações entre MV e MH (0,691) e MV e MS (0,663). Com estes resultados observa-se que, apesar da baixa correlação, há uma maior correlação para as variáveis no T1 em relação ao T2. Também é possível observar que houve correlação entre as variáveis MH e NS em ambos os tratamentos, sendo que, para o T2 a correlação foi maior, ou seja, sob condições de estresse hídrico houve uma maior associação linear entre estas variáveis.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico

Cultivares de soja submetidas ao déficit hídrico simulado em laboratório

DUARTE, A. B.[1]; NASCIMENTO, J. A. R.[1].; FONSECA, P. C.[1]; CARVALHO, N. T.[1]; SILVA, L. A.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de genética de soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja (*Glicine Max* L.) é uma das culturas mais importantes em todo o mundo, em virtude do seu elevado teor de proteínas e óleos vegetais. Dada a sensibilidade da cultura frente ao déficit hídrico, estudos que visem compreender o efeito deste estresse, em diferentes cultivares de soja, especialmente no se refere a características inerentes ao sistema radicular, são encorajados. Assim, objetivou-se com o presente estudo, avaliar a morfologia radicular de raízes de soja submetidas ao déficit hídrico. Para tanto, utilizou-se polietilenoglicol para simular a condição de déficit de hídrico, em laboratório. As cultivares foram submetidas a duas condições de disponibilidade hídrica, sendo a condição controle e condição de déficit hídrico. Para desenvolvimento do sistema radicular, plântula normal de cada cultivar foi disposta entre duas folhas de papel Germitex umedecido com solução nutritiva + PEG 6000 no potencial osmótico de -0,2 MPA (condição de déficit hídrico) e apenas solução nutritiva (condição controle). Os papeis foram dispostos em BOD's, na posição vertical. As raízes foram digitalizadas e as imagens foram processadas utilizando-se o software WinRHIZOPro Por meio do processamento, foram obtidas as características comprimento total, área superficial, volume, diâmetro médio. De maneira geral, quando submetidas ao déficit hídrico, as cultivares apresentaram maior comprimento de raízes, maior área superficial e maior volume de raízes, do que na condição controle. Comprimento de raiz é uma característica particularmente importante quanto a tolerância de uma cultivar já que cultivares com sistema radicular mais profundo podem se beneficiar por alcançar umidade de perfis mais profundos no solo. Quanto ao diâmetro de raízes, houve redução na maioria das cultivares. A cultivar que apresentou maior redução do diâmetro foram a EMBRAPA 59 e BRS 16.

Apoio: CNPq.

Dados espaciais na análise de características agronômicas de tomate industrial

RIBEIRO, A. P.[1]; CHAGAS, R. R. [1]; FUMES, L. A. A. [1]; SILVA D. J. H. [1]

[1]Departemento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O tomate é uma olerícola de extrema importância para a segurança alimentar de milhares de brasileiros, entretanto, é necessário superar diversas vulnerabilidades para uma maior produção, sendo o melhoramento genético uma alternativa para uma maior produtividade. A busca pelo melhor método de análise para avaliação de características de campo e de laboratório em tomates industriais são cruciais em fases iniciais de programas de melhoramento, devido há um grande número de genótipos, pela falta de material vegetativo e pelas áreas de experimentação serem limitadas e heterogêneas. O objetivo do trabalho foi comparar método de análise em blocos aumentados com análise de modelo ARIMA. Em um delineamento em blocos aumentados (DBA) com 6 repetições, foram analisados 493 genótipos de tomate industriais provenientes do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH UFV) e a análise dos dados foram realizadas com modelo autoregressivo (ar1x ar1) e modelo de blocos aumentados, comparadas a acurácia seletiva e herdabilidade das variáveis de 'produtividade' e 'lesão no fruto'. Os resultados da análise em DBA para a variável 'produtividade' obteve acurácia seletiva de 32,20% e herdabilidade de 10,37%, para a variável 'lesão no fruto' obteve acurácia seletiva de 65,17% e herdabilidade de 42,49%, mostrando que para ambas as variáveis o ambiente tem grande influência na expressão do genótipo. Já com o uso de dados espaciais, os resultados de acurácia seletiva e herdabilidade da variável 'produtividade' foram, respectivamente, 48,37% e 23,39% e da variável 'lesão do fruto', 69,53% e 48,35%, evidenciando resultados melhores e uma melhora na seleção dos clones. Com isso, conclui-se que o uso de dados espaciais é uma alternativa para uma melhor seleção de clones de tomate industrial em fases inicias de melhoramento e importante na avaliação de experimentos que usam grande número de genótipos em uma área experimental limitada com baixo número de material vegetativo.

Apoio: Capes e CNPq

Definição de estratégias de implementação da curva modelada em NIR para determinação do teor de óleo em grãos de soja nas etapas iniciais do Programa de Melhoramento da Soja na UFV

SILVA, L. A.[1]; CARVALHO, N. T.[1]; FERREIRA, J. M. S.[1]; FONSECA, P. C.[1]; CONTE, M. V. D.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja *Glycine max* (L.) Merrill pode ser utilizada para os mais diversos fins, destacando sua utilização para extração de óleo. Visando sua expansão, o melhoramento genético busca incrementar significativamente sua produção, além de melhorias na qualidade do grão e no teor de óleo. Sendo assim, se faz necessário a utilização de recursos que permitam a rápida quantificação do teor de óleo em soja como por exemplo mensuração indireta de determinação de extrato etéreo e a utilização do NIR. Portanto, o objetivo desse trabalho foi ajustar uma curva para predição de extrato etéreo para NIR sob diferentes estratégias de tratamentos de dados. O experimento foi implantado na safra 2016/2017 no município de Viçosa-MG. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições. As parcelas constituíram-se de 4 linhas de 3 metros, sendo úteis para as avaliações as duas centrais. Cada parcela foi amostrada com 5 plantas individuais oriundas de 61 populações. As amostras foram lidas no NIR, moídas e alocadas em Filter Bags e foram pesados. Cada Filter Bag recebeu 1,5g de farelo e colocadas em estufa a 103°C durante 3 horas. Cada Filter Bag foi pesado novamente e depois levados a um dessecador, por 15 minutos. Posteriormente, foram inseridas ao aparelho ANKOM XT10 para extração do óleo, por 1 hora. As amostras foram levadas a estufa, por 30 minutos e em seguida, 15 minutos no dessecador, sendo cada Filter Bag novamente pesado. Os valores reais dos teores de óleo foram mensurados a partir da equação sugerida pelo fabricante do aparelho. O modelo de calibração das curvas foi gerado a partir do método dos mínimos quadrados parciais (PLS). As curvas foram selecionadas por meio da avaliação da capacidade preditiva do modelo por meio da correlação entre os valores reais e os valores preditos, e da raiz do erro quadrático médio (RMSE). As amostras com melhores resultados apresentaram correlações maiores que 0,35 e RMSE 1,30. Devido aos baixos valores do coeficiente de determinação e elevados valores de RMSE, não é possível se ter confiabilidade com a utilização das curvas para predição do teor de óleo em soja. Sendo necessário, assim, maiores estudos.

Apoio: CNPq, CAPES, UFV

Desempenho de clones de café Conilon na Zona da Mata de Minas Gerais – Variedade Emcapa 8141

PEREIRA, M. G. [1]; CAVALCANTE, V. S. [1]; MOURA, W. M. [1]; FERREIRA, T. C. [1]; COSTA, T. L. [1]; GIARDINI, R. M.[1]

[1]EPAMIG Sudeste.

No Brasil o café Conilon (*Coffea canephora*) é produzido majoritariamente no estado do Espírito Santo. Em Minas Gerais a área cultivada com essa espécie ainda é pequena comparada ao café arábica (*Coffea arábica*). Porém, por ser um material rústico e resistente, o cultivo do conilon é uma alternativa para produção de café na região que vem sofrendo com as secas. Diante do exposto, este trabalho objetivou avaliar os clones de café Conilon variedade Emcapa 8141 mais promissores para o clima e a altitude da Zona da Mata de Minas Gerais. O experimento foi instalado no Campo Experimental de Leopoldina da EPAMIG, em delineamento de blocos casualizados, com 9 clones da variedade Emcapa 8141 e 4 repetições. Em 2018 foram avaliadas as seguintes características: vigor vegetativo (VIG), com notas de 1 a 10; severidade de ferrugem (SF), severidade de bicho mineiro (SBM) e severidade de cercosporiose (SC), ambas com notas de 1 a 5; porcentagem de frutos com lojas vazias (PFLV); intensidade de seca de ponteiro (ISP), com notas de 1 a 4; maturação do fruto (MAT) com notas de 1 a 2; porte e arquitetura da planta, ambas com notas de 1 a 3; e produtividade (PROD). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5%. Os clones apresentaram diferenças significativas para a maioria das características avaliadas, não diferindo significativamente apenas para: ISP, SC, SBM e PFLV. Com relação à SF houve diferença significativa, com os clones 17 e 23 apresentando os piores desempenhos. Houve maior variabilidade entre os clones quanto ao VIG, sendo possível separá-los em 3 grupos, destacando o clone 17 como o mais vigoroso. Quanto ao porte e a arquitetura, a variabilidade permitiu separá-los em 2 grupos para cada característica. A maturação dos frutos para 89% dos clones foi desuniforme. A produtividade variou de 37,57 a 147,78 scs ha-1, sendo o clone 18 o mais produtivo. Assim, existe variabilidade genética dentre os clones da variedade Emcapa 8141. Dentre os clones avaliados na safra de 2018, o clone 18 possui potencial de cultivo na região.

Apoio: Consórcio Pesquisa Café, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Desempenho do volume de raiz e massa de sementes em genótipos de soja sob condições de estresse hídrico

RODRIGUES, F. C.[1]; NASCIMENTO, H. R. [1]; CAVALIN, I. C. [1]; BAPTISTELLA, M. G. [1]; SILVA, F. L. [1]

[1]Laboratório de Oleaginosas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja (*Glycine max* (L) Merril), leguminosa originária da China, destaca-se como uma das culturas mais importantes do Brasil e do mundo. O Brasil é o segundo maior produtor da oleaginosa, atrás apenas dos Estados Unidos. Como diversas outras culturas, a soja é sensível ao estresse hídrico e este tem sido um problema enfrentado pelos produtores de algumas regiões do país. Portanto, é de suma importância estudos destinados a seleção de genótipos de soja tolerantes ao estresse hídrico. Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo identificar genótipos de soja com melhor desempenho ao déficit hídrico. O experimento foi conduzido na casa de vegetação no campo experimental Diogo Alves de Melo, na Universidade Federal de Viçosa. O experimento foi delineado em blocos casualizados (DBC), em arranjo fatorial, com três blocos, quarenta e seis genótipos e dois tratamentos baseados na capacidade de campo: T1= controle (-33 kPa) e T2= estresse (-900 kPa). As características agronômicas avaliadas foram: massa de sementes (MS) e volume de raiz (VR). A análise de variância com 5% de significância e o agrupamento de média (Scott-Knott a 5% de significância) foram realizados utilizando-se o software R versão 3.4.0. Para ambas as características em estudo, a interação entre genótipo e tratamento não foi significativa. A característica volume de raiz não apresentou diferença estatística entre os tratamentos, porém, houve diferença entre os genótipos. Já para massa de sementes, verificou-se diferença entre genótipo e tratamento. Entre os genótipos estudados, quatro genótipos se destacaram para volume de raiz e, para massa de sementes trinta e três genótipos apresentaram médias superiores aos demais. Com isso, é possível verificar o desempenho dos genótipos diante das características avaliadas em condições de estresse hídrico.

Apoio: CNPq

Desempenho preliminar das famílias da segunda geração de retrocruzamento de maracujazeiro em relação à resistência ao CABMV

VIDAL, R. F.[1]; VIANA, A. P.[1]; PREISIGKE, S. da C.[1]; GONÇALVES JUNIOR, D. H.[1]; SANTOS, E. A.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

O maracujazeiro se destaca devido a sua importância social e econômica na produção nacional de frutas, sendo o Brasil o maior produtor e consumidor dessa fruta. No entanto, a ocorrência do *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) tem sido uma das principias limitações no aumento da produtividade do maracujazeiro no país. Uma das estratégias usadas nos programas de melhoramento genético do maracujazeiro para controle dessa virose é desenvolver cultivares resistentes. O objetivo do presente trabalho foi avaliar famílias de irmãos completos de maracujazeiro oriunda da segunda geração de retrocruzamento (RC2) em relação à resistência ao CABMV. O experimento foi conduzido na área experimental da escola agrícola Antonio Sarlo, no município de Campos dos Goytacazes-RJ. O delineamento experimental foi em bloco ao acaso com quatro repetições e seis famílias de irmãos completos do RC2 (355, 293, 17, 153, 501 e 516), totalizando 644 genótipos. Essas famílias são oriundas do cruzamento entre *Passiflora edulis* (pai recorrente) x *Passiflora setacea* (genitor doador). Devido à ocorrência natural do vírus não foi necessário à inoculação nas plantas. As avaliações foram realizadas a cada 15 dias e seguiram durante 105 dias. A severidade da doença foi avaliada por meio de uma escala de notas variando de 1 a 4, em que 1 = sem sintomas, 2 = mosaico leve sem deformação foliar; 3 = mosaico severo sem deformação foliar e 4 = mosaico severo, deformação foliar e bolhas. Com as informações observadas, calculou-se a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os valores de AACPD variaram entre 131 e 142 para as famílias avaliadas, sendo a família 293 a que apresentou menor valor. Em geral, todas as famílias apresentaram bom desempenho. No entanto, mais avaliações serão realizadas a fim de selecionar as famílias que se manterem resistentes para dar continuidade ao programa de melhoramento genético do maracujazeiro visando resistência ao CABMV.

Apoio: FAPERJ e UENF

Detached leaf assay in the reaction screening of bean genotypes to white mold

MIRANDA, N. R.[1]; PORTO, A. C. P.[1]; GWINNER, R.[2]; PASQUAL, M.[2]; SANTOS, J. B.[1]

[1] Laboratório de Genética Molecular, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras.
[2] Laboratório de Cultura de Tecidos, Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras.

The common bean resistance to the fungus *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary is quantitative, which causes difficulties in the selection for this trait. Several methods have been proposed to evaluate plant resistance in this pathosystem aiming a more efficient and cost-effective procedure. The detached leaves assay has been used efficiently for plant resistance evaluation. Nevertheless, lacks information regarding common bean - *S. sclerotiorum* pathosystem characterization using this method. In this paper, we aim to evaluate the reliability of this assay using the common bean - *S. sclerotiorum* pathosystem. We used an RCBD project with three replicates using 12 different genotypes, infecting them to measure lesion formation. Leaflets of adult plants were placed on 1% phytoagar flats with humidity domes on top. All infected leaflets were photographed at 60, 84, 108, 132 and 156 hours post inoculation for downstream image analysis and we measured lesion areas using the R statistical.The AUDPC (area under the disease progress curve) was calculated at plot level using lesion size values across time. AUDPC mean values were compared by Tukey test (0.05) using R software. Genotypes presented distinct AUDPC means (p = 0.05). Therefore, the genotypes were clustered as: susceptible (AUDPC ≥ 800), moderate resistance (799 ≤ AUDPC ≥ 400) and resistant (AUDPC ≤ 399). We observe some genotypes previously characterized by the straw test, presented non-similar results for resistance to white mold which detached leaf assay. For example, the genotypes Corujinha and Cornell 605 were clustered as with moderate resistance. Nevertheless, straw test previous trials classified Corujinha as susceptible, and Cornell 605 as resistant. Considering the differences of evaluation among tests, the distinct plant behavior suggest distinct resistance mechanisms in a single genotype acting in different plant structures (stem and leaf), what can lead to a plant resistance gradient depending on the evaluated tissue. The detached leaves assay has the potential to be used for phenotyping the reaction of common bean to white mold, especially when field and greenhouse evaluation are not available.

Apoio: Capes, CNPq

Dinamismo do programa de melhoramento genético de arroz irrigado de Minas Gerias

COSTA, W. G.[1]; OLIVEIRA, A. B.[2]; CRUZ, C. D.[3]; SOARES, P. C.[4]; OLIVEIRA, G. F.[5]; RIBEIRO, M. P.[6]

[1] Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.
[3] Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[4]EPAMIG-SUDESTE Melhoramento de Arroz, EMPRESA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA DE MINAS GERAIS.
[5] Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.
[6] Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O processo de indicação de variedades é contínuo e dinâmico, ou seja, periodicamente recomendam-se novas cultivares em substituição àquelas menos produtivas. Uma forma de avaliar esse processo é por meio da dinâmica dos programas de melhoramento genético em termos de reposição de variedades melhoradas ao longo dos anos. Visto isso, este trabalho foi realizado com o objetivo de realizar um estudo do dinamismo do programa de melhoramento genético de arroz irrigado de Minas Gerais da EPAMIG. Os dados utilizados neste trabalho foram constituídos de 378 linhagens e cultivares avaliadas no período de 2004/05 a 2017/18 dos Ensaios Comparativos Preliminares e Ensaios Comparativos Avançados, conduzidos em Janaúba, Leopoldina e Lambari. Foram avaliadas as taxas e produtividade de grãos ($Kg.ha^{-1}$) do número de genótipos novos em relação ao ano anterior, mantidos para o ano posterior, excluídos para o ano posterior e avaliados no ano. Em quase todo período avaliado a média de inclusão foi maior que a média de exclusão. A maior produtividade média total foi obtida em Janaúba (8314 $kg.ha^{-1}$) no ano 2007/08. No ano 2008/09, observou-se a menor média de produtividade de grãos dos genótipos em Janaúba, 3.538 $kg.ha^{-1}$. Para Leopoldina, verificou-se a maior produtividade média (7916 $kg.ha^{-1}$) no ano de 2006/07. A menor produtividade média em Leopoldina (2673 $kg.ha^{-1}$) foi obtida no ano 2013/14. A média geral de produtividade de grãos em Janaúba e Leopoldina foi de 5.660 e 5.831$kg.ha^{-1}$, respectivamente. A menor produtividade média quando considerado todos os anos por local ocorreu em Lambari, exceto na safra 2012/13, onde a produtividade média ficou em torno de 5.468 $kg.ha^{-1}$. Essa produtividade média foi a maior obtida para este município. A maior taxa de inclusão em relação à exclusão indica que o programa de melhoramento está colaborando para o lançamento das variedades, possibilitando novas opções de cultivo para o orizicultor. Assim, O programa de melhoramento genético de arroz irrigado de Minas Gerais mostrou ser dinâmico no período de 2004/05 a 2017/18.

Apoio: FAPEMIG, CAPES E CNPq.

Diversidade genética entre cultivares de soja submetida ao estresse hídrico

CARVALHO, N. T.[1]; SILVA, L. A.[1]; ROHR, L. A.[1], MOURA, L. O. [1], SILVA, M. G. B.[1;] SILVA, F. L.[1]

[1] Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja (Glycine max (L.) Merril) é uma leguminosa que detêm elevada relevância econômica principalmente na indústria alimentícia e na produção de farelo. Segundo os dados coletados nas safra 2017/2018 a produtividade de soja no Brasil foi cerca de 3.299 kg/ha em uma área de 36,228 milhões de hectares, tornando o país como segundo maior produtor do grão em escala mundial. As variações climáticas que influenciam na disponibilidade de recursos naturais, bem como o hídrico, somado ao exponencial crescimento populacional, eleva-se a importância em se conhecer as discrepâncias existentes entre os tratamentos controle e estresse por seca, através de análises sobre diversidade fenotípica entre diferentes genótipos de soja. Este estudo teve como objetivo realizar uma análise de diversidade genética em condições de estresse hídrico submetido a diferentes genótipos comerciais. O experimento foi conduzido na cidade de Viçosa-MG em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, no verão de 2018. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados, com dois tratamentos sendo um com irrigação próxima a capacidade de campo e outro mantido próximo ao ponto de murcha permanente, três blocos e 100 genótipos distintos, totalizando 600 unidades experimentais. Em que cada unidade experimental constituiu-se de um vaso com uma planta cada. Os tratamentos de manejo de irrigação foram calculados com base na curva de retenção de água no solo. As plantas foram avaliadas quanto ao número de grãos bem como a massa de grãos. A partir dos resultados obtidos constatou-se que o genótipo 19 Controle e o 80 Estresse, seguindo do genótipo 19 Controle e genótipo 24 Estresse apresentaram maior divergência demonstrando o efeito do tratamento a eles submetido. O genótipo 19 Controle foi em média o mais divergente perante todos os outros tratamentos, sendo que o mais similar a ele foi o Genótipo 30 Controle.

Apoio: GDM, FUNDAÇÃO ARTHUR BERNARDES (UFV)

Diversidade genética entre híbridos comerciais de milho avaliados na Zona da Mata Mineira na safra 2017/2018

LIMA, N. L.[1]; DESTRO, V. [1]; CAIXETA, D. G. [1]; JOMMA, S.A.; FARIA, S. V. [1]; DE LIMA, R. O[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa.

A falta de diversidade genética entre cultivares comerciais pode resultar na vulnerabilidade genética da cultura ao ataque de pragas. Assim, o objetivo desse trabalho foi estudar a diversidade genética entre híbridos comerciais de milho. Para isso, 140 híbridos comerciais de milho foram avaliados, na safra de 2017/18, nas estações experimentais do Aeroporto (Viçosa-MG) e de Coimbra (Coimbra-MG). O delineamento experimental utilizado foi blocos incompletos (alfa-látice 14x10), com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,8 m. Foram avaliados os seguintes caracteres: florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias); plantas acamadas e quebradas (ACQ); área foliar (AF, cm^2); teor de clorofila na folha da espiga (SPAD); altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm); diâmetro do colmo (DC, mm); número de nós abaixo da espiga (NNBE) e acima da espiga (NNAE); número de fileiras da espiga (NF); profundidade de grão (PF, mm); comprimento de espiga (CE, cm); número de grãos por fileira da espiga (NGF); peso de 200 grãos (P200, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). Com base nos valores genéticos preditos por modelos mistos, estimou-se a distância Euclidiana média entre os híbridos. Posteriormente, os híbridos foram agrupados pelo método de agrupamento de UPGMA (Unweighted Pair-Group Method of Arithmetic Average). A análise de diversidade genética alocou os híbridos em 14 grupos. O maior grupo conteve mais de 80% dos híbridos avaliados. Oito grupos incluíram apenas um híbrido em cada, o que indica grande dissimilaridade. A distância média entre os híbridos foi de 1,37, a menor distância foi de 0,46 (MG711PW e 2B655PW) e a maior 2,97 (BALU434T e 30A37PW). Os pares de híbridos DKB290PRO3 e 2B640PW, GNZ7280 e BAL761, MG699PW e 2B647PW, e MG711PW e 2B655PW se mostraram pouco divergentes, com distância inferior a 0,50. Os pares P3862Hx e BALU434T, BM855PRO2 e BALU434T, 30A37PW e BALU434T, e 30A37PW e BAL188 se mostraram muito divergentes, com distância superior a 2,90. Conclui-se que embora exista divergência genética entre alguns híbridos comerciais de milho, a maior parte deles mostra-se pouco divergente.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e FUNARBE.

Diversidade genética entre híbridos experimentais de milho em condições de baixo nitrogênio

PRIMO, R.A.S.[1]; FERREIRA, A. G.[1]; SOUZA, A. M. B. C.[1]; SAMPAIO, V. M. F.[1]; REZENDE, W.M.[1]; DeLIMA, R. O.[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa.

Para a obtenção de híbridos de milho em um programa de melhoramento o estudo da diversidade genética é fundamental. Através do cruzamento de híbridos simples geneticamente divergentes é possível obter um híbrido duplo superior. Estes podem ser indicados para pequenos agricultores por necessitarem menor exigência tecnológica. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi estudar a diversidade genética entre híbridos experimentais de milho em condições de baixo nível de nitrogênio. Para isso, 104 híbridos experimentais e 13 híbridos testemunhas foram avaliados em dois anos (Safra 2016/17 e safra 2017/18). O delineamento experimental utilizado foi alfa látice, com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,8 m. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura na região, exceto a adubação de cobertura, onde não houve o fornecimento de nitrogênio. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento feminino e masculino, prolificidade, altura de planta e espiga, área foliar, SPAD, diâmetro de colmo, número de nós abaixo e acima da espiga, comprimento de espiga, número de fileiras, profundidade de grãos, peso de mil grãos e produtividade de grãos. As análises estatísticas foram realizadas pelo método REML/BLUP. O coeficiente de correlação cofenética para os híbridos foi de 0,62, indicando boa precisão de representação do dendograma. A avaliação da diversidade genética agrupou os híbridos em 11 grupos, onde o ponto de corte foi de 0,068. O valor médio da distância genética foi de 0,077. A maior distância (0,194) foi obtida entre os híbridos VML017xVML022 e VML004xVML020, e a distância menor (0,019) entre os híbridos VML188xVML004 e VML004xVML188, o se justifica pois ambos são provenientes dos mesmo genitores, mas com diferente sentido no cruzamento. Dos 11 grupos, três apresentaram apenas um híbrido. O grupo que apresentou maior número de híbridos foi constituído de sete testemunhas e 30 híbridos experimentais. Conclui-se que há divergência genética entre os cultivares avaliados e o estudo dessa variação pode direcionar possíveis cruzamentos para a obtenção de híbridos duplos.

Apoio: Ao CNPq; CAPES; FAPEMIG e FUNARBE.

Efeitos gênicos da eficiência e responsividade no uso do fósforo em milho-pipoca estimados por análise dialélica

OLIVEIRA, F. T[1] GERHARDT, I. F. S[1]; AZEREDO, V. C[1]; KUROSAWA, R. N. F[1]; SOUZA, Y. P[1]; AMARAL JÚNIOR, A. T.[1]
[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes- RJ

A obtenção de cultivares adaptadas e eficientes a solos de baixa fertilidade tem o intuito de mitigar o uso de insumos. Portanto, o objetivo foi avaliar a eficiência e responsividade no uso de fósforo em híbridos de milho-pipoca, estimar as capacidades de combinação de suas linhagens, inferir sobre os efeitos genéticos aditivos e não-aditivos para eficiência e responsividade no uso do fósforo. Foram avaliadas 25 linhagens de milho pipoca em dois locais e dois níveis de fósforo, em delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições. Realizou a análise de variância conjunta, teste de médias e a classificação das linhagens quanto a eficiência e responsividade no uso do fósforo, de acordo com o desempenho nos ambientes contrastantes. Das 25 linhagens avaliadas, foram selecionadas oito linhagens contrastantes quanto à eficiência e responsividade para obtenção dos híbridos simples para estudo da análise dialélica, das quais três foram eficientes e responsivas, três ineficientes e não-responsivas. Foram avaliados os 28 híbridos dialélicos mais os parentais de milho-pipoca em dois locais com diferentes níveis de fósforo, em látice 6 x 6. Avaliou: produtividade, capacidade de expansão, volume de pipoca expandida por hectare. Foi realizada a análise de variância conjunta, teste de médias e classificação e utilização do índice de eficiência, de acordo com o desempenho produtivo dos híbridos nos ambientes. Pela análise dialélica foram estimadas as capacidades geral e específica de combinação. Para obtenção de genótipos eficientes e responsivos no uso do fósforo recomendasse a exploração de híbridos, com o uso de genitores que proporcionem um acúmulo de genes aditivos para a capacidade de expansão. Os híbridos P7 x L80, P7 x L59, P7 x L76 e P6 x L80 são promissores, podendo ser avaliados como opções de cultivo em solos que apresentam deficiência para o fósforo.

Apoio: FAPERJ

Eficiência e responsividade no uso de fósforo em híbridos de milho-pipoca oriundos de cruzamento dialélico

LEITE, J.T.[1]; GERHARDT, I.F.S.[1]; SANTOS JUNIOR, D.R.[1]; GUIMARÃES, L.J.M.[2]; CAMPOSTRINI, E.[1]; AMARAL, A.T.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal – LMGV - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF
[2]EMBRAPA Milho e Sorgo, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

O fósforo é um dos macronutrientes mais importantes para as espécies cultivadas. Isto posto, objetivou-se avaliar a eficiência e responsividade no uso de fósforo de híbridos de milho-pipoca. Na obtenção dos híbridos foram utilizadas oito linhagens: linhagens eficientes e responsivas (ER) - P2, P7 e L59; ineficientes e não-responsivas (INR) - L77, L75 e L80 e intermediárias - P6 e L76. Utilizou-se o delineamento látice triplo 6x6, com parcelas de 5,0 m, espaçadas em 0,70 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. Os ensaios foram conduzidos em dois locais - Colégio Agrícola Estadual Antônio Sarlo - Campos dos Goytacazes e Estação Experimental Itaocara, ambos no RJ, e em dois ambientes contrastantes quanto a disponibilidade de fósforo. As características avaliadas foram: altura de planta (AP), produtividade (PROD), capacidade de expansão (CE), volume de pipoca expandida por hectare (VP), eficiência e responsividade no uso de fósforo (EUP). Foram realizadas análise de variância individual e conjunta, com posterior agrupamento de médias pelo algoritmo de Scott & Knott (5%). No ambiente com alto nível de fósforo (AANP), houve diferença significativa para todas as características avaliadas, assim como, entre locais, exceto para CE em ambiente com baixo nível de fósforo (ABNP). Na interação genótipo x ambiente, PROD e VP apresentaram diferença no AANP, enquanto que CE diferenciou-se em ambos os ambientes (AANP e ABNP). Para as características PROD e CE observou-se reduções de 12 e 3%, respectivamente, na média geral do ABNP em relação a AANP. No ABNP, a PROD média foi de 2.071,37 kg ha^{-1}, por sua vez, no AANP, de 2.315,44 kg ha^{-1}. As médias de CE nos ambientes contrastantes foram similares, com valores de 25,77 e 26,56 $mL.g^{-1}$ nos AANP e ABNP, respectivamente. A dispersão gráfica dos estimadores do uso de fósforo revelou 14 híbridos ER e 12 INR, cujas médias de PROD variaram de 1.400,00 a 1.500,00 kg ha^{-1} e 1.100,00 a 1.300,00 kg ha^{-1}, nos AANP e ABNP, respectivamente. Contudo, os híbridos P7 x L80, P7 x L59, P7 x L76 e P6 x L80 apresentaram-se como promissores, podendo ser avaliados como opções de cultivo em solos que apresentam deficiência para o fósforo.

Apoio: Faperj, Capes, CNPQ.

Estimação de parâmetros genéticos para seleção de teor de óleo em soja via modelos mistos REML/BLUP

LEICHTWEIS, B. G.[1]; SANTANA, T. E. Z.[2]; SILVA, M. B. G.[3]

[1] Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá.
[2] Laboratório de Informática do Melhoramento Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[3] Laboratório de Melhoramento de Oleaginosas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Os estudos na área de melhoramento genético vegetal têm dado fortes indícios de que os caracteres de maior importância para o melhorista são, em sua grande maioria, controlados por vários genes, como a produtividade e teor de óleo em grãos de soja. Sendo assim, o processo de melhoramento de tais caracteres se dá pelo acúmulo de alelos favoráveis. Caracteres controlados por uma grande quantidade de genes, sofrem forte influência ambiental e apresentam menores estimativas de herdabilidade quando comparados àqueles que são controlados por um ou poucos genes. A baixa herdabilidade dificulta a obtenção de ganhos pela seleção direta. A seleção de genótipos é feita com base nos valores fenotípicos, aos quais confundem-se os valores genotípicos e ambientais. O uso das equações de modelos mistos pode predizer o valor genotípico e aumentar a eficiência da seleção. Com base nas EMM, é possível obter o melhor preditor linear não-viesado (BLUP) dos valores genéticos. Permite ainda a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e a predição de valores genéticos. O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores dos diferentes genótipos para a herdabilidade do teor de óleo, com o uso da metodologia de modelos mistos REML/BLUP por meio do software R. Também foi realizado os contrastes entre os diferentes ambientes para encontrar os melhores ambientes onde há maior expressão genética para a característica. O banco de dados utilizado está disponível na plataforma SOYBASE (https://www.soybase.org/SoyNAM/). Para efeito fixo foi considerado os locais, anos de produção e famílias, e para efeito aleatório, os genótipos. A herdabilidade no sentido amplo para o teor de óleo foi de 36,665%. Os ambientes mais favoráveis foram Indiana, Nebraska, Iowa e Illinois, respectivamente, com nível de significância ($p>0,01$) entre eles. A herdabilidade para os genótipos avaliados foi baixo, demostrando que os genótipos não devem ser utilizados como genitores para um programa de melhoramento de soja visando aumento no teor de óleo.

Estimativa de diversidade genética em genótipos de macaúba

ARAUJO, L. N.[1]; ROSADO, T. B.[1]; SILVA, A. K L.[1] LAVIOLA, B. G.[2]

[1]Universidade de Brasília, Faculdade UnB Planaltina/FUP.
[2]Embrapa Agroenergia

A busca por fontes de energias renováveis tem recebido atenção de diversas instituições, visto que os combustíveis fósseis constituem fontes finitas e, ainda causam sérios danos ao ambiente. Como possível alternativa, deve-se investir na produção de biocombustível, utilizando oleaginosas potenciais. Com isso, torna-se importante maior diversificação de matérias-primas para promover o desenvolvimento da matriz energética, com maior produtividade e sustentabilidade, sem depender apenas de uma única matéria-prima. A macaúba (*Acrocomia aculeata*) mostra-se como fonte potencial para a produção de biodiesel devido à alta produtividade de óleo e disposição agroclimática, que possibilita a expansão do plantio sem que comprometa áreas já cultivadas. Nesse contexto, objetivou-se estimar diversidade genética em progênies de macaúba. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com 15 genótipos e cinco repetições. Avaliaram-se as seguintes característica morfoagronômicas: a altura da planta (ALT), a projeção da copa na linha (PCL) e projeção da copa na entre linha (PCEL). Os dados foram coletados nos anos agrícolas de 2012, 2014 e 2015, em Planaltina, DF. Esses dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta (ANOVA) para verificar variabilidade genética das progênies. A diversidade genética entre os genótipos foi estimada por meio dos método otimização de Tocher e do método hierárquico UPGMA, utilizou-se a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do *software* Genes. Foi verificado a existência de variabilidade genética para a maioria das características avaliadas. Quanto à interação genótipos x ambientes, observaram-se diferenças significativas, permitindo inferir que as progênies apresentam desempenho diferente nos diferentes ambientes. Em cada ambiente houve a formação de dois grupos, porém os genótipos foram agrupados de forma diferente.

Apoio: CAPES/CNPQ

Estimativas de herdabilidade e análise de médias de gerações para descritores relacionados à produção de frutos em Abóbora

CRUZ, C.E.O. [1]; PEREIRA, A.L.C.[1]; OLIVEIRA, P.O.B. DE; ALMEIDA, C. F. DE[1]; MACHADO JÚNIOR, R.[1]; DA SILVA, D. J. H[1]
[1]Laboratório de Manejo de Recursos Genéticos, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

As sementes de abóbora é uma importante fonte de óleos com propriedades nutricionais benéficas. O seu teor varia de 30 a 50%, dependendo da espécie, genótipo e ambiente de cultivo, mostrando grande potencialidade desta cultura para esta finalidade. O melhoramento genético é uma forma de aumentar a produção de óleo, mediante aumentoda produção de sementes por exemplo. Esse aumento pode ser obtido aumentando a produção de frutos por planta (PRFP) ou número de frutos por planta (NFP) e massa média de frutos por planta (MMFP), descritores estes altamente associados positivamente com a produção de sementes por área e consequentemente de óleo. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi realizar uma análise de gerações para obter estimativas de herdabilidade e estudar as médias de gerações de descritores relacionados a produção de frutos. Para isso foram semeadas simultaneamente seis gerações: P_1, P_2, F_1, F_2, RC_1 e RC_2. Para as medidas referentes a massa foi utilizada uma balança analítica, para os valores referentes à quantidade, como número de fruto por planta (NFP) foram feitas contagens. Em relação as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, obteve-se maior valor para NFP (87,65%) seguido de PRFP (76,05%), comportamento similar para herdabilidade no sentido restrito, 64,45% para NFP e 56,35% para PRFP. No sentido restrito a maior estimativa de herdabilidade encontrada foi 77,14% para MMFP. A importância dasestimativas de herdabilidade é a possibilidade de predição dos ganhos de seleção para os respectivos descritores. Com relação aos tipos de interação alélica predominou-se a interação do tipo aditiva, em que a média da F_1 foi intermediária a dos pais, com exceção de PRFP em que houve superioridade da F_1 em relação ao genitor de maior valor, caracterizando interação do tipo sobredominância, que foi confirmada pelo grau médio de dominância (gmd) superior a uma unidade para esse descritor, logo demonstrando viabilidadeno desenvolvimento de híbridos quando almeja-se aumento de produção de frutos por planta.

Apoio: Capes, CNPq e Fapemig

Estimativas de herdabilidade para produção do cafeeiro utilizando modelos mistos (REML/BLUP) em genótipos de *Coffea arabica*

FEITOSA, F. M.[1]; CAIXETA, E. T.[2]; RESENDE, M. D. V.[3]; OLIVEIRA, A. C. B.[2]; PEREIRA, A. A.[4]; SOUSA, T. V.[1]

[1]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.
[2]EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[3]EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.
[4]EPAMIG, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais

A cafeicultura é uma atividade agrícola de grande importância econômica para o desenvolvimento do Brasil. O *Coffea arabica* L é uma das espécies de maior importância econômica. De modo geral, os programas de melhoramento visam obter cultivares mais produtivas e adaptadas. Portanto, desenvolver cultivares resistentes para doenças e/ou pragas tem um importante papel na estabilização da produtividade e na diminuição dos custos de produção. No mundo, a ferrugem alaranjada é a principal doença em abrangência e afeta seriamente a sua produção. Portanto, objetivou-se identificar famílias de cafeeiros para o avanço de gerações em programas de melhoramento, baseados na herdabilidade da produtividade do cafeeiro utilizando se a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). Foram avaliadas 23 famílias de cafeeiros, sendo 21 famílias obtidas de cruzamentos entre cultivares de interesse agronômico de porte alto e cafeeiros portadores de resistência à ferrugem (Seleções Indianas), além de duas testemunhas dos cultivares Mundo Novo. O experimento foi montado utilizando se o delineamento de blocos casualizados (DBC), com três repetições e seis plantas por parcela. A estimativa de herdabilidade foi obtida pelo modelo y = Xr + Za + Wp + e, pelo programa selegen. A produção dos cafeeiros foi avaliada no ano de 2011, sendo expresso em litros de café recém-colhido/planta. Analisando a herdabilidade individual no sentido restrito entre as famílias para produção, foi possível obter o valor de 0,00. Esse valor é considerado como baixo, e nos indica que a causa da variabilidade fenotípica é decorrente do ambiente e não dos efeitos genéticos, esse resultado era previsto uma vez que essa característica é governada por muitos genes e muito influenciada pelo ambiente. Destarte, selecionar famílias de cafeeiros levando em consideração somente essa característica é difícil, pois essa característica apresenta baixa herdabilidade.

Apoio: CNPq, Capes, EMBRAPA Café.

Estimativas de parâmetros genéticos da germinação de sementes de genótipos de soja

LOURENÇO, R. D. [1]; CONDÉ, S. A. [2]; CONDÉ, J. N. [3].

[1] Departamento de Engenharia Agrícola, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[3] IF sudeste de Minas Gerais, campus Rio Pomba.

Os programas de melhoramento têm focado em desenvolver cultivares de soja mais produtivas. Assim, é extremadamente importante a avalição das cultivares de soja e característica específicas da germinação da semente. A avalição do Índice de Velocidade de Germinação (IVG) permite conhecer o potencial de germinação das sementes. Objetivou-se com esse trabalho, avaliar o índice de velocidade de germinação, porcentagem de germinação e estimar os parâmetros genéticos de germinação de sementes de quatro genótipos de soja. O experimento foi conduzido no laboratório do Programa de Melhoramento de Soja do Departamento de Fitotecnia da UFV.Foram avaliados quatro genotipos de soja em uma incubadora B.O.D. modelo 411D, com a temperatura de 25ºC , fotoperíodo de 12 horas e irrigação diaria, num periodo de 8 dias.O delineamento experimental utilizado foi DIC com 4 repetições, utilizando-se 40 sementes por tratamento, as quais foram tratadas com fungicida e inseticida. As sementes foram dispostas em quatro sulcos, em bandejas de polietileno, com areia lavada e 10 sementes por sulco a 1,5 cm de profundidade. As caracteristicas avaliadas foram: porcentagem de germinação e índice de velocidade de germinação.As análises estatísticas foram realizadas com o software Genes. A ANOVA foi feita considerando o efeito de genótipo como fixo e o agrupamento de médias pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade. Os parâmetros genéticos foram: componentes quadráticos genotípico ($\hat{\phi}g$), fenotípico ($\hat{\phi}f$) e ambiental ($\hat{\phi}a$); coeficiente de determinação genotípico (H^2) e coeficiente de variação genético (CVg). Os resultados mostram que os valores dos parâmetros genéticos encontrado foram favoráveis para o sucesso de seleção e que dois, dos quatro genótipos avaliados, apresentam melhor desempenho com base nos caracteres porcentagem de germinação e índice de velocidade de germinação. Assim, os dois genótipos superiores são plantas mais vigorosas e produtivas e apresentam maior velocidade de germinação.

Apoio: Departamento de Fitotecnia

Evidências de autofecundação em erva-cidreira brasileira (*Lippia alba*)

PINTO, T. de O.[1]; DAMASCENO JUNIOR,P. C.[1]; AMORIM, G. T. dos S.[1], TUPPER, V. T. B.[1]

[1]Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

A erva-cidreira brasileira (*Lippia alba* (Mill). N. E. Brown), uma espécie herbácea pertencente à família Verbenaceae, é amplamente utilizada no Brasil, seja na medicina popular, na indústria química, farmacêutica e na indústria de cosméticos. O Departamento de Fitotecnia (DFITO) da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), vem implementando esforços para conhecer o modo de reprodução preferencial da erva-cidreira brasileira, como parte de uma das etapas do Programa de Melhoramento Genético da espécie na UFRRJ. A literatura reporta a ocorrência de sistemas autoincompatíveis na espécie. No entanto, resultados preliminares obtidos no Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas do DFITO/UFRRJ tendem a refutar a ideia de autoincompatibilidade na espécie e a acolher a ideia de que a espécie é, na realidade, uma alógama facultativa. Por isso, esta pesquisa teve como objetivo comprovar a hipótese de que a erva-cidreira brasileira pode ser autofecundada e, com isso, descartar a existência de qualquer sistema genético de autoincompatibilidade (gametofítica e esporofítica) na espécie. Para tal, realizaram-se autofecundações artificiais em três genótipos da espécie, codificados como UFRRJ ECB001, 002 e 005. As autopolinizações foram realizadas em 10 flores/genótipo, protegidas, previamente, na pré-antese. Após amaciamento e coloração dos pistilos com o fluorocromo azul de anilina, montaram-se as lâminas. Em seguida, todos os pistilos foram analisados via microscopia de fluorescência. Observaram-se tubos polínicos nos estigmas, estiletes e ovários. Como resultados, os genótipos UFRRJ ECB002 e 001 apresentaram o maior e o menor valor de ovários com presença de tubos polínicos, respectivamente de 83,3 e 54,5%. Notaram-se tubos polínicos tocando a micrópila dos óvulos no ovário, um provável sinal de singamia. Portanto, pode-se concluir que a erva-cidreira brasileira pode ser autofecundada. Com isso, a reconhecida alogamia na espécie, não é reforçada por sistemas autoincompatíveis, seja ele esporofítico ou gametofítico. Análises posteriores ainda são necessárias afim de se verificar o poder germinativo das sementes obtidas com as autofecundações.

Apoio: CAPES, PPGF, UFRRJ.

GWAS no estudo da resistência da soja à pústula bacteriana

FONSECA, P. C.[1]; SILVA, L. A.[1]; SOUZA, N. O.[1]; CARVALHO, N. T.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia,
Universidade Federal de Viçosa.

A fitobactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines* é o agente causal da pústula bacteriana, doença foliar que provoca manchas de coloração verde-amarelada, podendo evoluir à necrose e desfolha da soja caso cultivares resistentes não sejam utilizadas como método de controle. No entanto, a única fonte conhecida de resistência a este patógeno não é suficiente para o controle eficaz dessa doença. Com o objetivo de estudar a resistência da soja à pústula bacteriana, foi realizada a análise de associação genômica ampla (GWAS), buscando através desta metodologia identificar e localizar SNPs associados com a doença. Foram genotipadas na plataforma *Illumina iScan* e no painel *Infinium iSelect HD Genotyping BeadChips* 6k, customizado para soja, 109 cultivares comerciais. O controle de qualidade dos dados da genotipagem foi executado no pacote HapEst do programa R, empregando call rate de 90% e MAF de 5%. A análise GWAS foi realizada no programa R utilizando o pacote Gapit, usando os valores genotípicos preditos com a fenotipagem com o auxílio do Software Selegen e os dados da genotipagem após o controle de qualidade, além dos dados de estrutura populacional, a fim de reduzir o número de falso-positivos, e matriz de parentesco. O p-valor utilizado para significância da associação entre a doença e o marcador foi de 0,10, ou, $-\log_{10}(0{,}10) = 2$. Onze marcadores SNPs foram identificados associados com a doença, ou seja, variações alélicas entre genótipos resistentes e suscetíveis, se distribuindo em 7 dos 20 cromossomos presentes na soja. O cromossomo 12 (grupo de ligação H) foi o que teve maior número de representantes, quatro marcadores SNPs, seguido pelo cromossomo 9 (grupo de ligação K), com dois marcadores, e o restante com um único marcador significativo. Devido à proximidade da localização dos SNPs significativos em ambos cromossomos, essas regiões devem ser investigadas na validação de QTLs associados à resistência à doença, que se confirmados podem ser utilizados na confecção de marcadores para uso na seleção assistida.

Herdabilidade do teor de óleo em linhagens de soja [*Glycine max* (L.) Merr.]

SILVA, J. N. B.[1]; BERNARDELI, A. M. A; LORENZONI, R. M.[2]; AGUIAR, R.[1]; CARDOSO, J. K. F.[1]; DAL-BIANCO, M.[1]

[1]Laboratório de Bioquímica e Genética Molecular de Plantas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Departamento de Produção Vegetal, Universidade Federal do Espírito Santo.

Os programas de melhoramento da soja têm estimulado o desenvolvimento de cultivares com alta produtividade e aumento no teor de proteína e óleo. O óleo de soja é o segundo óleo vegetal mais consumido no mundo, utilizado para consumo humano, bem como para matérias-primas para uma grande variedade de produtos. A concentração de óleo em sementes de soja é uma característica quantitativa complexa, regida por vários genes. As estimativas de parâmetros, como por exemplo a herdabilidade (h^2), que indica a porção genética que será transmitida aos descendentes, têm grande importância, sendo usados para antever a possibilidade de sucesso e ganho genético com a seleção e assim definir as melhores estratégias a serem tomadas. O objetivo do trabalho foi estimar as variâncias e coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para o teor de óleo da população estudada. O experimento foi conduzido na área experimental Horta Nova-UFV (UEPE-UFV) - Viçosa-MG, sendo o plantio realizado em novembro de 2017. Foram avaliadas 100 famílias $F_{2:4}$ de soja, derivadas do cruzamento entre dois acessos do banco de germoplasma do Programa de Melhoramento da Qualidade da Soja do BioAgro-UFV (PQMS-SUPR e PMQS-08). A fenotipagem consistiu em analisar o conteúdo de óleo por espectrometria de infravermelho próximo (NIR). Todos os efeitos foram considerados aleatórios e os componentes de variância foram estimados com base na decomposição dos quadrados médios obtidos na ANOVA. Os dados foram analisados utilizando-se o Software Genes, em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Houve diferença significativa ($p<0.05$) entre as famílias avaliadas em relação ao teor de óleo. Além disso, a estimativa de herdabilidade foi alta (93.6%) para este caractere. Portanto, ganhos genéticos satisfatórios podem ser obtidos, uma vez que altas estimativas de herdabilidades favorecem a seleção direta para a característica de interesse.

Apoio: CAPES, FAPEMIG e Caramuru Alimentos

Influência do espaçamento e da população de plantas nos componentes de produção de três híbridos de milho avaliados na safrinha

MARINHEIRO, F. R. S.[1]; LIMA, N. L.[1]; RODRIGUES, I. C. L.[1]; PRIMO, R. S. A.[1]; REZENDE, W. M.[1]; DE LIMA, R. O.[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Viçosa.

O arranjo espacial de plantas de milho trata-se de um importante trato cultural. Isso deve-se à capacidade de aumento na interceptação de radiação solar com consequente acréscimo na produtividade de grãos. Capitaliza-se então a importância do conhecimento sobre a densidade e espaçamento ótimo para a maximização do lucro. Desta forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar os efeitos de espaçamento entre fileiras e densidade populacional no desempenho agronômico de três híbridos de milho na safrinha. Para isso, foi realizado um experimento na segunda safra de 2016, na estação experimental de Coimbra-MG. O delineamento experimental foi em blocos casualizados em esquema de parcelas sub-sub-divididas com três repetições. As parcelas foram compostas de quatro espaçamentos entre fileiras (0,45; 0,60; 0,75 e 0,90 m); já as sub-parcelas foram elaboradas com três híbridos comerciais de milho (DKB390PRO2–híbrido simples (HS), BG7049YH-híbrido triplo (HT) e BR206-híbrido duplo (HD)) e as sub-sub-parcelas foram constituídas de quatro densidades de semeadura (60, 70, 80 e 90 mil plantas ha^{-1}). Os caracteres avaliados foram: número de espigas por planta (NE), número de fileiras da espiga (NF), comprimento de espiga (CE, cm), massa de 1000 grãos (M1000, g), densidade do grão (DS, g L^{-1}), comprimento do grão (CG, mm), produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância com o auxílio de software R. O coeficiente de variação experimental variou de 4,55% (NF) a 12,65% (PG), o que indica boa precisão experimental na avaliação dos caracteres. Não houve diferença significativa pelo teste F ($P<0,01$) para o efeito de espaçamento. Para o efeito de híbrido houve diferença significativa para quase todos os caracteres, exceto para CE. Para o efeito de densidade populacional houve diferença significativa para NE, CE, CG e PG, ou seja, a densidade populacional influência de maneira significativa a média desses caracteres. Conclui-se então que há influência do híbrido e da densidade populacional para produtividade de grãos e componentes de produção do milho, mas não há efeito de espaçamento.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG e FUNARBE.

Marcadores fenotípicos para a seleção precoce de clones tolerância à seca de ponteiros em eucalipto

LOURENÇO, R. D. [1]; CONDÉ, S. A. [2]; CONDÉ, J. N. [3].

[1] Departamento de Engenharia Agrícola, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[3] IF sudeste de Minas Gerais, campus Rio Pomba.

A seca de ponteiros em eucalipto é um distúrbio fisiológico de etiologia complexa. O uso de marcadores fenotípicos pode contribuir para uma seleção eficiente, onde a estimativa de parâmetros genéticos das características candidatas a marcadores é essencial para se conhecer a estrutura da população em estudo e o potencial genético e efetividade das marcas como caracteres e critérios de seleção. Objetivou-se com esse trabalho, estimar parâmetros genéticos de características anatômicas e fisiológicas candidatas a marcadores fenotípicos para seleção precoce a seca de ponteiros relacionada ao déficit hídrico em 10 clones comerciais de eucalipto. O déficit hídrico foi simulado em casa de vegetação, mediante a manutenção de mudas com aproximadamente 110 dias, em tratamento com 100 mL de água permanente, aplicação de 300 mL solução de polietileno glicol 6000 (PEG) e controle (manejo padrão do viveiro), a cada 2 dias. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições. As estimativas dos parâmetros genéticos de todas as características foram obtidas pela metodologia de modelos mistos, procedimento REML/BLUP. Foram avaliadas 12 variáveis anatômicas e fisiológicas, a fim de selecionar as mais promissoras para seleção precoce a seca de ponteiros e discriminação de genótipos divergentes quanto a tolerância ao déficit hídrico. Dentre as 12 características avaliadas, área foliar, área de tecido vascular, condutância estomática e número de estômatos, foram as que apresentaram herdabilidade significativa e acurácia alta (maior que 70%). Foram identificados marcadores fenotípicos promissores para seleção precoce para tolerância à seca de ponteiros e ao déficit hídrico. Os clones tolerantes a seca de ponteiros e ao déficit hídrico, avaliados sob condições de estresse, foram agrupados a partir de 4 marcadores fenotípicos e discriminados, correta e precocemente, dos clones suscetíveis ao distúrbio.

Apoio: Suzano Papel e Celulose

Marcadores fenotípicos para seleção precoce de clones de eucalipto tolerantes à seca de ponteiros relacionada ao déficit hídrico

CONDÉ, S. A.[1,2]; LOURENÇO, R. D. [3]; CORREA, T. R. [2]; SILVA, N. M.[1].; PICOLI, E. A.T.[1]; DIAS, L.A. S. [2]

[1]Laboratório de Anatomia Vegetal, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Agroenergia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Laboratório de Recursos hídricos, Departamento de Engenharia Agrícola, Universidade Federal de Viçosa.

A seca de ponteiros do eucalipto é um distúrbio fisiológico com etiologia complexa, induzida por fatores bióticos e abióticos, onde o estresse hídrico se destaca como um dos fatores intensificadores da ocorrência dele. A seleção precoce para tolerância à seca de ponteiros, característica manifestada na idade adulta das plantas, pode ser útil ao estabelecimento de uma metodologia que possibilite classificar clones quanto ao seu grau de tolerância ainda na fase de mudas, por meio da avaliação de marcadores fenotípicos específicos e de fácil mensuração. De forma semelhante, esta seleção precoce pode facilitar a discriminação de genótipos de eucalipto tolerantes ao déficit hídrico. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos de características morfológicas, nutricionais, fisiológicas e anatômicas candidatas a marcadores para seleção precoce para a tolerância a seca de ponteiros e ao déficit hídrico, em 12 clones comerciais de eucalipto. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos, procedimento REML/BLUP. Foram conduzidos três tratamentos: controle (manejo padrão do viveiro), 100 mL de água ao dia, e 300 PEG g L^{-1} (aplicação de 100 ml de solução 300 g L^{-1} a cada dois dias). O estresse hídrico simulado nestes dois últimos tratamentos teve duração de 120 dias, período de condução do experimento. Foram avaliadas um total de 24 características a fim de selecionar as mais promissoras para seleção precoce à seca de ponteiros e discriminar genótipos divergentes quanto a tolerância ao déficit hídrico. Dentre todas as características avaliadas, a altura da planta, área foliar, teores de K e B, fotossíntese, número de estômatos e área de tecido vascular no pecíolo foram as que apresentaram herdabilidade de maior magnitude e maior acurácia. Foram identificados e discutidos diferentes marcadores fenotípicos para seleção precoce visando a tolerância à seca de ponteiros e ao déficit hídrico.

Apoio: Suzano Papel e Celulose

Modo de reprodução preferencial em vinca (*Catharanthus roseus* [L.] G. Don)

AMORIM, G. T. dos S.[1]; DAMASCENO JUNIOR, P. C.[1]; PINTO, T. de O.[1]

[1]Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas (LCBMP), Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

A vinca (*Catharanthus roseus* [L.] G. Don) produz dois alcaloides utilizados no tratamento de alguns tipos de câncer em humanos. Estes ocorrem em baixas concentrações nas plantas da espécie. Trabalhos de melhoramento são essenciais para o aumento da concentração dos referidos metabólitos. Como atividade inicial no programa de melhoramento da espécie na Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), objetivou-se no presente trabalho conhecer o modo de reprodução preferencial da vinca. Para tal, foram analisados dez genótipos pertencentes a coleção de germoplasma de vinca do Departamento de Fitotecnia (DFITO) da UFRRJ. Inicialmente, estimou-se a relação p:o (grão de pólen por óvulo). Nesta etapa, anteras de cada botão floral/genótipo foram dissecadas, e os grãos de pólen foram contados utilizando-se metodologia apropriada; ovários foram dissecados, e os óvulos foram contados em estereomicroscópio. Com base na relação p:o, os genótipos foram classificados como autógamo obrigatório ou facultativo, ou ainda, alógamo facultativo ou obrigatório. Posteriormente, pistilos de cada genótipo foram coletados, fixados, amaciados e corados para observação dos tubos polínicos no estigma, estilo e ovário, utilizando-se microscopia de fluorescência. Os pistilos foram oriundos de: autopolinização natural e artificial em botões florais, autopolinização em flores protegidas, e polinização aberta em flores livres. Computou-se o percentual do número de botões florais ou flores/genótipo que apresentaram tubos polínicos nas três regiões do pistilo anteriormente citadas. Os resultados da relação p:o indicaram que dos 10 genótipos analisados, 01 foi autógamo obrigatório, 01 foi alógamo obrigatório, e 08 apresentaram um sistema misto: autógamo facultativo/alógamo obrigatório. As análises em microscopia de fluorescência permitiram inferir que 3 dos 8 com sistema misto, tenderam a ser mais autógamo, e os outros 5, mais alógamo. De forma geral, 90% das autogamias foram reforçadas pela cleistogamia, e nenhuma das alogamias foram reforçadas por sistemas de autoincompatibilidade genética. Os resultados indicaram um alto polimorfismo em relação ao modo de reprodução preferencial em vinca.

Apoio: CAPES, Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia - PPGF e Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro - UFRRJ.

Multi-product NIR model to predict fibre content in sugarcane clones

GONÇALVES, M.T.V.[1]; CARDOSO, W.J.[2]; ROQUE, J.V.[2]; FERREIRA, R.A.[3]; RIBEIRO, D.P.A[1]; PETERNELLI, L.A[3]

[1]Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa
[2]Departamento de Química, Universidade Federal de Viçosa
[3]Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa

Sugarcane is a cross-pollinated and clonally propagated crop cultivated in tropical and subtropical regions. First generation ethanol is the resultant product of alcoholic fermentation of sugarcane juice. Moreover, second generation ethanol can be obtained from the remaining biomass material (bagasse) after stalks are crushed. The adoption of bagasse in sugarcane mills as a feedstock in cogeneration systems for second generation ethanol, and electricity production has been receiving great attention. Near-infrared (NIR) instruments coupled with multivariate analysis, such as partial least squares (PLS) regression has been allowed the development of calibration models to efficiently screen sugarcane clones based on their biochemical components. PLS models are mainly local models, i.e., models with limited use. Multi-product PLS models cope with this limitation once it is calibrated using multiple samples matrices, increasing the model robustness. Therefore, this work aimed to investigate the potential of a multi-product NIR-PLS model to predict sugarcane clone's fibre content. A single calibration model including three different types of samples, freshly cut stalks, leaves, and dry grind bagasse was built. A total of 140 samples were collected in July 2017 at the experimental trial station of the Universidade Federal de Viçosa located in Viçosa, Brazil. A Fourier Transform NIR Spectrometer at a wavelength region ranging from 10000 cm^{-1} to 4000 cm^{-1} was used. Initially, the data matrix was divided into calibration and validation test sets using the Kennard-Stone algorithm. The pre-treatment combination that outputted the best results were standard normal variate followed by mean centering and orthogonal signal correction. PLS regression was used to build the model. The model presented correlation coefficient of cross-validation and prediction of 0.61 and 0.67, respectively, and root mean squared error of cross-validation and prediction of 2.26 and 2.24, respectively. The results obtained in this study provide evidence that multi-product models are feasible alternatives to be adopted in place of traditional analytical methods in sugarcane breeding programs.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES, Ridesa.

Otimização de seleção em teste de progênies de *Eucalyptus benthamii* para crescimento e qualidade da madeira avaliada via Near-Infrared Spectroscopy (NIR)

CASTRO, C. A. de O.[1]; NUNES, A.C.P.[2]; MENDES, G. G. C.[4]; DAMACENA, M. B.[1]; SANTOS, O. P[3].; SANTOS, G. A.[4]

[1]Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa
[2]Centro de Formação em Ciências Agroflorestais,
Universidade Federal do Sul da Bahia
[3]CMPC Celulose Riograndense
[4]Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa

O *Eucalyptus benthamii* possui potencial para produção de madeira no sul do Brasil. Entretanto, a espécie é considerada vulnerável a extinção e possui uma base genética restrita, sendo crucial a adoção de técnicas de seleção para a conservação de seus recursos genéticos. A otimização de seleção em testes de progênies no melhoramento, para a formação de Pomar de Sementes por Muda (PSM), permite selecionar os melhores genótipos, obter ganhos genéticos e manter a diversidade genética, com adequado tamanho efetivo (Ne) e endogamia (F). A seleção requer a mensuração dos indivíduos, a densidade e o rendimento de polpa, para cálculo do Incremento Médio Anual de celulose (IMAcel). Métodos não destrutivos, como a Near-Infrared Spectroscopy (NIR), permitem estimar as referidas características, reduzindo tempo e custo da análise. O objetivo deste estudo foi avaliar o uso de métodos de otimização de seleção em teste de progênie de *E. benthamii*, baseando-se no Ne, F e IMAcel, calculados com dados obtidos com auxílio do NIR. A otimização foi realizada no *software* Selegen, para selecionar as melhores famílias e indivíduos a partir de seus ganhos genéticos. Dois tipos de otimizações foram testadas: a balanceada e a desbalanceada. A balanceada consistiu em selecionar, em média, 10 indivíduos por família, nas 40 melhores famílias. A otimização desbalanceada foi realizada através da simulação de 72 cenários, nos quais, Ne, F e ganho acumulado foram obtidos. A seleção foi feita para as melhores famílias e, posteriormente, entre os indivíduos dentro de cada família, tendo sido selecionados mais indivíduos das melhores famílias. A deviance foi significativa para todos os caracteres, indicando variabilidade genética na população (h^2a do IMAcel igual a 0,5139) e que é possível obter ganhos genéticos a partir da seleção. No cenário balanceado foram selecionados 369 indivíduos, obtendo-se Ne de 119 e ganho genético de 36%. Na desbalanceada, foi selecionado o cenário 53, o qual sugeriu a manutenção de 100 indivíduos e 36 famílias, obtendo-se Ne de 54 e ganho de 64,21% em relação a população original. A otimização desbalanceada mostrou-se mais eficiente para formação de PSM.

Apoio: CNPq, CAPES, Fapemig e CMPC celulose Riograndense e GenMflor

Parâmetros genéticos de bulbos de gladíolo conforme diferentes diâmetros e exposição a baixas temperaturas

CONDÉ, S. A.[1]; LOURENÇO, R. D. [2]; CONDÉ, J. N. [3]; MIRANDA I. R.[1]
[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Engenharia Agrícola, Universidade Federal de Viçosa.
[3] IF sudeste de Minas Gerais, campus Rio Pomba.

O gladíolo (*Gladiolus L*.) popularmente conhecido como palma-de-santa-rita, é uma planta herbácea bulbosa e em crescente expansão no mercado nacional e internacional de flores e plantas ornamentais. A propagação por sementes é inviável devido a segregação, que acarreta em plantas desuniformes. Dessa forma, o método de propagação assexuada é o método mais utilizado. O bulbo-mãe é plantado após a superação da dormência, que muitas vezes é suplantada através da exposição ao frio gerando os bulbos-filho. O objetivo desse trabalho foi avaliar parâmetros genéticos para a produção e qualidade de florescimento de diferentes genótipos de gladíolo, em função do diâmetro dos bulbos e período de exposição ao frio. O experimento foi conduzido a campo, no Setor de Floricultura do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa-MG, num período de 120 dias. Foram utilizados quatro genótipos de gladíolo, com bulbos de diferentes diâmetros (4, 5, 6 e 7 cm), e armazenados em Câmara Fria a 5°C, por 20,30,40 e 50 dias. Para cada variedade e tamanho de bulbo, utilizou-se o delineamento estatístico DBC, com parcelas subdivididas em esquema fatorial 5x4+1 tratamento adicional. As parcelas foram representadas pelos períodos de frios, as subparcelas pelas variedades e o tratamento adicional constituído por bulbos sob condições ambientais, com plantio na mesma data do último período ao frio. As variáveis avaliadas foram: plantas induzidas ao florescimento (%), ciclo de cultivo (período compreendido entre o plantio dos bulbos e o ponto de colheita) e a qualidade de florescimento. Os dados foram submetidos à análise da variância (ANOVA), com o auxílio do programa SAS. Para a comparação das médias foi adotado o teste de Tukey ($p<0,05$). Os resultados mostraram que há maior produtividade e qualidade das flores e, menor ciclo de cultivo com o aumento do diâmetro dos bulbos em condições de maior exposição ao frio. A escolha de genótipos com bulbos maiores em diâmetro e expostos a maior exposição a períodos frios possibilitou uma colheita mais rentável.

Apoio: Departamento de Fitotecnia

Parâmetros genéticos e fenotípicos em linhagens de arroz de terras altas pertencentes ao ensaio de observação da UFLA

FÉLIX, M. R.[1]; SILVA, C. S. C.[2]; CAZASSA, R. S.[2]; SILVA, C. T.[2]; MOURA, A.M.[2]; BOTELHO F, B. S.[2.]

[1] Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras.
[2] Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras.

O arroz (*Oryza sativa*) é um dos cereais mais produzidos e consumidos no mundo, caracterizando como principal alimento para mais da metade da população mundial. O programa de melhoramento genético de Arroz de Terras Altas da UFLA em uma das etapas de avaliação consta-se o ensaio de observação na avaliação e seleção de genótipos promissores. As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são de extrema importância para auxiliar na eficiência do programa na condução e seleção das populações. Sendo assim, o objetivo do trabalho foi avaliar as linhagens de arroz no ensaio de observação. O experimento foi implantado na safra 2016/17, na área experimental do departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras constituindo em 144 linhagens, avaliadas em delineamento em blocos completos casualizados com duas repetições e parcelas constituídas por três linhas de dois metros, espaçadas a 0,35 m. As características avaliadas foram: florescimento, altura de planta e produtividade de grãos. Observou-se nas avaliações, a existência de variabilidade genética entre as linhagens. A produtividade média de grãos foi de 4.900 kg/ha. Em relação à altura das plantas, a altura média das linhagens foi de 93 cm. A floração média das linhagens foi de 104 dias. Para avaliar a precisão experimental, foram estimadas as acurácias, as quais foram de 70% (produtividade de grãos), 95% (dias para o florescimento), 71% (altura de planta). Os valores estimados para herdabilidade foram 49% para produtividade de grãos (kg/ha), 91% para dias para o florescimento, e 51% para altura de plantas (cm). De acordo com as estimativas do ganho de seleção, considerando o caráter produtividade de grãos em kg/ha, é esperado um ganho genético de 1.055 kg/ha, uma redução de 8,41 dias para o florescimento e uma redução de 4,72 cm para altura de plantas com intensidade de seleção de 10% das progênies. Os resultados indicam o sucesso de seleção dos genótipos de arroz de terras altas do programa de melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFLA em parceria com a EMBRAPA Arroz e Feijão e EPAMIG, visando à obtenção e recomendação de linhagens produtivas, precoces e porte médio.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG

Potencial de famílias derivadas do terceiro ciclo de seleção recorrente no melhoramento do feijão-vermelho

PAULA, I. G.[1]; SANTOS, L.M.O.[1]; SOUZA, D.T.[1]; QUINTÃO, P.C.M.M.[1]; COUTINHO, A.S.R.[1]; CARNEIRO, J.E.S.[1]

[1]Laboratório de Melhoramento de Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O cultivo do feijão comum (Phaseolus vulgaris L.) é uma prática de grande importância socioeconômica no Brasil, tendo em vista que o país é o maior produtor e consumidor do grão. O grupo comercial vermelho é amplamente cultivado na região da Zona da Mata de Minas Gerais e, portanto, o desenvolvimento de cultivares que atendam à demanda dos produtores dessa região é de grande valia. O método de melhoramento que tem se destacado quanto ao uso no melhoramento do feijoeiro é a seleção recorrente. Uma etapa importante deste processo é a identificação de famílias superiores, na qual possibilita a extração de linhagens no decorrer de cada ciclo de seleção. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o potencial de famílias derivadas do terceiro ciclo de seleção recorrente (C_{III}), visando a obtenção de linhagens superiores no melhoramento do feijão-vermelho. Foram avaliados dois experimentos, na Estação Experimental de Coimbra, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da UFV, em Coimbra-MG, nas safras da seca e de inverno no ano de 2017. As características avaliadas foram produtividade de grãos (kg ha^{-1}), aspecto de grãos e arquitetura de plantas. O experimento consistiu-se de 62 tratamentos, sendo 58 famílias oriundas do C_{III}, avaliados juntamente com quatro testemunhas. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com 3 repetições e as parcelas foram constituídas por duas linhas de dois metros, espaçadas de 0,50 m. Para a avaliação das famílias foi estimado um ganho individual para cada família relativo a cultivar Ouro Vermelho, amplamente cultivada na região. Foram identificadas três famílias com ótimo aspecto de grãos e superiores à cultivar Ouro Vermelho quanto à produtividade de grãos. Estas famílias apresentaram grande potencial para extração de linhagens superiores de feijão vermelho quanto a estes atributos. Cinquenta e cinco famílias se equipararam à cultivar Ouro Vermelho quanto à produtividade de grãos, sendo, também, promissoras para a extração de linhagens. De modo geral, as famílias apresentaram porte prostrado, sugerindo que genitores de porte ereto sejam incluídos nos próximos ciclos de recombinação visando a melhoria desta característica.

Apoio: Fapemig, CNPq, CAPES.

Potencial de uso da técnica de Near-Infrared Spectroscopy (NIR) em fenotipagem de *Eucalyptus benthamii*

CASTRO, C. A. de O.[1]; NUNES, A. C. P.[2]; MENDES, G. G. C.[4]; FERRAZ, A. G.[1]; SANTOS, O. P.[3]; SANTOS, G. A.[4]

[1]Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa
[2]Centro de Formação em Ciências Agroflorestais,
Universidade Federal do Sul da Bahia
[3]CMPC Celulose Riograndense
[4]Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa

A Near-Infrared Spectroscopy (NIR) permite a coleta de dados fenotípicos de forma não destrutiva e apresenta potencial de aceleração de ciclos seletivos, considerando diversos caracteres relacionados a qualidade da madeira. Dentre as espécies do gênero, o *Eucalyptus benthamii* destaca-se por apresentar boa produtividade em regiões de geadas e qualidade da madeira adequada para a produção de celulose. Neste sentido, o objetivo deste estudo foi aplicar a tecnologia NIR para auxiliar na fenotipagem de árvores para caracteres de qualidade da madeira em teste de progênie de meio-irmãos de *E. benthamii*. O teste foi instalado com delineamento em blocos ao acaso (DBC), no município de Encruzilhada do Sul - RS, com o total de 1394 árvores. Aos 55 meses, foram coletadas amostras de serragem de 80 árvores, as quais foram processadas e lidas por meio do NIR. Além disso, a densidade básica e o rendimento de polpa foram mensurados por meio da química úmida. Modelos de regressão foram calibrados pelo método dos mínimos quadrados parciais, para correlacionarem os espectros emitidos pelo NIR com as medidas de química úmida, permitindo a estimação dos fenótipos para o restante da população. A partir dos valores de densidade básica e rendimento de polpa obtidos pelos modelos, o incremento médio anual de celulose (IMAcel) foi calculado. As estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres mensurados, foram obtidas utilizando o *software* Selegen. As herdabilidades individuais no sentido restrito (h^2a) para densidade (33,1%) e rendimento de polpa (32,2%) foram classificadas como média. Para o IMAcel, a h^2a foi considerada alta (51,4%), sugerindo a presença de controle genético e possibilidade de obtenção de ganhos com a seleção. A acurácia para todos os caracteres foi superior a 74,5%, o que indica alta relação entre o valor genético predito com o real. Além disso, o coeficiente de correlação da predição do NIR apresentou valores acima de 85% para a densidade e o rendimento de polpa, indicando um alto potencial preditivo da tecnologia NIR para a seleção de genótipos de *E. benthamii*.

Apoio: CNPq, CAPES, Fapemig, CMPC celulose Riograndense e GenMflor

Predição de ganho genético na população de milho UFVM100(HS)C1 na Zona da Mata Mineira

DESTRO, V.[1]; CAIXETA, D. G.[1]; LIMA, N. L.[1]; LUZ, L. S.[1]; REZENDE, W. M.[1]; DELIMA, R. O.[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

As variedades de polinização aberta (VPA) de milho são cultivares indicados para pequenos agricultores. Estas exigem baixo investimento inicial e possibilitam a produção da própria semente. Porém, essas vantagens só se sustentam em casos de boa produtividade. A UFVM100(HS)C1 é o segundo ciclo de seleção recorrente da UFVM100, uma VPA indicada para a região da Zona da Mata de Minas Gerais. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar os ganhos de seleção na população UFVM100(HS)C1. Para isso, 110 progênies de meios-irmãos maternos extraídas da população UFVM100(HS)C1, foram avaliadas em três locais da Zona da Mata na safra 2017/18. O delineamento experimental usado foi o alfa látice 11x10 com duas repetições. Cada unidade experimental foi composta de uma linha de 5 m de comprimento, espaçadas em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento masculino (FM, em dias) e feminino (FF, em dias), altura de planta (AP, em cm) e espiga (AE, em cm) e produtividade de grãos (PG, em kg ha^{-1}). Após a obtenção dos dados, estes foram analisados pelo método de modelos mistos via REML/BLUP com auxílio do programa R. Todos os caracteres apresentaram variância significativa pelo teste qui quadrado *(P<0,01).* O coeficiente de variação experimental variou de 2,43% (FM) a 15,81%(PG) e pode ser considerado bom, o que indica boa precisão experimental. As médias iniciais da população foram 73 dias, 75 dias, 239 cm, 143 cm, 7869,1 kg ha^{-1} para FM, FF, AP, AE e PG, respectivamente. Houve interação genótipos x ambientes significativa *(P<0,05)* para PG, isso indica que as progênies mais produtivas em local não será necessariamente a mais produtiva em nos outros dois locais. Realizou-se uma seleção truncada dos 20 indivíduos mais produtivos, o que caracterizou uma intensidade de seleção de 18,2%. Os ganhos indiretos foram de 0,23, 0,27, 1,70 e 3,52% em FM, FF, AP e AE e o ganho direto em PG foi de 9,03%. Conclui-se que há variabilidade genética para os caracteres avaliados na população de milho UFVM100(HS)C1, a mesma tem potencial para o melhoramento, e que após a recombinação das progênies selecionadas a média estimada de PG da população melhorada é de 8580 kg ha^{-1}.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES e FUNARBE

Produtividade de cultivares de café arábica na Zona da Mata Mineira

GIARDINI, R. M[1].; FERREIRA, T. C. [2]; MOURA, W. M. [2]; CAVALCANTE, V. S. [2]; PEREIRA, M. G. [1]; COSTA, T. L.[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa.
[2]EPAMIG Sudeste.

A cafeicultura possui grande importância na história e economia do Brasil. Em 2017, a produção de café arábica foi de 34,25 milhões de sacas. Para manter altas produtividades é necessário o uso de cultivares apropriadas conforme ao sistema de cultivo a ser adotado. Neste sentido, avaliou-se a produtividade de diversas cultivares de café arábica na Zona da Mata Mineira. O experimento foi instalado, no município de Oratórios, MG, em delineamento de blocos casualizados com 22 cultivares e três repetições. As parcelas foram constituídas de sete plantas, com espaçamento de 0,7 x 3,6m, entre plantas e fileiras, respectivamente. Foram avaliadas em 2018 as seguintes características: produtividade em sacas de 60kg de café beneficiado ha^{-1} (scs ha^{-1}) e percentagem de frutos com lojas vazias. Os dados foram analisados utilizando o programa SAEG e as médias comparadas pelo teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. As cultivares apresentaram diferença significativa para produtividade e foram classificadas em quatro grupos, o primeiro representado pela cultivar Icatu Vermelho IAC 4045-47 obteve produtividade de 91,66 scs ha^{-1}. O segundo grupo que corresponde a 36,36% das cultivares apresentou produtividades entre 57,87 a 71,72 scs ha^{-1}. O terceiro grupo composto por 50% das cultivares com produtividades entre 27,08 a 53,47 scs ha^{-1}. O quarto grupo representado pelas cultivares Siriema 842 e Icatu Amarelo IAC 3282 foi o menos produtivo, com 10,41 e 27,08 scs ha^{-1}, respectivamente. As cultivares foram divididas em dois grupos quanto à percentagem de frutos com lojas vazias, o grupo com maior média apresentou 27%, valor acima do aceitável e o outro grupo com média de 6,97%. Nesse último grupo constatou-se também duas cultivares com valores insatisfatórios, superior a 10%. A variabilidade constatada nas cultivares com relação as características avaliadas podem ser exploradas em programas de melhoramento genético. Com base nas avaliações da safra 2018, nove cultivares apresentam potencial para o cultivo na região, dentre essas se destaca a cultivar Icatu Vermelho IAC 4045-47.

Apoio: Consórcio Pesquisa Café e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Produtividade em acessos de *Physalis peruviana* cultivados em Guarapuava-PR

GARCIA NETO, J.[1]; AKSENEN, T.[2]; RESENDE, J. T. V.[3]; ZEIST, A. R.[3]; ALMEIDA, K. C.[2]; SILVA, I. F. L.[2]

[1]Centro Universitário Campo Real.
[2]Núcleo de Pesquisa em Hortaliças, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro Oeste.
[3]Universidade Federal de Lavras.

As pequenas frutas do gênero *Physalis* possuem fins fitofármacos pelos poderes antioxidantes, nutricionais e alta concentração de vitamina C. Esses aspectos concedem potencial à espécie *P. peruviana*. A avaliação da produtividade pode conceder informações fundamentais para a caracterização de acessos e identificação daqueles que apresentam potencial agronômico para cultivo nas condições edafoclimáticas de clima subtropical do Brasil. Considerando as informações supracitadas, o objetivo com o trabalho foi avaliar a produtividade em sete acessos de *P. peruviana* em Guarapuava-PR. Para a execução do experimento, foram cultivados sete acessos de *P. peruviana* pertencentes ao Banco de Germoplasma do Núcleo de Pesquisa em Hortaliças da Universidade Estadual do Centro-Oeste no ano agrícola de 2017/2018 em delineamento experimental com blocos ao acaso, com quatro repetições, cada parcela foi constituída por oito plantas. A colheita dos frutos foi realizada mensalmente, estes foram avaliados quanto ao número de frutos comerciais (frutos planta^{-1}) – determinado pela soma do número dos frutos colhidos nas diferentes datas, a fim de estabelecer o número total de frutos classificados dentro dos padrões comerciais por planta; diâmetro de frutos comerciais (mm fruto^{1}) – determinada por meio da média do diâmetro horizontal e vertical dos frutos, mensurada com paquímetro digital; e peso de frutos comerciais (g planta^{-1}) – determinada por meio da pesagem da produção acumulada dos frutos. Observou-se que o acesso RVP 03 foi o que apresentou maior número e produção de frutos comerciais, seguido pelo acesso RVP 01. No entanto, estes apresentaram os menores diâmetros de frutos. Os acessos RVP 04, RVP 05 e RVP 07 foram os que apresentaram o maior diâmetro de frutos. Os acessos RVP 03 e RVP 01 demonstraram potencial para serem cultivados pelos agricultores de Guarapuava-PR e serem utilizados como recursos intraespecíficos para programas de melhoramento genético de *P. peruviana*.

Apoio: Fundação Araucária

Reguladores vegetais no desenvolvimento de mudas de híbridos de morangueiro

ZEIST, R. A.[1]; RESENDE, J. T. V.[1]; ZEIST A. R[2]; GABRIEL, A[1]; PINHEIRO, D. F[1]; DINIZ, F. C. P.[1]

[1]Laboratório de Fisiologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste
[2]Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras

Produzido e apreciado nas mais variadas regiões do mundo, o morangueiro (*Fragaria x ananassa*) é considerado uma das espécies de maior expressão econômica entre as pequenas frutas. A propagação do morangueiro em programas de melhoramento genético e feita através de sementes denominadas aquênios e utilizada para obter variabilidade genética nos programas de melhoramento. As mudas obtidas de aquênios têm desenvolvimento inferior em comparação as obtidas por propagação vegetativa. Com base nas informações, surge como alternativa aplicar reguladores vegetais, que podem contribuir para o desenvolvimento de híbridos, já que atuam nos processos de floração, diferenciação e desenvolvimento da planta. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o índice de área foliar das mudas de morangueiro quando aplicado reguladores vegetais. O experimento foi realizado em casa de vegetação localizada na Universidade estadual do Centro-Oeste Campus Cedeteg, Guarapuava-Paraná, utilizando-se mudas obtidas a partir da germinação de aquênios da cultivar Albion. O delineamento experimental foi Inteiramente casualizado (DIC) 4x1 sendo quatro reguladores vegetais (100 ppm) e uma testemunha padrão com quatro repetições. Os reguladores vegetais utilizados foram ácido indol-3 butírico (IBA), ácido giberélico (GA_3), 6-benzilaminopurina (ANA), Stimulate®. A realização da aplicação se deu quando as mudas possuíam três folhas verdadeiras aplicando-se via foliar semanalmente em um período de 50 dia a aplicação foi realizada com pulverizador CO_2. A avaliação foi realizada após a ultima alicação aos 50 dias. Para a medição da área foliar utilizou-se o aparelho LI-3100 C. O resultados foram submetidos a teste de Tukey a nível de 5% de probabilidade. Com os resultados obtidos foi possível constatar com maior índice de área foliar o biorregulador Stimulate® diferenciando estatisticamente das demais com maior media de área foliar seguido de 6-b ANA, AIB, GA3, sendo uma boa alternativa o uso do Stimulate® para o desenvolvimento de mudas de morangueiro provenientes de aquênios.

Apoio: CAPES, CNPQ

Reguladores vegetais no desenvolvimento inicial de híbridos de morangueiro

ZEIST, R. A.[1]; RESENDE, J. T. V.[1]; ZEIST, A. R[2]; GABRIEL, A. PINHEIRO, D. F[1]; MOROZINI, A, M[1].

[1]Laboratório de Fisiologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste
[2]Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras

Para o melhoramento genético de morangueiro a obtenção de novos híbridos e feita via sementes, chamadas de aquênios, para favorecer a recombinação de genes. Por tanto suas sementes são pequenas com baixa reserva de nutrientes para o seu desenvolvimento inicial, tanto radicular e parte aérea. Com base nas informações supracitadas o objetivo desse trabalho foi avaliar o uso de biorreguladores vegetais no desenvolvimento inicial após a germinação. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, Guarapuava – PR. Foram utilizados aquênios da cultivar Albion, os aquênios foram extraídos manualmente, lavadas, secadas e submetidas a quebra de dormência tegumentar em Ácido Sulfúrico (H_2SO_4 98%) durante 15 minutos e após foram lavados novamente e submetidas a embebição com reguladores vegetais durante quatro horas. O delineamento experimental foi Inteiramente casualizado (DIC), fatorial 4x1 sendo quatro reguladores vegetais Ácido Indol-3-Butírico (AIB), Ácido Giberélico GA3, 6-benzilaminopurina (ANA) e Stimulate® e uma dose de (100 ppm) com quatro repetições e uma testemunha padrão com água destilada (H_2O). Cada unidade amostral constou de uma caixa de acrílico, tipo gerbox, duas folhas de papel Germitest®, sobrepostas e umedecidas, 50 aquênios acondicionados na face superior das folhas. Os aquênios permaneceram em câmara climática de crescimento de planta, sob ciclos de 8/16 horas de luz fluorescente difusa e escura, a 25 °C, com umidade relativa de 75%. A avaliação do desenvolvimento das novas plântulas foi feita através da porcentagem de matéria seca aonde após 40 dias da germinação foram retiradas secadas em estufa de circulação de ar constante a 60 °C ate atingir peso constante. Os resultados foram submetidos a teste de Tukey a nível de 5% de probabilidade. O biorregulador Stimulate® obteve a maior media se destacando das demais, porém não diferiu estatisticamente de AIB e GA3 somente de ANA e da testemunha.

Apoio: CAPES, CNPq

Resistência de cultivares de soja à podridão branca da haste

NASCIMENTO, E. F.[1]; SOARES, B. A.[1]; SILVA, L. A.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de Genética de Soja, Departamento de Fitotecnia,
Universidade Federal de Viçosa.

O Brasil é atualmente o segundo maior produtor de soja, *Glycine Max* (L.) Merrill. A podridão branca da haste (PBH), doença causada pelo agente etiológico *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, causa grande decréscimo na produção deste grão no país. A utilização de cultivares resistentes ao patógeno é uma forma de controle barata e ambientalmente sustentável. Nosso objetivo foi avaliar 146 cultivares de soja quanto a resistência à PBH. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, sob temperatura de 18 a 22 °C e umidade relativa acima de 80%. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso, com três repetições e parcelas constituídas de duas plantas por vaso. O método de inoculação utilizado foi o *straw test*, onde as plantas são inoculadas em V4 com meio de cultura e micélio do patógeno. Obtivemos notas (1=Plantas sadias, 2=Lesão apenas no pecíolo lateral, 3= Lesão além do pecíolo lateral, mas não se estende até o primeiro nó, 4=Lesão se estende até o primeiro nó, 5= Lesão entre o primeiro e o segundo nó a partir do pecíolo, 6= Lesão até o segundo nó, 7= Lesão entre o segundo e terceiro nó, 8= Lesão se estende até o terceiro nó e 9= Lesão além do terceiro nó) e mensuramos o comprimento de lesão em centímetros no sétimo dia após a inoculação. Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade no software Genes. Houve diferença significativa tanto para notas (p-valor=0.0001562) quanto para comprimento de lesão (p-valor = 0.0168). Foi possível observar dois grupos diferentes para ambas as variáveis. A média dos tratamentos com maiores notas foi de 3.5 enquanto que a média dos tratamentos de menores notas foi de 2.97. Já para comprimento de lesão, as médias dos grupos foram de 13.3 e 9.27. O coeficiente de variação para nota e comprimento de lesão foi de 13 e 31%, respectivamente. Podemos concluir que existe cultivares mais resistentes à PBH dentre as estudadas neste trabalho. Para fins de programa de melhoramento é possível eliminar as cultivares que permaneceram no grupo de maior nota e comprimento de lesão, uma vez que não possuem resistência à *S. sclerotiorum*.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

Resistência de genótipos de *Coffea canephora* à raça II de *Hemileia vastatrix*

GONZALES, R. V.[1]; ZAMBOLIM, L.[1]; ALMEIDA, D. P.[2]; SOUSA, T. V.[2]; CAIXETA, E. T.[2]; ROSADO, R. D. S.[3]

[1]Laboratório de Proteção de Plantas, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa
[2]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral Universidade Federal de Viçosa
[3]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa

A seleção de genótipos de *C. canephora* é uma prática comum por parte de produtores do estado do Espírito Santo, sendo realizada com base em observações de características fenotípicas desejáveis, não havendo estudos criteriosos sobre a resistência destes materiais a doenças. Este trabalho objetivou avaliar a resistência de 25 genótipos de *C. canephora* a raça II de *H. vastatrix,* agente causal da ferrugem-do-cafeeiro. O experimento foi conduzido no Laboratório de Proteção de Plantas - UFV. Folhas jovens de plantas pertencentes a genótipos oriundos de seleção empírica ou pertencentes à variedade 'Vitória Incaper 8142' foram utilizadas para confecção de discos foliares de 20 mm de diâmetro, sendo estes acondicionados em caixas acrílicas. Sobre cada disco foram inoculados 0,025 ml de suspensão de esporos (2.10^6 uredósporos.ml^{-1}), sendo posteriormente incubados por 48 horas em câmara escura com temperatura de 22 °C. Posteriormente, o fotoperíodo foi ajustado para 12 horas.dia^{-1}. Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado com três repetições, sendo cada tratamento composto por um genótipo e cada repetição composta por uma caixa contendo 16 discos. Dos 10 aos 35 dias após a inoculação foram avaliadas a seguintes componentes de resistência: período de incubação; período latente; % de discos com sintomas; % de discos com esporulação; severidade e produção de esporos. Foi realizada análise multivariada das componentes para obtenção da matriz de distância de Mahalanobis e construção de dendograma pelo método UPGMA. O ponto de corte foi determinado a partir da análise visual do dendrograma, considerando distância genética de 23% da distância máxima estimada. Os genótipos foram alocados em cinco grupos, sendo eles: Suscetíveis (Ouro Negro, CV, 2B, V13, V7 e V12); Moderadamente Suscetíveis (SV105, Verdim, JC, Manara, SV103, K61, P2, Verdim do Triunfo, Jhones e V5); Moderadamente Resistentes (S2, LB1, Triunfo e Verdão); Resistentes (Timbuí, Delunardo, V3 e V4) e Imune (8PP). Genótipos classificados nos grupos Resistentes ou Imunes podem constituir potencial fonte de recursos genéticos em programas de melhoramento buscando resistência à ferrugem-do-cafeeiro.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Resistência de genótipos de *Coffea canephora* à raça XXXIII de *Hemileia vastatrix*

GONZALES, R. V.[1]; ZAMBOLIM, L.[1]; ALMEIDA, D. P.[2]; SOUSA, T. V.[2]; CAIXETA, E. T.[2]; ROSADO, R. D. S.[3]

[1]Laboratório de Proteção de Plantas, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa
[2]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral Universidade Federal de Viçosa
[3]Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa

A seleção empírica de genótipos de *C. canephora* por produtores é uma prática comum no estado do Espírito Santo, sendo realizada com base apenas em características fenotípicas desejáveis em campo e sem a realização de estudos criteriosos sobre resistência a pragas e doenças. Este trabalho objetivou avaliar a resistência de genótipos de *C. canephora* oriundos de seleção empírica ou pertencentes à variedade clonal 'Vitoria Incaper 8142' à raça XXXIII de *H. vastatrix*, agente causal da ferrugem-do-cafeeiro. O experimento foi conduzido no Laboratório de Proteção de Plantas - UFV. Foram coletadas folhas jovens de 29 genótipos, as quais foram utilizadas para confecção de discos foliares de 20 mm de diâmetro, sendo estes acondicionados em caixas acrílicas. Sobre cada disco foram inoculados 0,025 ml de suspensão de esporos (2.10^6 uredósporos.ml^{-1}), sendo posteriormente incubados por 48 horas em câmara escura com temperatura de 22 °C. Posteriormente, o fotoperíodo foi ajustado para 12 horas.dia^{-1}. Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado com três repetições, sendo cada tratamento composto por um genótipo e cada repetição composta por uma caixa contendo 16 discos. Dos 10 aos 35 dias após a inoculação foram avaliadas a seguintes componentes de resistência: período de incubação, período latente, % de discos com sintomas, % de discos com esporulação, severidade e produção de esporos. Foi realizada análise multivariada das componentes para obtenção da matriz de distância de Mahalanobis e construção de dendograma pelo método UPGMA. O ponto de corte foi determinado a partir da análise visual do dendrograma, considerando distância genética de 30%, agrupando os genótipos em quatro grupos, sendo eles: Suscetíveis (SV105, V6); Moderadamente Suscetíveis (Verdim do Triunfo, CV, 153, LB1, 2B, SV103, 7V); Resistentes (S2, 143, P1, P2, JC, Ouro Negro,Triunfo, Verdim, Verdão, Manara, Jhones, V5, V6, V9, V12, V13) e Imunes (8PP, Timbuí, K61, Delunardo). Genótipos como classificados dentro dos grupos Resistentes ou Imunes podem constituir fonte de recursos genéticos em programas de melhoramento visando resistência a ferrugem-do-cafeeiro.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)

Resposta à inoculação de *Bradyrizhobium japonicum* em linhagens de soja em Moçambique

DIQUE, J. E. L.[1,4]; SILVA, R. A.[2]; CASAGRANDE, C. R.[3]; STECKLING, S. M.[1]; ROMANO, N.[4]; CARNEIRO, J. E. S.[1].

[1]Programa Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[3]Laboratório de Genética de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[4]Setor de Leguminosas, Instituto de Investigação Agrária de Moçambique.

A utilização de inoculantes (*Bradyrizhobium japonicum),* na cultura da soja *Glycine max* (L). Merrill, tem se tornado uma prática indispensável. A inoculação realizada de forma correta, melhora a fixação biológica de nitrogênio (FBN), dispensando a aplicação total ou parcial de nitrogênio na cultura. Dessa forma, esta prática contribui para redução de custos e maior sustentabilidade, pois o uso excessivo de nitrogênio pode causar prejuízos ambientais. Por outro lado, o genótipo tem também papel importante neste processo. Assim, genótipos que respondam melhor a esse estímulo são fundamentais neste processo. Desse modo, o presente trabalho teve por objetivo avaliar a resposta de três linhagens de soja (TGx1740-2F, TGx1904-6F e TGx1908-8F) quanto à inoculação com *Bradyrizhobium japonicum.* Para isso foi conduzido um experimento na Estação Agrária de Sussundenga (EAS), Província de Manica, em Moçambique, no ano agrícola 2016/2017. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de seis linhas de cinco metros, espaçadas de 0,6 metros. As linhagens receberam o inoculante MHBioFix® na dose de 200 $g.ha^{-1}$., aplicado via sementes. As características avaliadas foram altura de planta (ALP), peso de biomassa seca (PBS), número de nódulos por planta (NNP) e produtividade de grãos (PROD). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do software Statistix. Verificou-se efeito significativo de linhagens ($p \leq 0,05$), para NNP e PROD. Com base no teste Tukey, ($p \leq 0,05$), foi possível constatar que a linhagem TGx1908-8F foi superior às demais quanto ao NNP e PROD, com 10,77 nódulos/planta e 4444 $kg.ha^{-1}$, respectivamente. As linhagens TGx1740-2F e TGx1904-6F apresentaram produtividades abaixo de 3000 $kg.ha^{-1}$. Portanto, a linhagem TGx1908-8F mostrou-se mais responsiva ao uso de inoculante MHBioFix®, apresentando assim potencial para ser recomendada na região de Sussundenga.

Apoio: Instituto de Investigação Agrária de Moçambique, BHEARD.

Resposta agronômica de híbridos de milho ao espaçamento e população de plantas na safrinha

REZENDE, W. M.[1]; LUZ, L.[1]; RODRIGUES, M. C.[1]; ZUFFO, L. T.[1]; DIAS, F. S. [1]; DE LIMA, R. O.[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Viçosa.

A escolha ideal do arranjo pode reduzir gastos com sementes e aumentar os ganhos. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a reposta de três híbridos de milho ao espaçamento entre linhas de plantio e a população de plantas em condições de safrinha. Para isso, foi realizado um experimento na segunda safra de 2016, na Estação Experimental de Coimbra. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados em esquema de parcelas sub-sub-divididas, com três repetições. As parcelas foram constituídas de quatro espaçamentos, as sub-parcelas foram constituídas de três híbridos comerciais de milho [híbrido simples (HS), triplo (HT) e duplo (HD)], e as sub-sub-parcelas foram constituídas de quatro populações de plantas. Os caracteres avaliados foram: número de espigas por planta (NE), número de fileiras na espiga (NF), comprimento da espiga (CE, cm), massa de 1000 grãos (M1000, g), densidade do grão (DG, g L^{-1}), profundidade de grão (PF, mm), produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância com o auxílio de software R, e para os caracteres significativos, foi realizado um teste de médias (Tukey, $P<0,01$) para o efeito do fator qualitativo (híbridos) e para o efeito do fator quantitativo (espaçamento e densidade), foi realizado a análise de regressão. O efeito de híbrido foi significativo para quase todos os caracteres, exceto para CE. Dessa forma, o HS foi o que apresentou a maior média para o caractere NF, e não diferiu do HT para NE. O HT foi o que apresentou melhor média para os caracteres P1000, PF e PG, não diferindo do HD para DG. Houve efeito significativo para população para os caracteres NE, CE, PF e PG. Foi ajustado uma equação de regressão para cada caractere. Para o caractere PG, foi ajustada uma equação do segundo grau, e a população de plantas que proporcionou a maior PG foi 71.206 plantas ha^{-1}. Para os demais caracteres, a equação ajustada foi de primeiro grau, onde o aumento da população faz com que a média dos caracteres sejam reduzidas. Conclui-se que há uma resposta dos híbridos nos componentes de produção de forma linear e PG de forma quadrática para o efeito de população de plantas.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG e FUNARBE

Seleção de genótipos de soja tolerantes ao estresse hídrico

SILVA, L. A.[1]; CARVALHO, N. T.[1]; FERREIRA, J. M. S.[1]; FONSECA, P. C.[1]; PAULA, R. G.[1]; SILVA, F. L.[1]

[1]Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja (*Glycine max* (L.) Merril) é uma das mais importantes leguminosas do mundo, principalmente para o Brasil, que é o segundo maior produtor da cultura. Atualmente, programas de melhoramento buscam a obtenção de cultivares que permitam um acréscimo em produtividade. Entretanto, a disponibilidade hídrica é apontada como o fator climático de maior impacto a produtividade agrícola, preconizando a distribuição das espécies ao longo das zonas climáticas. Assim, o objetivo do presente trabalho foi selecionar genótipos de soja tolerantes ao estresse hídrico. O experimento foi implementado em casa de vegetação no ano de 2017/2018 em delineamento de blocos ao acaso com três repetições, em esquema fatorial com dois fatores (controle e estresse). O fator controle se refere a parcelas com plantas irrigadas até atingir a capacidade de campo, já o fator estresse se refere à irrigação calculada por meio da curva de retenção, a partir do estágio reprodutivo de enchimento de grão (R5). As parcelas se constituíam de vaso com uma planta. Foi realizada uma análise de variância visando verificar a interação entre os genótipos e os dois fatores. Os genótipos foram selecionados a partir da comparação de médias dos genótipos nas condições controle e estresse, com uma intensidade de seleção de 10%, totalizando 2 genótipos. Os genótipos que não apresentaram diferença estatística significativa para a média entre os tratamentos foram selecionados por não reduzir a produção mesmo sob condição de estresse. A partir dos resultados obtidos, constatou-se presença de interação entre os genótipos, cujo comportamento foi diferente entre os tratamentos, permitindo selecionar os genótipos que melhor se comportam quanto a produtividade em condições de estresse. A média geral dos genótipos nas duas condições foram estatisticamente diferentes, sendo menor no estresse. Os genótipos DON MARIO 70i e EMBRAPA 48 foram selecionados por apresentarem melhor desempenho em condições de estresse hídrico. Portanto, estes genótipos podem ser selecionados como genitores no programa de melhoramento genético da soja visando cultivares tolerantes ao estresse hídrico.

Apoio: CAPES, CNPq, UFV (FAPEMIG)

Seleção de genótipos experimentais de cebola ao florescimento precoce

GABRIEL, A.[1]; RESENDE, J. T. V.[1]; ZEIST, A. R.[2]; ZEIST, R. A.[1]; LIMA FILHO, R. B.[1]; SANTOS, R. L.[3]

[1]Núcleo de Produção de Hortaliças, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro-Oeste.
[2]Produção de Hortaliças, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Lavras.
[3]Sakata Seed Sudamerica.

A cultura da cebola é cultivada como uma planta anual para fins comerciais, no entanto, mesmo que sejam plantas bienais que normalmente ocorre a produção de bulbos no primeiro ano de cultivo e posteriormente no segundo ano a emissão de flor e produção de sementes, o cultivo de cebola em determinadas condições edafoclimáticas e das características genéticas da própria cultivar pode florescer no primeiro ano de cultivo, processo denominado de florescimento precoce ou 'bolting' que reduz a produtividade de bulbos comercias. Diante do exposto, objetivou-se selecionar genótipos experimentais de cebola tolerantes ao florescimento precoce para a produção de cebola na região Sul do Brasil. O experimento foi implantado no ano agrícola de 2016 em Guarapuava-Pr com altitude de 1100 metros. Para isso foram avaliados 39 híbridos experimentais de cebola juntamente com duas testemunhas (Bella Dura e Buccaneer). O delineamento experimental foi em blocos com os tratamentos ao acaso e três repetições. Foi avaliado a porcentagem de plantas que apresentaram florescimento precoce (PFP). Os dados coletados foram submetidos aos testes de Bartlett e Shapiro-Wilk, atendendo os pressupostos de homogeneidade das variâncias e normalidade dos erros, procedeu-se a análise de variância individual. Em seguida as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a ($p \leq 0,05$) de probabilidade com auxílio do software Genes. Por meio do resumo da análise de variância infere-se que houve e efeito significativo para PFP pelo teste de F a ($p \leq 0,01$). Dessa forma evidencia a existência de variabilidade genética entre os genótipos de cebola e possibilidade de seleção de novos híbridos tolerantes ao PFP. As médias oscilaram de 0% (plantas sem florescimento) até 43,55% (genótipo 34), tal fato pode ser atribuído a variabilidade genética. Dos 41 híbridos avaliados, apenas 36,58% não floresceram. Tal fato pode ser atribuído a constituição genética desses genótipos que são tolerantes ao florescimento, já que as condições edafoclimáticas durante a condução do experimento foram favoráveis para expressar o florescimento em genótipos suscetíveis.

Apoio: Capes, CNPq e Fundação Araucária

Seleção de genótipos experimentais de cebola em duas épocas de transplantio em Guarapuava-PR

GABRIEL, A.[1]; RESENDE, J. T. V.[1]; ZEIST, A. R.[2]; ZEIST, R. A.[1]; NASCIMENTO, D. A.[3]; SANTOS, R. L.[4]

[1]Núcleo de Produção de Hortaliças, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro-Oeste.
[2]Produção de Hortaliças, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Lavras.
[3]Departamento de Agronomia, Faculdade Campo Real.
[4]Sakata Seed Sudamerica.

A cebola é hortaliça cuja adaptação em determinada localidade é condicionada a fatores de fotoperíodo e temperatura, o que limita a recomendação do mesmo híbrido para uma faixa ampla de latitudes aliado ao cultivo de cebola no mesmo local, o fotoperíodo e temperatura se alteram em função da época de semeadura/transplantio. Nos programas de melhoramento têm entre os objetivos selecionar novos híbridos com características agronômicas favoráveis e com elevada produtividade de bulbos. Diante do exposto, objetivou-se selecionar genótipos experimentais de cebola para produtividade em duas épocas de transplantio. O experimento foi implantado no ano agrícola de 2016 em Guarapuava-Pr com altitude de 1100 metros. Para isso foram avaliados 39 híbridos experimentais de cebola juntamente com duas testemunhas (Bella Dura e Buccaneer). O delineamento experimental foi em blocos com os tratamentos ao acaso e três repetições em duas épocas de transplantio (01/07/2016 e 01/08/2016). Foi avaliado o ciclo (transplantio a colheita) e produtividade de bulbos (PB, em t ha^{-1}). Os dados coletados foram submetidos aos testes de Bartlett e Shapiro-Wilk, atendendo os pressupostos de homogeneidade das variâncias e normalidade dos erros, procedeu-se a análise de variância individual e conjunta. Em seguida as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a ($p \leq 0,05$) de probabilidade com auxílio do software Genes. Por meio do resumo da análise de variância infere-se que houve e efeito significativo para genótipos para o C e PB pelo teste de F a ($p \leq 0,05$). O transplantio de cebola no mês de julho proporciona maior C em 11,20% e aumento de 36,69% na PB. O transplantio em agosto têm maior temperatura e fotoperíodo que ocasiona a bulbificação precoce e redução no C e PB em Guarapuava-Pr. Destacaram os genótipos experimentais 12, 16, 17 e 25 com produtividade superior as testemunhas comercias, sendo esses os mais indicados para semeadura.

Apoio: Capes, CNPq e Fundação Araucária

Seleção de híbridos de morangueiros por meio das suas características químicas

PINHEIRO, D. F.[1]; RESENDE, J.T. V[1], ZEIST, R.A.[1]; DINIZ, F. C. P[1], CÓRDOVA, K.R. V[2], LUSTOSA, S.B.C[3]

[1]Laboratório de Fisiologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste.
[2]Departamento de Engenharia de Alimentos, Universidade Estadual do Centro Oeste.
[3]Departamento de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste.

O morango (*Fragaria* x *ananassa Duch)* é uma das hortícolas mais conhecidas mundialmente devido principalmente, aos seus atributos nutricionais e organolépticos. O fruto possui compostos que reduzem o risco de infecções, melhora o funcionamento dos sistemas nervoso, cardíaco e digestório, fornecendo resistência aos tecidos, ossos e dentes. Considerando as informações supracitadas o objetivo do presente trabalho foi analisar as características químicas, na seleção de novos híbridos. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, Guarapuava – PR situado na latitude 25°23'01'' Sul e longitude 51°29'46'' Oeste, com altitude de 1.025 m. O clima local é subtropical úmido com temperatura média anual de 17 °C e de solo local classificado como Latossolo Bruno distroférrico típico. Foram analisados em triplicata o teor de sólidos solúveis, acidez titulável dos 20 híbridos oriundos do cruzamento da cultivar Monte Rey x RVFS16. O teor de sólidos solúveis foi obtido pela leitura direta em refratômetro de bancada, obtendo-se os valores em graus Brix (°Brix). Para a acidez titulável foram utilizadas alíquotas de 10 g de polpa de morango, 100 mL de água destilada, sendo esta solução titulada com solução padrão de NaOH 0,1 mol L^{-1} até pH 8,2. Os resultados foram expressos em gramas de ácido cítrico por 100 g de polpa. Os dados obtidos foram analisados por Análise de Variância (ANOVA), e as médias foram submetidas ao teste de comparação de médias, pelo Teste de Tukey à 5% de probabilidade. Com os resultados encontrados foram selecionados os híbridos com maior teor de °Brix e acidez, o hibrido "RVFSM 8" com 14 de °Brix se destacou estatisticamente dos demais e o hibrido "RVFSM 11" com maior média de acidez 4,11, sendo promissores a seguir em programa de melhoramento.

Seleção simulada de plantas superiores de *Jatropha curcas* L. do banco ativo de germoplasma da UFV quanto à produtividade de óleo

PEREIRA, G. R.[1]; ROSMANINHO, L. B. C.[1]; ALMEIDA, O. F.[1]; FREITAS, R. G.[2]; DIAS, L. A. S.[1]

[1] Laboratório de Melhoramento de Oleaginosas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Monsanto Brasil.

Jatropha curcas L. é uma oleaginosa potencial para a produção de biodiesel e bioquerosene. Por ser um cultivo perene ainda incipiente, a avaliação da produtividade é importante para o seu melhoramento genético. Para que haja sucesso no programa de melhoramento, se faz necessária a utilização de métodos apropriados de seleção, adequados aos objetivos do programa. Se o objetivo for o desenvolvimento de cultivares propagadas sexuadamente, a média da população melhorada equivalerá à média dos valores genéticos aditivos dos indivíduos selecionados. Caso o objetivo seja cultivares clonais, esta média equivalerá à média dos valores genotípicos totais. Assim, objetivou-se com este estudo a seleção de 20 plantas com relação à produtividade de óleo por meio dos valores genético aditivo e genotípico, a fim de definir, qual a melhor estratégia de seleção para a cultura através da metodologia de avaliação genética REM/BLUP. Avaliou-se o potencial de produtividade de óleo de 78 acessos de *J. curcas* (assumidas famílias de meios irmãos), com 48 e 60 meses, em dois anos de produção (2012/13 e 2013/14). O ensaio foi instalado em Araponga - MG, em quatro experimentos, todos em blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de quatro plantas e mais duas testemunhas comuns aos quatro experimentos, totalizando 1376 plantas. Simulou-se a seleção de 20 plantas com relação à produtividade de óleo através do valor genético aditivo, o que proporcionou um ganho médio de 157,0%, elevando a média populacional de 190,0 $kg.ha^{-1}$ de óleo para 488,6 $kg.ha^{-1}$, com um tamanho efetivo de 12,2. Também foi realizada a simulação da seleção de 20 plantas com relação à produtividade de óleo através do valor genotípico, o que proporcionou um ganho médio de 162,7%, elevando a média populacional de 190,0 $kg.ha^{-1}$ de óleo para 466,6 $kg.ha^{-1}$, com um tamanho efetivo de 17,07. O ganho com a seleção pelo valor genotípico foi superior ao ganho proporcionado pela seleção pelos valores genéticos aditivos. Há, portanto, maiores possibilidades de sucesso com a implantação de plantios clonais, onde toda a variabilidade genética (aditiva, dominante e epistática) presente na população é explorada.

Apoio: CNPq, Capes e Fapemig.

Soma térmica (ºC dia) em acessos de *Physalis peruviana* cultivados em Guarapuava-PR

GARCIA NETO, J.[1]; AKSENEN, T.[2]; RESENDE, J. T. V.[3]; SILVA, I. F. L.[2]; ZEIST, A. R.[3]; GABRIEL, A.[2]

[1]Centro Universitário Campo Real, E-mail: jairgarcianeto@hotmail.com
[2]Núcleo de Pesquisa em Hortaliças, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro Oeste
[3]Universidade Federal de Lavras

As pequenas frutas do gênero *Physalis* possuem fins fitofármacos pelos poderes antioxidantes, nutricionais e alta concentração de vitamina C. Esses aspectos concedem potencial à espécie *P. peruviana*. No entanto, são praticamente inexistentes estudos da caracterização fenológica de acessos dessa espécie, afim de identificar aqueles mais adaptados a determinadas condições edafoclimáticas. Considerando as informações supracitadas, o objetivo com o trabalho foi estimar a soma térmica em sete acessos de *P. peruviana* em Guarapuava-PR. Para a execução do experimento, foram cultivados sete acessos de *P. peruviana* pertencentes ao Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Centro-Oeste no ano agrícola de 2017/2018 em delineamento experimental com blocos ao acaso, com quatro repetições, cada parcela foi constituída por oito plantas. A soma térmica acumulada (STa, ºC dia) foi definida por meio da soma dos valores diários de soma térmica (STa = ΣSTd). A STd foi estimada em base da fórmula: STd = (Tm-Tb), onde a temperatura média do ar (Tm) foi calculada por meio da média aritmética entre a temperatura mínima e máxima do ar, e Tb é a temperatura base para emissão de nós em *P. peruviana*, abaixo da qual não há emissão de novas estruturas vegetativas (adotou-se 6,3 ºC). Na estimativa da STa, foram considerados os períodos: vegetativo – do transplantio até o início do florescimento (TR-FL); reprodutivo – início do florescimento até o início da frutificação (FL-FR); e único período – do transplantio até o início da frutificação (TR-FR). Para todos os acessos, necessitou-se de maior STa durante o estágio vegetativo (TR-FL) do que o reprodutivo (FL-FR). Os acessos RVP 01, RVP 02, RVP 03 e RVP 05 necessitaram de STa de 1170,4 ºC (TR-FR); e RVP 04, RVP 06 e RVP 07 necessitaram de STa de 1284,2 ºC dia (TR-FR). Quando observado o ciclo do TR-FL identificou-se que os acessos RVP 01, RVP 02, RVP 03, RVP 05 e RVP 06 foram os mais precoces (STa de 959,6 ºC dia). Esses mesmos acessos, exceto RVP 06 foram os que necessitaram de menor STa durante o FL-FR (210,8 ºC dia).

Apoio: Fundação Araucária

Teor de sólidos solúveis para seleção de híbridos de morangueiro

DINIZ, F. C. P.[1]; RESENDE, J.T.V.[1], PINHEIRO, D. F.[1]; CAMARGO, C. K.[1]; LUSTOSA, S.B.C.[2]; BAKOVICS, M.C.[3]

[1]Laboratório de Fisiologia Vegetal, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste.
[2] Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro Oeste.
[3] Departamento de Agronomia, Centro Universitário Campo Real.

O morango (*Fragaria x ananassa* Duch), é um dos frutos mais consumidos mundialmente devido ao seu sabor adocicado e por possuir baixa acidez, podendo ser considerada a espécie de maior expressão econômica do grupo das pequenas frutas. O gosto doce do fruto é particularmente apreciado pelos consumidores, e programas de melhoramento genético visam aumentar o grau de doçura dos frutos. Com o presente estudo objetivou-se selecionar híbridos de morangueiro, com atributos potenciais de sólidos solúveis, de modo a indicar os genótipos mais promissores para as próximas etapas do programa de melhoramento genético, atendendo assim, a demanda brasileira por cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas, atendendo os níveis de produtividade e com viabilidade econômica. O estudo foi conduzido no Laboratório de Fisiologia e Horticultura no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, Guarapuava – PR, situado na latitude 25°23'01'' Sul e longitude 51°29'46'' Oeste, com altitude de 1.025 m. O clima local é subtropical úmido com temperatura média anual de 17 °C e de solo local classificado como Latossolo Bruno distroférrico típico. Para obtenção do teor de sólidos solúveis, aplicou-se leitura direta em refratômetro de bancada, utilizando o fruto no mesmo dia da colheita e a temperatura ambiente, obtendo-se os valores em graus Brix (°Brix), as colheitas foram realizadas em setembro de 2018. Foram analisados 173 híbridos, obtidos a partir do cruzamento Camino Real x RVCA 16. Para obtenção dos dados foram utilizadas análises de variância (ANOVA) e posteriormente submetidas a teste Tukey a 5% de probabilidade. Com isso, constatou-se que o coeficiente de variação (CV) foi de 33,23%, por ser tratar de híbridos que diferem entre si. Além disso, a média geral apresentada foi de 6,76 ºBrix. Os genótipos de morangueiro que mais se destacaram, foram os híbridos "RVFSM 97", "RVFSM 109" e "RVFSM 120" possuíram maiores médias, com 10,7 ºBrix, 12,2 ºBrix, 12,4 ºBrix respectivamente. Então pode-se concluir de que os híbridos "RVFSM 97", "RVFSM 109" e "RVFSM 120" estão propensos a seguir com o programa de melhoramento genético.

Uso do 2,3,5 cloreto de trifeniltetrazólio (TTC) na estimativa da viabilidade polínica de *Cheilocostus speciosus* (Costaceae)

SANTOS, B. N. V. [1]; FERNANDES, L.[2]; MACEDO, W. A.[2]; MELLO, V. S.[2]; ROCHA, V. D.[3]; KARSBURG, I. V.[2]

[1] Laboratório de Citogenética, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.
[2] Laboratório de Citogenética e Cultura de Tecidos Vegetais, Departamento de Biologia, Universidade do Estado de Mato Grosso.
[3] Laboratório de Biologia Molecular e Filogeografia, BIOAGRO, Universidade Federal de Viçosa.

Cheilocostus speciosus (Costaceae) é planta medicinal, cultivada no Brasil e na Índia. Estudos de viabilidade polínica são úteis para programas de melhoramento, permitindo indicar o potencial de cruzamento de plantas. A viabilidade dos grãos de pólen pode ser estimada por vários corantes que interagem com os constituintes do grão de pólen. O teste de tetrazólio, se destaca por ser um método bioquímico rápido, fornecendo uma análise confiável da viabilidade por meio da alteração na coloração de tecidos vivos relacionados com a respiração celular. O objetivo deste trabalho, foi avaliar a viabilidade de *Cheilocostus speciosus* utilizando 2,3,5 cloreto de trifeniltetrazólio (TTC) nas concentrações de 0,075% e 0,30%. Coletou-se botões florais em pré-antese, dos quais foram retiradas as anteras, em seguidas as mesmas foram maceradas e expostas a duas concentrações de TTC por 6h, 12h, 18h e 24h, em temperatura ambiente. Para esse corante, a viabilidade foi determinada de modo qualitativo pela capacidade de coloração dos grãos de pólen, no qual, os viáveis apresentaram tonalidade em vermelho e inviáveis aqueles de tons mais claras ou transparentes. Foram preparadas cinco laminas; contabilizou-se 300 pólens por lâmina, totalizando 1500 pólens para cada concentração/hora. Calculou-se a percentagem de viabilidade por meio da fórmula: Número de grãos viáveis/ Número de grãos contados * 100. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade pelo programa estatístico Sisvar. Na concentração 0,075% o período de 18 horas apresentou a maior média de viabilidade (66,92%) se diferindo estatisticamente dos horários 6h e 12h. Com a concentração de 0,30% foi observado maior percentual de viabilidade nos períodos de 12h e 18h (59,16% e 59,14% respectivamente). Comparando as concentrações de TTC dentro de cada horário, notou-se que não houve diferença estatística entre ambas. Os resultados encontrados demostraram que as duas concentrações de TTC apresentaram efeitos semelhantes sobre a viabilidade polínica de *C. speciosus*, e o tempo de contato com o material influenciou na percentagem de viabilidade.

Apoio: CAPES, CNPq

Variabilidade genética em matrizes de *Attalea maripa* (Aubl.) Mart. Em população natural do nordeste do Pará, Brasil

MENDES, G. G. C.[1]; SOBRINHO, R.S.A.[2]; CASTRO, C. A. de O.[3]; DAMACENA, M. B.[3]; FERRAZ, A. G.[3]; SANTOS, G. A.[1]

[1]Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa.
[2]Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal Rural da Amazônia.
[3]Departamento de Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa

A Amazônia brasileira possui rica biodiversidade, com destaque para as espécies da família Arecaceae. Dentre elas, o *Attalea maripa* (Aubl.) Mart., produz frutos com óleo de excelente qualidade, sendo objeto de estudos para a produção de biocombustíveis. Apesar de sua importância, suas populações estão sendo eliminadas, devido ao avanço da agropecuária e de culturas agrícolas. Dessa forma, é fundamental o estudo da diversidade genética em populações naturais por auxiliarem na conservação da biodiversidade. O objetivo foi estudar a dissimilaridade genética entre matrizes de *A. maripa* de uma população natural por caracteres de frutos. Coletou-se 10 frutos por matriz, de 12 matrizes selecionadas, com distância mínima de 150 m, no município de Oeiras do Pará, na Mesorregião do Nordeste do estado. Foram mensurados os diâmetros lateral (DL) e transversal (DT), espessuras da polpa (EP) e amêndoa (EA), em mm; massas do fruto (MF), semente (MS) e polpa (MP), em g; e número de amêndoa (NA). O experimento foi instalado em DIC com 12 tratamentos (matrizes) e 10 repetições (frutos), submetidos à ANOVA e estudo da dissimilaridade genética, utilizando como medida de diversidade a distância de Mahalanobis, sendo agrupadas pelo método UPGMA e Tocher, utilizando o *software* Genes. A análise conjunta mostrou diferença significativa entre as matrizes para todos os caracteres avaliados, exceto para o NA. O coeficiente de herdabilidade médio de progênies variou de 88,95% (EP) a 97,80% (EA), indicando baixo controle ambiental e possibilidade de ganho genético com o processo de seleção, o qual foi confirmado pelo alto coeficiente de variação relativo (CVg/CVe). A distância genética média entre as matrizes foi de 157,81, permitindo a formação de dois grupos pelos dois métodos utilizados. O grupo I alocou mais de 92% das matrizes, enquanto que o II agrupou somente a matriz 1, sendo essa a mais divergente. A MS e MP foram os caracteres que mais contribuíram para o estudo da diversidade (85,54%) e devem ser priorizados no momento da seleção de matrizes para o programa de conservação e melhoramento de *A. maripa*. O NA pode ser descartado, pois apresentou menor contribuição.

Apoio: CAPES, GenMFlor e CNPq

Variabilidade genética entre cultivares de café arábica

MOURA, W. M.[1]; FERREIRA, T. C. [1]; CAVALCANTE, V. S. [1]; PEREIRA, M.G. [1,2]; COSTA, T.L. [1,2]; GIARDINI, R.M.[1,2]

[1]EPAMIG Sudeste.
[2]Universidade Federal de Viçosa.

As análises multivariadas fornecem informações sobre a divergência genética entre genótipos e as combinações híbridas de maior efeito heterótico, desta forma, este trabalho teve por objetivo avaliar a diversidade genética entre cultivares de café arábica cultivadas em Oratórios, MG. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições e 22 cultivares de café arábica. Em 2017, estimou-se a divergência genética por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D2ii) e o agrupamento das cultivares pelo método de Tocher, considerando as características: vigor vegetativo, severidade de ferrugem, severidade de cercosporiose, intensidade de seca de ponteiro, porcentagem de frutos com lojas vazias e produtividade. As cultivares foram classificadas em dezessete grupos, sendo que a maior concentração, 23%, foi constatado no grupo 1 (Acaiá Cerrado MG 1474, Obatã IAC 1669-20, Araponga MG1, Catuaí Vermelho IAC 44 e Catucaí Vermelho 785/15). O grupo dois foi formado pelas cultivares Topázio MG 1190 e Tupi IAC 125 RN. As cultivares Catiguá MG1, Catuaí Amarelo IAC 62, Catucaí Amarelo 2SL, Oeiras MG 6851, IBC Palma II, Siriema 842, IBC Palma I, Catuaí Vermelho IAC 15, Acauã, Icatu Vermelho IAC 4045-47, Sacramento MG1, Paraíso MG H419-1, Mundo Novo IAC 379-19, Catiguá MGII e Acaiá Cerrado MG 1474 formaram grupos individuais, evidenciando sua dissimilaridade em relação as demais cultivares. Cruzamentos dirigidos devem ser realizados entre as cultivares de grupos mais distantes, para obter elevada variabilidade genética e maior possibilidade de seleção de genótipos superiores. As cultivares mais divergentes foram a Araponga MG1 e Acaiá Cerrado MG 1474, por terem apresentado maior distância em relação a sete e seis cultivares respectivamente. Portanto, estas cultivares possuem grande potencial para serem utilizadas no processo de seleção visando à obtenção de ganhos genéticos para o café arábica. As características que proporcionaram maiores contribuições relativas (método de Singh, 1981) para a variabilidade observada foram: a severidade de ferrugem (36,14%), produtividade (18,24%) e vigor vegetativo (14,57%).

Apoio: Consórcio Pesquisa Café, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Variação genotípica em populações bi parentais de milho em Coimbra-mg, safra 2017/18

SANTOS, A. L.[1]; LUZ, L. S. [1]; SILVA, M .J. [1]; SILVA. F. M. [1]; SOUSA, A. C. B. [1]; LIMA, R. O. [1]

[1]Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia.
Universidade Federal de Viçosa

O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho. Com estimativa para safra 2017/2018 de 86,1 milhões de toneladas de grãos. Essa alta produção é em grande parte resultado de pesquisas de programas de melhoramento que buscam obter materiais que possuam alto desempenho em campo e conservem a variabilidade genética entre eles. As populações bi parentais de milho são obtidas através do cruzamento entre dois híbridos distintos. Podendo ser utilizados na formação de populações base em um programa de melhoramento. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi analisar a variação genotípica em populações bi parentais de milho. Na safra 2017/2018, 45 populações bi parentais de milho foram avaliadas na Estação Experimental de Coimbra, MG. O delineamento experimental utilizado foi blocos incompletos (alfa-látice10x6) com três repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de cinco metros, espaçadas em 0,80 m. Todos os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações técnicas para a região. Os seguintes caracteres foram avaliados: dias de plantio ao florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), espiga (AE, cm), teor relativo de clorofila (SPAD) e produtividade de grãos (PG, kg há$^{-1}$). Os dados foram submetidos a metodologia de modelo mistos devido ao desbalanceamento dos dados. Os coeficientes de variação encontrados no experimento variaram de 2,03 %(FM) a 14,34% (PG) e estão de acordo com o esperado para esses caracteres. Isso mostra que houve boa precisão experimental. Foram estimadas as variâncias genotípica e residual para os caracteres estudados. Todos os caracteres avaliados foram significativos ao teste qui-quadrado ($P<0,01$). Os caracteres com menor variabilidade foram FM e FF com 2,42 e 5,47 e média de 67 e 69 dias respectivamente. A maior variabilidade foi de PG 4.682.398. As populações bi parentais apresentaram média de produtividade de 9.472 kg ha^{-1}, sendo a menor PG de 5.465 kg ha^{-1}, e a maior de 12.143 kg ha^{-1}, onde 28 populações foram superiores à média. Conclui-se que existe variabilidade genética significativa a ser explorada nas populações bi parentais de milho para todos os caracteres analisados.

Apoio: CNPq e Fapemig

Variação genotípica entre híbridos comerciais de milho em Coimbra, MG. Safra 2017/18

RODRIGUES, I. C. L. [1]; REIS, H. M. [1]; PAIVA, M. C. [1]; FARIA, S. V. [1]; RODRIGUES, M. C. [1]; DE LIMA, R. O. [1]

[1]Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A variabilidade genética é primordial para o sucesso de um programa de melhoramento, tanto para a extração de linhagens quanto para obtenção de híbridos. Na obtenção de híbridos mais adaptados a diferentes ambientes, a variação genotípica é de suma importância para a recomendação de híbridos que sejam mais adaptados as condições da região. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a variação genotípica entre híbridos comerciais de milho em Coimbra, MG. Para isso, na safra 2017/2018, 140 híbridos comerciais de milho foram avaliados na Estação Experimental de Coimbra, MG, pertencente à Universidade Federal de Viçosa. Foi utilizado o delineamento experimental blocos incompletos (alfa-látice 14x10), com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,80 m. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), área foliar (AF, cm^2) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). Os dados foram submetidos à análise de modelos mistos com o emprego da metodologia REML/BLUP. Houve diferença significativa ($P<0,01$) entre os híbridos para todos os caracteres avaliados e, assim, há variabilidade genotípica entre eles e é possível selecionar híbridos superiores para esses caracteres. O coeficiente de variação variou de 1,92% (FF) a 14,23% (PG), o que indica boa precisão experimental. As estimativas de herdabilidade encontradas foram: 0,23 (AF), 0,47 (PG), 0,74 (AP), 0,77 (FM), 0,80 (AE) e 0,82 (FF). O FF e FM variaram de 66 a 75 e 66 a 74 dias, respectivamente. AP e AE variaram de 191,52 a 252,00 e 92,98 a 153,80 cm, respectivamente, enquanto que a AF variou de 763,00 a 961,53 cm^2. A PG variou de 8.309 (BALU434T) a 12.037 kg ha^{-1} (AS1596PRO2), com média de 10.727 kg ha^{-1}. Conclui-se que há variabilidade genotípica entre os híbridos de milho para os caracteres avaliados e que 49 híbridos apresentaram valores genotípicos superiores a 11.000 kg ha^{-1}, sendo o híbrido AS1596PRO2 o mais produtivo podendo ser recomendado aos produtores da região.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e FUNARBE, pelo apoio financeiro;

Variação genotípica entre híbridos comerciais de milho, avaliados em Viçosa, MG. Safra 2017/2018

REIS, H. M. [1]; MITTERHOFER, N. E. P. L. C. [1]; JARDIM, M. E. S. [1]; PAIVA, M. C. [1]; LIMA, N. L. [1]; DE LIMA R. O. [1]

[1]Programa Milho-UFV®, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Devido ao grande vigor e potencial produtivo, o cultivo de híbridos de milho é amplamente adotado no Brasil, especialmente por produtores de nível tecnológico mais elevado. A presença de variabilidade entre híbridos comerciais pode indicar a necessidade de que os produtores escolham os cultivares que melhor se adaptam à sua região. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a existência de variabilidade genotípica entre híbridos comerciais de milho disponíveis aos agricultores. Para isso, 140 híbridos comerciais foram avaliados em um experimento conduzido na Estação Experimental do Aeroporto, pertencente à Universidade Federal de Viçosa, na safra 2017/18. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos incompletos (alfa-látice 14x10), com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80m. Os tratos culturais foram aplicados de acordo com a recomendação técnica para a cultura do milho na região. Foram avaliados os seguintes caracteres: florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm), teor de clorofila na folha da espiga (SPAD) e produtividade de grãos (PGkg ha^{-1}). As análises estatísticas foram obtidas pela metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). O coeficiente de variação experimental para os diferentes caracteres oscilou entre 3% (FM) e 15% (PG), o que indica uma boa precisão experimental. A estimativa da variância genotípica foi significativa (P<0,01) no teste F para todos os caracteres, com exceção de FF. As estimativas da herdabilidade variaram de 0,43 (SPAD) a 0,71 (AP). O valor fenotípico médio de FM foi 60,35 dias. Para AP, o valor médio foi de 212,93 cm, enquanto que para AE a média foi 119,50 cm. Quanto à PG, a média de todos os híbridos avaliados foi de 9.791,78 kg ha^{-1}, com variação de 6.532,48 kg ha^{-1} e 12.159,63 kg ha^{-1}. Conclui-se que há variação genotípica entre os híbridos comerciais de milho, e há híbridos de milho superiores que podem ser recomendados aos produtores da região da Zona da Mata.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e FUNARBE.

Variação genotípica entre híbridos experimentais de milho em baixo nitrogênio

MITTERHOFER, N. E. P. L. C.[1]; SANTOS, A. L.[1]; CAIXETA, D. G.[1]; MARINHEIRO, F. R. S.[1]; REZENDE, W. M.[1]; DE LIMA, R. O.[1]

[1]Programa Milho, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O nitrogênio (N) é um nutriente essencial para o desenvolvimento da cultura do milho. Alguns cultivares adaptam-se ao estresse proporcionado pelo baixo teor do nutriente no solo. Assim, o objetivo desse trabalho foi estudar a variação genotípica entre híbridos experimentais de milho desenvolvidos pelo Programa Milho®-UFV, em condição de estresse de N. Para isso, foram avaliados 117 híbridos (104 híbridos experimentais e 13 híbridos comerciais) na Estação Experimental de Coimbra - MG na safra de 2016/17 e 2017/18. O delineamento experimental utilizado foi o alfa-látice 11x10 com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de duas linhas de quatro metros espaçadas em 0,80 m. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). As estimativas de variâncias e os valores genéticos foram obtidos pelo método REML/BLUP com auxílio do software R. O coeficiente de variação experimental variou de 2,00% (FM) a 18,00% (PG). Esse coeficiente de variação indica uma boa precisão nas avaliações dos caracteres, uma vez que os caracteres são quantitativos e são muito influenciados pelo meio. Houve significância para todos os caracteres pelo teste do qui-quadrado ($P<0,01$). A variação para FM foi 62 a 71 dias. O FF variou de 64 até 77 dias. Para AP, a variação foi de 177,2 a 210,4 cm. A AE teve uma variação de 80,5 a 130,6 cm. A estimativa da herdabilidade variou de 0,20 (PG) a 0,61 (AE), considerada moderada. O principal caractere avaliado foi PG, cuja média geral foi de 5.782 kg ha^{-1} com uma variação de 4.715 a 6626 kg ha^{-1}. Dos dez híbridos mais produtivos, nove foram híbridos experimentais. A média dos híbridos experimentais foi de 5.774 kg ha^{-1} e a das testemunhas foi de 5.855 kg ha^{-1}. A testemunha 30F53VYH foi a que obteve a maior produtividade (6626 kg ha^{-1}). Dentre os híbridos experimentais o (VML022XVML016) foi o que mais produziu (6.565 kg ha^{-1}). Conclui-se que os híbridos avaliados possuem variabilidade genotípica e que podem ser selecionados genótipos superiores para recomendação aos produtores da Zona da Mata Mineira.

Apoio: Ao CNPq; CAPES; FAPEMIG e FUNARBE

Variação genotípica entre híbridos experimentais de milho em Coimbra-MG

SOUSA, A. M. B. C.[1]; LIMA, N. L [1]; REIS, H. M. [1]; REZENDE, W. M. [1]; MARINHEIRO, F. R. [1]; DE LIMA, R. O. [1]

[1]Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

O híbrido de milho é um dos cultivares mais usados em grandes lavouras devido a sua alta produtividade. Isso é devido ao avanço tecnológico e pelo desenvolvimento de híbridos com genótipo superior. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a variação genotípica entre híbridos experimentais de milho em duas safras. Para isso, foram avaliados 117 híbridos de milho (104 são híbridos experimentais e 13 são híbridos comerciais que foram usados como testemunhas) na safra 2016/17 e 2017/18. Ambos os experimentos foram realizados na Estação Experimental de Coimbra, pertencente a Universidade Federal de Viçosa. Foi utilizado o delineamento experimental alfa-látice com três repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,80 m. Os caracteres avaliados foram: dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}). As análises estatísticas foram feitas com o emprego da metodologia de modelos mistos, pelo método de REML/BLUP. Houve diferença significativa para todos os caracteres pelo teste qui-quadrado ($P<0,01$). O coeficiente de variação experimental variou de 2,0 (FM) a 11,42% (AP), o que indica uma boa precisão experimental. A estimativa da herdabilidade foi considerada moderada a alta, com uma variação de 0,45 (AP) a 0,88 (AE). Os caracteres FM e FF variaram de 66 a 72 dias para o florescimento. Para os caracteres AP e AE a variação foi de 206 e 109 a 269 e 159 cm, respectivamente. Para PG, caractere mais importante do ponto de vista agronômico, a média geral foi de 10.499 kg ha^{-1}, com uma variação de 8.435 a 12.345 kg ha^{-1}. A média dos híbridos experimentais (10.422 kg ha^{-1}) pode ser considerada alta, uma vez que, a média das testemunhas foi próxima (11.115 kg ha^{-1}). As duas maiores produtividades foram de dois híbridos experimentais (VML004xVML016 e VML022xVML004). Conclui-se que os híbridos experimentais avaliados apresentam variação genotípica dos caracteres, e que há híbridos superiores que podem ser recomendados para produtores da região.

Apoio: CNPq, Capes, FAPEMIG e FUNARBE.

Variação genotípica entre populações bi parietais de milho avaliadas em condições de baixo nitrogênio

PAIVA, M. C.[1]; LUZ, L. S.[1]; RODRIGUES, I. C. L.[1]; PRIMO, R. A. S.[1]; SILVA, M. E. J.[1]; DE LIMA, R. O. [1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Viçosa

No processo de melhoramento, deve-se escolher para seleção populações que apresentem média alta e tenha variabilidade genética. É conhecido que entre as populações de milho, existe uma grande variabilidade genética para os caracteres agronômicos. Uma das maneiras de se avaliar as propriedades intrínsecas de uma população é através da adequada estimativa de seus parâmetros genéticos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variação genotípica entre populações bi parentais de milho em condições de baixo nitrogênio. Para isso, foram avaliadas 60 populações (pop) de milho (45 pop bi parentais, 5 pop de base genética ampla e 10 pop de base genética estreita). O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Coimbra, MG, na safra 2017/2018. O delineamento experimental foi blocos incompletos (alfa látice 10x6). Cada parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros de comprimento espaçadas em 0,80m. Não foi feita adubação de N em cobertura. Todos os demais tratos culturais foram realizados de acordo com a recomendação da cultura na região. Os caracteres avaliados foram: dias do plantio ao florescimento masculino(FM, dias), e feminino(FF, dias), altura de planta(AP, cm), e espiga(AE, cm), e produtividade de grãos(PG, kg ha^{-1}). Os dados obtidos foram submetidos a metodologia de modelos mistos devido ao desbalanceamento dos dados. Os coeficientes de variação encontrados variaram de 2,14% (FM) a 24,45 %(PG), isso significa que para PG houve uma moderada precisão experimental, já para os demais caracteres, o CV mostra uma boa precisão experimental. Todos os caracteres avaliados foram significativos pelo teste qui-quadrado. FM e FF apresentaram as menores variâncias, 5,04 e 5,12 respectivamente e média de 71 dias. PG foi a que apresentou maior variância de 1.227.933. As populações bi parentais apresentaram média de produtividade de 6.417kg ha^{-1}, com variação de 4.372 a 8.242 kg ha^{-1}. 12 pop apresentaram PG acima de 7.000 kg ha^{-1}, mesmo em condições de estresse de nitrogênio. Conclui-se que existe variabilidade genotípica significativa para todos os caracteres estudados e pode ser explorada em um programa de melhoramento nas populações bi parietais estudadas.

Apoio: CNPq e Fapemig