



# SIGM

X SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE  
GENÉTICA E MELHORAMENTO

**AVANÇANDO AS FRONTEIRAS NO  
MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS:**

Bioinformática, biotecnologia e análise experimental

# ANAIS



GenMelhor  
Grupo de Estudos em  
Genética e Melhoramento  
Universidade Federal de Viçosa

VIÇOSA - MG - 2019

# **X SIGM**

## **X Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento**

1ª edição

Viçosa – MG

2019

# **X SIGM**

## **X Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento**

### **Editores:**

Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho

Felipe Vicentino Salvador

Cleverson Freitas de Almeida

Michelle Brandão Damacena

Michel Henriques de Souza

Ivan de Paiva Barbosa

Letícia de Faria Silva

Igor Ferreira Coelho

Adriel Carlos da Silva

Odimar Ferreira de Almeida

Alexandre Gomes Ferraz

Ronaldo Machado Junior

Viçosa – MG

2019

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

S612a  
2020

Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento (10. :  
2019 : Viçosa, MG).

Avançando as fronteiras no melhoramento genético de  
plantas : bioinformática, biotecnologia e análise experimental :  
anais ... [do] X Simpósio Internacional de Genética e  
Melhoramento = advancing frontiers in plant breeding :  
bioinformatics, biotechnology and experimental analysis :  
proceedings [of the] 10th International Symposium on  
Genetics and Breeding, 14 a 15 de outubro de 2019, Viçosa,  
MG, Brasil. / Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho ... [et al.]  
editores. -- Viçosa, MG : UFV, GenMelhor, 2020.

1 livro eletrônico (pdf, 3,6 MB).

Sistema requerido: Adobe Acrobat Reader.

Modo de acesso: <<https://www.genmelhor.com.br/>>.

ISBN 978-85-93566-06-6

1. Plantas - Melhoramento genético - Congressos. 2.  
Bioinformática - Congressos. 3. Biologia molecular -  
Congressos. 4. Biotecnologia - Congressos. 5. Estatística -  
Congressos. 6. Genética quantitativa - Congressos. I.  
Rosmaninho, Lucas Barbosa de Castro, 1994-. II. Salvador,  
Felipe Vicentino, 1992-. III. Almeida, Cleverton Freitas de,  
1989-. IV. Damacena, Michelle Brandão, 1990-. V. Souza,  
Michel Henriques de, 1992-. VI. Barbosa, Ivan de Paiva,  
1990-. VII. Silva, Leticia de Faria, 1992-. VIII. Coelho, Igor  
Ferreira, 1992-. IX. Silva, Adriel Carlos da, 1990-. X.  
Almeida, Odimar Ferreira de, 1992-. XI. Ferraz, Alexandre  
Gomes, 1993-. XII. Machado Junior, Ronaldo, 1991-. XIII.  
Universidade Federal de Viçosa. Grupo de Estudos em  
Genética e Melhoramento. XIV. X SIGM (10. : 2019 : Viçosa,  
MG) . XV. Título. XVI. Título: Anais do X Simpósio  
Internacional de Genética e Melhoramento. XVII. Título:  
Advancing frontiers in plant breeding : bioinformatics,  
biotechnology and experimental analysis. XVIII. Título:  
Proceedings of the 10th International Symposium on Genetics  
and Breeding.

CDD 22. ed. 631.52

Bibliotecária responsável: Alice Regina Pinto Pires - CRB6 2523

# SUMÁRIO

<b>Bioinformática .....</b>	<b>12</b>
Artificial neural networks in the prediction of genetic merit to flowering traits in bean cultivars .....	13
Determination of charge, folding free energy and electrostatic potential at different in silico pH values of the modeled polyurethanase.....	14
<i>In silico</i> prediction of the effector repertoire from three isolates of <i>Corynespora cassiicola</i> .....	15
Molecular docking of homologous polyurethanase from <i>Serratia liquefaciens</i> .....	16
Rna-seq identifica genes associados à virulência do <i>Colletotrichum lindemuthianum</i> em feijoeiro comum ( <i>Phaseolus vulgaris</i> L.) .....	17
<b>Biologia Molecular e Biotecnologia .....</b>	<b>18</b>
A exposição ao arsênio durante a pré-puberdade altera a expressão de genes relacionados com enzimas antioxidante em órgãos reprodutivos de ratos Wistar juvenis .....	19
Amidas com porções triazólicas derivadas do ácido cinâmico apresentam atividade citotóxica e antimetastática em células tumorais de melanoma murino .....	20
Análise da expressão do gene <i>putative receptor-like protein kinase</i> candidato a resistência à <i>Hemileia vastatrix</i> .....	21
Análises genômicas identificam um Resistance Gene Analog (RGA) potencialmente envolvido na resistência do cafeeiro à ferrugem .....	22
Análises proteômicas no estudo da defesa de plantas de berinjela ( <i>Solanum melongena</i> L.) 'Flórida Market' .....	23
Clones de <i>Coffea canephora</i> portando marcadores moleculares associados ao gene de resistência a Antracnose dos Frutos Verdes .....	24
Combined SRPK and AKT inhibition is synergistic in T-cell acute lymphoblastic leukemia.....	25
Diferenças genéticas entre famílias de <i>Acrocomia aculeata</i> na obtenção de calos embriogênicos.....	26
Divergência genética em lima ácida 'Tahiti' por meio de marcadores ISSR .....	27
Diversidade genética de acessos de seringueira caracterizada por marcadores microssatélites.....	28
Efeito anti-herpético da inibição farmacológica das cinases reguladoras de splicing SRPKs.....	29
Efeito citotóxico de ácidos cinâmicos substituídos e ésteres derivados do ácido cinâmico em células tumorais de melanoma.....	30
Efeito da inibição farmacológica das cinases reguladoras de splicing SRPKs em melanoma metastático murino .....	31

Efeitos da exposição ao arsênio na expressão de genes associados à capacidade antioxidante em órgãos reprodutivos de ratos Wistar machos expostos durante a pré-puberdade.....	32
Estrutura genética populacional de progênies de maracujazeiro azedo .....	33
Estudo de uma região genômica do Híbrido de Timor CIFC 832/2 associada à resistência à <i>Hemileia vastatrix</i> .....	34
Genotoxicidade e alterações funcionais em espermatozoides de ratos Wistar expostos a arsênio .....	35
Interação entre proteínas codificadas pelos genes candidatos LRR_RLK de HT 832/2 e proteínas de <i>Hemileia vastatrix</i> .....	36
Peptídeos de defesa em sementes de soja germinadas para uso biotecnológico	37
Potencial genotóxico do glifosato (Roundup®) em proles de ratas Wistar expostas durante o período de gestação e lactação .....	38
Relação funcional entre Serine-arginine protein kinase 2 (SRPK2) e Thymosin beta 4 (Tβ4) em melanoma.....	39
Superexpressão do gene <i>OsCPK5</i> em arroz de terras altas ( <i>O. sativa</i> L.) para o aumento da tolerância à seca .....	40
Working with antimicrobial plant peptides aiming biotechnological use.....	41
<b>Genética Quantitativa e Estatística .....</b>	<b>42</b>
Análise de correlação genotípica entre caracteres morfoagronômicos em lima ácida Tahiti.....	43
Análise de repetibilidade para caracteres biométricos de hastes florais de <i>Heliconia psittacorum</i> .....	44
Análise de trilha em caracteres vegetativos e de qualidade de fruto em lima ácida Tahiti .....	45
Computational Intelligence for Flood Irrigated Rice Cultivars Recommendation ...	46
Correlação entre caracteres de palmeira-real-australiana com o rendimento total de palmito.....	47
Diversidade genética entre famílias de meios-irmãos de palmeira-real-australiana .....	48
Diversidade genética entre genótipos de <i>Capsicum annum</i> por métodos multivariados e redes neurais artificiais.....	49
Environmental stratification of multi-environmental trials in East Africa.....	50
Estimation of genetic parameters and correlations of maize hybrids evaluated under optimal and drought conditions in East Africa .....	51
Estimativa de parâmetros genéticos em clones de <i>Eucalyptus</i> sp.....	52

Estimativa de parâmetros genéticos em populações de híbridos de cafeeiros ( <i>Coffea arabica</i> L.) via modelos mistos .....	53
Estimativas de coeficientes de repetibilidade para caracteres morfológicos de hastes florais de <i>Alpinia purpurata</i> .....	54
Estratificação ambiental via análise de fatores em três safras da cultura soja.....	55
Genetic diversity study among cotton cultivars in Midwest, Brazil, based on genetic values predicted .....	56
Genetic parameters and simultaneous selection for adaptability and stability of genotypic values of cotton genotypes .....	57
Implications of variance structures in the estimation of genetic parameters of multi-environment trial data.....	58
Métodos de validação cruzada baseados na informação mútua e entropia: estimativas fidedignas da capacidade preditiva em populações florestais com baixa diversidade fenotípica .....	59
Métodos de validação cruzada baseados na informação mútua e entropia: estimativas fidedignas da capacidade preditiva em populações geneticamente distintas .....	60
Multi-information analysis for a recommendation of cultivars for adaptability and stability phenotypic.....	61
Optimum number of measures for genetic selection of <i>Cynodon</i> spp. ....	62
Performance and stability of maize hybrids evaluated under optimal and drought conditions in East Africa .....	63
Seleção de genitores de soja para cruzamentos em programas de melhoramento por meio de análise de fatores .....	64
Using grouping factor analysis to analyze genotype by environment by management interaction.....	65
<b>Melhoramento de Plantas .....</b>	<b>66</b>
Análise de agrupamento via método do vizinho mais distante e mapa auto-organizável de Kohonen.....	67
Análise de trilha entre caracteres agrônômicos para rendimento de grãos de soja .....	68
Análise de trilha entre caracteres de rendimento de grãos em genótipos de feijão-caupi.....	69
Aprimorando a seleção de progênies de feijoeiro sob interação genótipos por ambientes.....	70
Avaliação da herança da tolerância ao alumínio em caracteres de raiz de milho-pipoca por meio do dialelo de Hayman .....	71
Avaliação de característica vegetativa em tomate .....	72

Avaliação de cultivares de soja sob déficit hídrico .....	73
Avaliação de híbridos de milho obtidos de um testcross com a linhagem VML144 em condição de baixa disponibilidade hídrica .....	74
Avaliação do comportamento da incidência de ferrugem e cercosporiose em cafeeiros arábica nos anos de 2018 e 2019.....	75
Avaliação do potencial do índice de seleção FAI-BLUP na seleção de linhagens de tomate de fenótipo anão.....	76
Avaliação preliminar de linhagens elites de feijão do VCU carioca ciclo 2019/2020 .....	77
Biofortification of Upland Rice Genotypes with Selenium-Enriched-Urea.....	78
Caracterização da diversidade genética entre linhagens F <sub>4</sub> de trigo baseado em componentes primários da produção .....	79
Combining ability of leaf senescence in popcorn under different conditions of water availability.....	80
Comportamento de genótipos elites de arroz irrigado em ensaios VCU's em Minas Gerais: safra 2018/19.....	81
Controle genético do teor de óleo de sementes de abóbora ( <i>Cucurbita moschata</i> Duch.).....	82
Correlações genotípicas entre caracteres agronômicos em linhagens de amendoim forrageiro oriundas da cv. BRS Mandobi.....	83
Desempenho das cultivares de feijão carioca e preto recomendadas no Brasil ...	84
Desempenho de linhagens elites de feijoeiro de porte ereto e prostrado sob diferentes populações de plantas com e sem controle de doenças .....	85
Determinação de herdabilidade dos conteúdos de proteína e óleo em população de soja [ <i>Glycine max</i> (L.) Merr.] .....	86
Determinação do tamanho do genoma e da composição de bases de Guanandi ( <i>Calophyllum brasiliense</i> Cambess) por citometria de fluxo.....	87
Diversidade genética de cultivares de feijão carioca recomendadas no Brasil nos últimos 40 anos .....	88
Diversidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de Macaúba ( <i>Acrocomia aculeata</i> ) .....	89
Diversidade genética para caracteres de espiga em populações F <sub>4</sub> de trigo.....	90
Efeito da temperatura na germinação dos grãos de pólen de <i>Passiflora cristalina</i> Vanderplank & Zappi.....	91
Efeito do estresse hídrico sobre o ciclo de diferentes genótipos de soja .....	92
Effect of environment on combinatory analysis in biomass sorghum lines for bioenergy generation.....	93

Estimação de parâmetros genéticos e da diversidade genética em progênies de <i>Acrocomia aculeata</i> (macaúba) para seleção de genótipos precoces .....	94
Estimativa da viabilidade polínica de <i>Senna alata</i> (L.) Roxb. (Fabaceae) por meio de diferentes corantes sintéticos .....	95
Estimativa de ganho genético para conteúdo de óleo, proteína total e de reserva em soja pelo critério de seleção direta e indireta .....	96
Estimativa de parâmetros genéticos em porta-enxertos de pessegueiro para caracteres agronômicos .....	97
Estimativas de parâmetros genéticos para ciclo de maturação dos frutos em Café Arábica .....	98
Estratificação ambiental para avaliação de linhagens de soja via GGE Biplot em municípios dos estados do Paraná e Mato Grosso do Sul .....	99
Estratificação de ambientes na cultura da soja para avaliação de características bioquímicas e de produtividade na região Norte do estado do Paraná .....	100
Estudo do índice meiótico de <i>Catasetum osculatum</i> K. G. Lacerda & V. P. Castro e <i>Oncidium baueri</i> Lindley (Orchidaceae) .....	101
Exportação de nutrientes para a vagem em genótipos de soja em situação de déficit hídrico .....	102
Forma da vagem e do grão de genótipos de soja submetidos ao déficit hídrico .	103
Germinação de sementes de diferentes gerações de autofecundação em maracujazeiro azedo .....	104
Germinação de sementes de genótipos de soja submetidos ao déficit hídrico ...	105
Herdabilidade dos conteúdos de óleo, proteína total e de reserva em populações de RILs em soja [ <i>Glycine max</i> (L.) Merrill] .....	106
Herdabilidade para caracteres agronômicos em linhagens de amendoim forrageiro oriundas da cv. BRS Mandobi .....	107
Heterose de progênies parcialmente endogâmicas de milho-pipoca estimada por <i>testcrosses</i> .....	108
Identificação de genótipos de abóbora ( <i>Cucurbita moschata</i> D.) de alto potencial produtivo com auxílio de modelos mistos .....	109
Identificação de municípios ambientalmente discrepantes via GGE Biplot em análises com diferentes números de safras .....	110
Incidência de <i>Aspergillus</i> spp., <i>Fusarium</i> spp. e <i>Penicillium</i> spp. em grãos de milho .....	111
Incidência de fumonisinas em híbridos de milho .....	112
Influência dos genes dominantes na herdabilidade da tolerância ao alumínio em caracteres de raiz de milho-pipoca .....	113

Popcorn breeding for drought environments: superior open pollinated varieties selection .....	114
Potencial adaptativo de variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo frente ao estresse biótico .....	115
Potencial de famílias F <sub>2:6</sub> oriundas de um ciclo de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca .....	116
Potencial de híbridos duplos de milho para produtividade de grãos e tolerância à ferrugem polissora.....	117
Potencial de linhagens de feijão vermelho oriundas de três ciclos de seleção recorrente.....	118
Potencial de melhoramento genético em populações segregantes de trigo quanto a caracteres de espiga .....	119
Potencial de populações segregantes de feijão carioca quanto à produtividade de grãos para extração de linhagens superiores .....	120
Potencial fenológico de variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo .....	121
Predição de híbridos triplos de milho .....	122
Proposta de modificação do índice Z para a seleção de progênies em populações e variedades de milho .....	123
Qualidade tecnológica de cultivares de feijão recomendadas no Brasil.....	124
Ranking de clones do gênero <i>Cynodon</i> resistentes à cigarrinha das pastagens	125
Relações fenotípicas e genotípicas entre caracteres em linhagens de trigo.....	126
Respostas de sementes de diversas cultivares da soja inoculadas com <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> .....	127
Seleção de cultivares como padrão de resistência e susceptibilidade à podridão-branca-da-haste em soja.....	128
Seleção de linhagens de trigo baseada em caracteres fenológicos, morfológicos e de produção .....	129
Seleção de linhagens de trigo visando características de interesse agrônomo	130
Seleção de populações F <sub>1</sub> de soja via dialelo parcial e predição através de redes neurais de cruzamentos promissores não realizados .....	131
Seleção de progênies de feijão preto para recombinação e extração de linhagens em um Programa de Seleção Recorrente .....	132
Seleção recorrente em plantas autógamas: estratégias de avaliação do progresso genético.....	133
Seleção via índice FAI-BLUP: aplicação no melhoramento da soja.....	134

Severidade da cercosporiose em população resultante de cruzamentos entre <i>Coffea arabica</i> L. e <i>Coffea liberica</i> L. ....	135
Use of digital images to estimate leaf area in common bean .....	136
Variabilidade genética de cultivares de soja avaliados sob estresse hídrico .....	137
Variação do número de grãos de cultivares de soja avaliados sob estresse hídrico .....	138

# Bioinformática



### **Artificial neural networks in the prediction of genetic merit to flowering traits in bean cultivars**

ROSADO, R. D. S<sup>1</sup>; CRUZ, C. D.<sup>2</sup>; BARILI, L. D.<sup>3</sup>; CARNEIRO, J. E. S. C.<sup>4</sup>; CARNEIRO, P. C. S. C.<sup>2</sup>; NASCIMENTO, M.<sup>5</sup>; CARNEIRO, V. Q.<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioinformática, BIOAGRO, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>3</sup>Faculdade Centro Mato Grossense – FACEM.

<sup>4</sup>Programa Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>5</sup>Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>6</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras.

Since the year 2010, some research groups have demonstrated the efficacy of computational intelligence compared to broad genomic selection in the prediction of genetic merit from simulated populations. However, we still do not have applied works in field crops with same this purpose. The objective of this work was to compare the efficacy of the genomic selection based on GS traditional methodology by Ridge-Regression Best Linear Unbiased Prediction (RR-BLUP) with those of Artificial Neural Networks -ANN (Multilayer perceptron (ANN-MLP) and radial basis function network (ANN-RBF)). We used a set of 80 bean cultivars recommended by Brazilian breeding programs between 1960 and 2013. The experimental design was randomized blocks with three replicates and plots of four lines of 3 meters, spaced 0.5 meters apart. Genotyping was performed with a set of 384 SNPs. The prediction of superior genotypes in a set of bean cultivars was based on phenological traits for days to first flower (DFF) and days to flowering (DTF) and the detection of markers with locus flowering controllers. Genetic variability was observed among cultivars. The coefficients of variation were of low magnitude. The higher accuracy of the selective process of phenotypic values based on ANN output values resulted in a greater efficacy of the genomic estimated breeding value (GEBV). Through the root mean square error computational intelligence approaches via ANN-MLP and ANN-RBF, GEBV were shown to be more efficacy than GS via RR-BLUP using information from bean cultivars Carioca and Black recommended during the period from 1960 to 2013 for phenological traits of flowering.

Support: CAPES, CNPq and FAPEMIG



### **Determination of charge, folding free energy and electrostatic potential at different *in silico* pH values of the modeled polyurethanase**

SALGADO, C. A.<sup>1</sup>; ALMEIDA, F. A.<sup>2</sup>; BARROS, E.<sup>3</sup>; BAGLINIÈRE, F.<sup>1</sup>; VANETTI, M.C.D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Microbiology, Laboratory of Food Microbiology, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Department of Nutrition, Universidade Federal de Juiz de Fora.

<sup>3</sup>Núcleo de Análise de Biomoléculas, Universidade Federal de Viçosa.

*Serratia liquefaciens* secret a lipolytic enzyme identified as polyurethanase. The objective of this work was to evaluate *in silico*, the charge values, the free bending energy and the surface electrostatic potential of the modeled structure of polyurethanase at different pH. The PDB2PQR Server version 2.1.1 program with extension PROPKA version 3.0 was used to evaluate the charge and free bending energy, while the electrostatic potential was evaluated in the PDB2PQR Server version 2.1.1 program and then, in the PyMOL program with an APBS Electrostatics extension. According to the relative number of negatively or positively charged residues, proteins assume a negative or a positive liquid charge. For unfolded protein, the charge ranged from 43.99 to -95.59 and for folded protein from 43.95 to -89.07. The isoelectric point (pI), the pH value at which the liquid charge equals zero, was found equals 4.2 for unfolded protein while the folded structure presented pI value of 4.39. The free bending energy (kcal/mol) at 25 °C ranged from 57.53 to 146.42. At pH 3.8 the lowest folding free energy of the structure modeled by *S. liquefaciens* polyurethanase was found. Surface electrostatic potential showed a color scale, red for protein regions with negative surface electrostatic potential, blue for protein regions with positive surface electrostatic potential. *In vitro* analysis using 50 mM citrate phosphate buffer at pH values of 4.6; 5.0; 6.2 and 6.6, as well as the 50 mM Tris-HCl buffer at pH 7.5; 8.0; 9.0 and 10; polyurethanase exhibited maximum activity at pH 8.0, followed by pH 7.5, 9.0 and 10. In those pH ranges, where the highest polyurethanase activity was determined, the nucleophilic elbow region exhibited very negative electrostatic potential. Thus, the protein surface and catalytic site are in excellent condition to support substrate binding, stabilizing the transition state and increasing the release rate of the product. However, in citrate phosphate buffer (acidic conditions), polyurethanase exhibited low or almost no activity and, it was possible to observe *in silico*, an increasingly positive potential confirming what was found *in vitro*.

Support: CNPq, CAPES e Núcleo de Análise de Biomoléculas (Nubiomol)



### ***In silico* prediction of the effector repertoire from three isolates of *Corynespora cassiicola***

DAL'SASSO, T.C.S.<sup>1</sup>; RODY, H.V.S.<sup>2</sup>; OLIVEIRA, L.O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Molecular e Filogeografia, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup>Laboratório de Genética de Microrganismos, Departamento de Genética, Universidade de São Paulo/Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

*Corynespora cassiicola* (Berk. & M. A. Curtis) C. T. Wei is a cosmopolitan plant pathogen with reports of occurrence in several crops. The fungus presents different lifestyles and its genetic diversity is structured by levels of host specialization, which suggests the involvement of specialized effectors recognized by a limited range of compatible hosts. Herein, we performed the gene annotation and predicted the effector repertoire of isolates from rubber and cotton plants. Three genomes of *C. cassiicola*, either assembled or raw reads, were retrieved from GenBank. *De novo* genome assembly was carried out using SPAdes v3.9.0 with the parameters "--carefull" and "-K21,33,55,77". Genes were predicted using Augustus v3.2.2 and *C. cassiicola* as reference species. The predicted proteomes were annotated using PfamScan with Pfam v32.0 and InterProScan v5.30.69. The predicted secretome was defined by the presence of a signal peptide identified by SignalP v4.1 and the absence of transmembrane domains by TMHMM v2.0. Protein subcellular localization was predicted by TargetP v1.1b. Effector repertoire was predicted using EffectorP v2.0 from the predicted secretome. Carbohydrate-active enzymes (CAZymes) were predicted from predicted proteomes using the dbCAN2 HMM profile database v7.0 and *hmmscan* from HMMER v3.1b2. Lipases were predicted using HMM profiles from the Lipase Engineering Database v3.0 and *hmmscan*. Python scripts were used to parse significant matches for CAZymes and lipases (E-value=1e-4). Peptidases were predicted using predicted proteomes as queries and the MEROPS database v12.1 with BLASTp run locally (E-value=1e-4). The secondary metabolite biosynthesis clusters (SMBCs) were predicted by the standalone antiSMASH v5.0 for fungi. The average number of predicted genes was 14,653. The average number of proteins: 1,195 secreted, 192 effectors, 875 CAZymes, 176 lipases, 487 peptidases. The average number of SMBCs was 55. We concluded that there was a slight variation in the number of genes and proteins annotated among the three genomes.

Support: CAPES, CNPq, FAPEMIG



### **Molecular docking of homologous polyurethanase from *Serratia liquefaciens***

SALGADO, C. A.<sup>1</sup>; ALMEIDA, F. A.<sup>2</sup>; BARROS, E.<sup>3</sup>; BAGLINIÈRE, F.<sup>1</sup>; VANETTI, M.C.D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Department of Microbiology, Laboratory of Food Microbiology, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Department of Nutrition, Universidade Federal de Juiz de Fora.

<sup>3</sup>Núcleo de Análise de Biomoléculas, Universidade Federal de Viçosa.

Polyester polymers are biodegradable compounds belong to the class of polyurethanes and enzymes called polyurethanase, such as lipases and esterases, may hydrolyze them. *Serratia liquefaciens* isolated from raw milk secretes a polyurethanase that has been identified by LC-MS. In this work, the objective was to model the polyurethanase of *S. liquefaciens* and perform a molecular docking with different substrates of lipolytic enzymes. *S. marcescens* LipA protein that presented the highest Global Model Quality Estimation (GMQE = 0.92) and identity (78.1%) was chosen among the crystallized proteins deposited in the Protein Data Bank. Then, the modeled structure of the lipolytic enzyme was validated by the SWISS-MODEL program. The modeled *S. liquefaciens* polyurethanase was tested for its ability to complex, *in silico*, to different short, medium and long-chain fatty acids and to the *p*-nitrophenyl urethane, the polyurethanase substrate. The compounds obtained from the ChemSpider database are: *p*-nitrophenyl acetate (C2, ID: 12687), *p*-nitrophenyl butyrate (C4, ID: 68343), *p*-nitrophenyl hexanoate (C6, ID: 493064), *p*-nitrophenyl octanoate (C8, ID: 87927), *p*-nitrophenyl decanoate (C10, ID: 3627799); *p*-nitrophenyl laurate (C12, ID: 67349), *p*-nitrophenyl myristate (C14, ID: 76277), *p*-nitrophenyl palmitate (C16, ID: 66524), *p*-nitrophenyl stearate (C18, ID: 3587771) and *p*-nitrophenyl urethane (ID: 200420). Molecular docking was performed at the CLC Drug Discovery Workbench. The polyurethanase complexed to substrates via catalytic serine (S207) and the best scores were obtained with long-chain lipase substrates in the following ascending order (C16, C18, C12, C14). Besides, the polyurethanase of *S. liquefaciens* has also complexed with short-chain substrates (C8, C6, C4), which are esterase specific substrates but which lipases can also hydrolyze. In addition, polyurethanase forms complex to *p*-nitrophenyl urethane, indicating that it can also hydrolyze the urethane substrate. Therefore, the lipolytic activity found in *S. liquefaciens* polyurethanase showed potential for biotechnological exploration.

Support: CNPq, CAPES e Núcleo de Análise de Biomoléculas (Nubiomol)



### **Rna-seq identifica genes associados à virulência do *Colletotrichum lindemuthianum* em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**

ARAÚJO, V. C. S.<sup>1</sup>; ARAÚJO, L. G.<sup>2</sup>; PEREIRA, W. A.<sup>3</sup>; NOVAES, E.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Genômica de Plantas, Programa de Genética e Biologia Molecular, Universidade Federal de Goiás.

<sup>2</sup>Laboratório de Genética de Microrganismos, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Goiás.

<sup>3</sup>Laboratório de Genética Molecular, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras.

O crescimento da população mundial requer aumento constante na produção de alimentos. A agricultura intensiva somada às mudanças climáticas resulta no surgimento de novas raças de patógenos, e na intensificação de doenças nas lavouras. O fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magn.) Scribner é o fitopatógeno causador da Antracnose, uma doença grave que acomete os cultivos do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Este estudo visou analisar o transcriptoma de *C. lindemuthianum* com o objetivo de identificar genes importantes para o desenvolvimento da antracnose em feijoeiro comum. As sequências de RNA foram obtidas do banco de dados Short Read Archive do NCBI e são provenientes de um experimento fatorial 2 x 2 x 4, com três repetições. O primeiro fator foi a inoculação (esporos de *C. lindemuthianum* vs água destilada), o segundo fator linhagens isogênicas de feijão preto (resistente vs suscetível) e o terceiro, o tempo de coleta das folhas do feijoeiro (0, 24, 72 e 96 horas) após a inoculação. As amostras foram sequenciadas na plataforma *Illumina* HiSeq 2.500 no modo *single-end*, com *reads* de 50 pb. Após o mapeamento das sequências, foi realizada a montagem dos transcritos com o software Cufflinks, gerando em média 1.030 transcritos para as bibliotecas obtidas de plantas inoculadas com o patógeno. As análises de genes diferencialmente expressos (GDEs) foram realizadas somente nas bibliotecas inoculadas com o patógeno, comparando-se a resposta do patógeno nas linhagens suscetível vs. resistente do feijoeiro. O software edgeR identificou 0,96 e 1.322 GDEs nos tempos de 24, 72 e 96 h após inoculação, demonstrando uma resposta progressiva do transcriptoma do fungo. Esses GDE foram posteriormente submetidos à análise de enriquecimento funcional, demonstrando respostas importantes para a patogênese, como aumento na síntese proteica (proteínas ribossomais) e aumento no consumo energético (bomba de prótons, síntese e uso de ATPs nas mitocôndrias). Com o conhecimento do transcriptoma do fungo, é possível compreender melhor como este patógeno ataca a planta e conseqüentemente buscar biotecnologias para um controle mais efetivo da doença.

Apoio: Universidade Federal de Goiás e FAPEG

# **Biologia Molecular e Biotecnologia**



### **A exposição ao arsênio durante a pré-puberdade altera a expressão de genes relacionados com enzimas antioxidante em órgãos reprodutivos de ratos Wistar juvenis**

GUIMARÃES-ERVILHA, L. O.<sup>1</sup>; COUTO-SANTOS, F.<sup>2</sup>; SOUZA, A. C. F.<sup>2</sup>; ARAÚJO, L. S.<sup>3</sup>; GUIMARÃES, S. E. F.<sup>3</sup>; MACHADO-NEVES, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Estrutural, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Histopatologia e Análises Enzimáticas, Departamento de Biologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro

<sup>3</sup>Laboratório de Biotecnologia Animal, Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O arsênio é um metalóide amplamente encontrado no ambiente, em pequenas quantidades. Contudo, devido às atividades antropogênicas, os níveis desse metalóide têm aumentado consideravelmente nas águas superficiais em diversas regiões pelo mundo. Além disso, diversos trabalhos têm elucidado os efeitos negativos causados pelo arsênio em parâmetros reprodutivos de animais adultos, porém, não existem trabalhos que evidenciem os efeitos da exposição ao arsênio sobre a expressão de genes relacionados com a atividade antioxidante durante o período de desenvolvimento dos órgãos reprodutivos. À face do exposto, o objetivo do presente estudo foi avaliar a expressão de genes relacionados com as enzimas antioxidantes em órgãos reprodutivos de ratos Wistar juvenis machos tratados com arsênio durante a fase pré-púbere. Para isso, 20 ratos Wistar machos foram separados em dois grupos experimentais: grupo controle (n=10), os animais receberam apenas água filtrada; grupo arsênio (n=10), os animais receberam água filtrada contendo 10 mg L<sup>-1</sup> na forma de arsenito de sódio. O período experimental foi do dia DPN (dia pós natal) 21 até DPN 51(CEUA n° 96/2017). A eutanásia ocorreu no 52º dia de experimento, e nesse momento, testículo e epidídimo (região caudal) foram removidos, dissecados e posteriormente processados para análises da expressão de genes relacionados com a atividade antioxidante via qPCR-RT. Nossos resultados demonstraram que os níveis de expressão do mRNA das enzimas SOD1, SOD2, CAT, GSTK1, e MT1 foi maior no testículo dos animais expostos ao arsênio ( $p < 0,05$ ). Similarmente, animais expostos ao arsênio apresentaram maior expressão dos genes SOD1, CAT e GSTK1 quando comparados com animais controle ( $p < 0,05$ ). Nossos resultados evidenciam que a exposição ao arsênio durante o período crítico do desenvolvimento aumenta a expressão de genes relacionados com o estresse oxidativo no testículo e epidídimo de ratos machos juvenis.

Apoio: Fapemig, CNPq



### **Amidas com porções triazólicas derivadas do ácido cinâmico apresentam atividade citotóxica e antimetastática em células tumorais de melanoma murino**

VALE, J. A.<sup>1</sup>; SANTOS, F. S.<sup>2</sup>; BRESSAN, G. C.<sup>3</sup>; FIETTO, J. L. R.<sup>3</sup>; TEIXEIRA, R. R.<sup>2</sup>; NEVES, M. M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Estrutural, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup>Grupo de Síntese e Pesquisa de Compostos Bioativos, Departamento de Química, Universidade Federal de Viçosa

<sup>3</sup>Laboratório de Bioquímica Celular e Bioprodutos, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

O ácido cinâmico é um ácido carboxílico aromático, de ocorrência natural, podendo ser encontrado em diversos tipos de plantas, frutas e vegetais, como nas folhas de coca e no óleo de canela. Diversas propriedades biológicas foram encontradas para esse composto, desde atividade antimicrobiana a antitumoral, inclusive contra o melanoma. O melanoma é um tipo de câncer de pele potencialmente letal, principalmente devido à capacidade de gerar metástases. Sabendo da ineficiência dos tratamentos atuais e dos inúmeros efeitos colaterais, é necessária a prospecção de novos compostos com maior eficácia. Nesse contexto, derivados do ácido cinâmico já apresentaram efeitos citotóxicos contra o melanoma. Portanto, o objetivo do presente estudo foi avaliar amidas com porções triazólicas derivadas do ácido cinâmico sobre células de melanoma B16-F10. Para isso células  $1 \times 10^4$  células B16-F10 foram semeadas/poço em placas de 96 poços e incubadas a 37°C a 5% de CO<sub>2</sub> até chegarem à confluência. Após 24h, as células foram tratadas com concentrações crescentes (0-200 µM) dos compostos derivados do ácido cinâmico e incubadas por mais 48h. Após as 48h, o ensaio foi revelado por meio do MTT (brometo de[3-(4,5-dimetiltiazol-2yl)-2,5-difenil tetrazolium]), a fim de se avaliar a viabilidade celular frente aos compostos. Posteriormente, o ensaio *wound healing* foi realizado com o composto selecionado pelo teste de viabilidade celular. Os resultados obtidos mostraram que cinco compostos diminuíram de forma significativa a viabilidade celular das células B16-F10. O composto de número 35 reduziu a viabilidade para menos de 40% e, portanto, foi utilizado no teste de migração celular. Nesse ensaio, o composto apresentou redução significativa da migração celular de células B16-F10, na concentração de 50 µM. Portanto, as amidas com porções triazólicas derivadas do ácido cinâmico apresentaram atividade citotóxica e antimetastática contra melanoma murino. Com isso, esses derivados apresentaram potencial para serem investigados como opção terapêutica para o tratamento do melanoma e indicaram um guia na busca de novos compostos com atividade antitumoral.

Apoio: CAPES, FAPEMIG, CNPq



### **Análise da expressão do gene *putative receptor-like protein kinase* candidato a resistência à *Hemileia vastatrix***

ALVES, D. R.<sup>1</sup>; ALMEIDA, D. P.<sup>1</sup>; CASTRO, I. S. L.<sup>1</sup>; SILVA, E. M. A.<sup>2</sup>; MENDES, T. A. O.<sup>3</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,4</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Bioinformática, Universidade Federal de Minas Gerais.

<sup>3</sup>Laboratório de Biotecnologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>4</sup>Embrapa Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

O fungo *Hemileia vastatrix*, causador da ferrugem do cafeeiro, está distribuído em todo o mundo e novas raças do patógeno, capazes de suplantar a resistência de *Coffea*, têm surgido. O sucesso da infecção do patógeno depende da sua habilidade em suprir as respostas da planta. Os receptores do tipo quinase (RLKs) são receptores de reconhecimento padrão (PRRs) que permitem a identificação de uma gama de patógenos levando à imunidade desencadeada por padrões moleculares associados à patógenos (PTI), constituindo a primeira linha de defesa da planta. Desse modo, objetivou-se analisar a expressão do gene *putative receptor-like protein kinase*, identificado em uma região genômica do Híbrido de Timor (HdT) CIFC 832/2, importante fonte de resistência à ferrugem e outras doenças do cafeeiro. Foram desenhados *primers* para o gene RLK e estes foram utilizados nas reações de PCR quantitativo em tempo real. O experimento para a análise de expressão gênica foi conduzido em delineamento experimental inteiramente casualizado. Utilizaram-se plantas jovens de *C. arabica* var. Caturra CIFC 19/1 (interação compatível) e HdT CIFC 832/1 (interação incompatível), inoculadas com a raça XXXIII de *H. vastatrix*. As amostras foram coletadas 0, 12, 24 e 72 horas após a infecção (hai). O nível de expressão gênica foi calculado utilizando valores de Ct, resultante de réplicas biológicas e técnicas. Na interação incompatível houve uma diminuição da expressão do gene em relação ao mesmo genótipo avaliado às 0h. A interação compatível revelou um aumento significativo de expressão do gene às 24 hai. A maior expressão do gene pode cooperar de alguma forma com o sucesso da infecção pelo patógeno. Assim, em interação incompatível, ocorreu a diminuição da expressão desse gene, como foi observado antes das 24 hai, sugerindo uma defesa precoce relacionada à PTI. Essa resposta precoce é fundamental para introduzir cascatas de sinalização na PTI e posterior expressão de outros genes envolvidos no mecanismo de defesa da planta. As informações obtidas são relevantes para ampliar o conhecimento sobre os genes de resistência de *Coffea* à *H. vastatrix* e auxiliar futuras estratégias de melhoramento do cafeeiro.

Apoio: CAPES, CNPq, Consórcio Pesquisa Café, Fapemig, INCT-Café



### **Análises genômicas identificam um Resistance Gene Analog (RGA) potencialmente envolvido na resistência do cafeeiro à ferrugem**

CASTRO, I. S. L.<sup>1</sup>; ALMEIDA, D. P.<sup>1</sup>; ALVES, D. R.<sup>1</sup>; ANDRADE, E. M.<sup>2</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>3</sup>; MENDES, T. A. O.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, UFV

<sup>2</sup>Departamento de Bioinformática, UFMG

<sup>3</sup>Embrapa Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

<sup>4</sup>Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, UFV

O café é uma das *commodity* agrícolas mais importante no mundo. A ferrugem do cafeeiro, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, é considerada a principal doença dessa cultura. O Híbrido de Timor (HdT) é uma importante fonte de genes de resistência à ferrugem. A maioria dos genes de resistência (genes R) clonados e sequenciados até o momento contêm um sítio de ligação a nucleotídeo (NBS) e um domínio de repetição rica em leucina (LRR). Os *RGAs* (*Resistance Genes Analogs*) são genes que possuem domínios conservados, principalmente NBS, ligados a resistência, dessa forma possuem potencial para o uso como biomarcadores de genótipos resistentes. Nesse trabalho, selecionamos um *RGA* a partir de dados do transcriptoma da interação cafeeiro-*H. vastatrix*, com potencial envolvimento no mecanismo de defesa da planta. Análise de expressão desse gene foi realizada em cafeeiros resistente e suscetível, com o objetivo de validar seu envolvimento no processo de resposta de defesa da planta. Para obter a sequência do gene e caracterizá-lo, foi realizado seu rastreamento em uma biblioteca de clones BAC (Cromossomo Artificial de Bactéria) obtida do HdT CIFC 832/2. A análise de expressão mostrou diferença significativa entre as variedades resistente e suscetível, sendo o gene *up* regulado na variedade resistente às 12 e 24 horas após a inoculação, sugerindo o seu envolvimento durante a resposta de defesa da planta. O sequenciamento do clone contendo o *RGA* e a sua posterior análise estrutural revelou um loco gênico altamente similar ao genoma de *C. arabica* e com nenhuma similaridade com *C. canephora*. Análises de filogenia utilizando os *RGAs*, presentes no loco, confirmaram a similaridade dessa região com genomas disponíveis de *C. arabica*. Contudo, análise de filogenia utilizando genes que codificam proteínas do metabolismo primário presente no clone sequenciado e em espécies de *Coffea* também indicaram evolução rápida e específica desse loco em HdT. A identificação e caracterização de genes envolvidos nas vias de defesa da planta, podem fornecer informações importantes sobre o funcionamento desse mecanismo, assim como serem utilizadas como biomarcadores de resistência.

Apoio: Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, CNPq, Fapemig, INCT- Café



### **Análises proteômicas no estudo da defesa de plantas de berinjela (*Solanum melongena* L.) 'Flórida Market'**

LOCH, R. M. B.<sup>1</sup>; LOPES, C. J. R.<sup>1</sup>; GOMES, R. A. L.<sup>1</sup>; PEREIRA, P. R. G.<sup>2</sup>; LIMA, E.R.<sup>3</sup>; BARACAT-PEREIRA, M. C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Proteômica e Bioquímica de Proteínas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Nutrição Mineral de Plantas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>3</sup>Laboratório de Semioquímicos, Departamento de Entomologia, Universidade Federal de Viçosa.

As plantas possuem uma maquinaria complexa de defesa contra diversos tipos de estresses. Apresentam estruturas e compostos pré-formados, que fazem parte do seu metabolismo normal, e também compostos sintetizados ou ativados após a detecção de estresse biótico ou abiótico. Quando a planta é submetida a alguma agressão, rapidamente ocorrem respostas de defesa que envolvem produção de espécies reativas de oxigênio e expressão de genes de proteínas de defesa. Esta defesa induzida envolve resposta local e também respostas longe do local da agressão. Além disso, existe a comunicação planta-planta, onde uma planta sadia detecta compostos e aumenta suas defesas quando uma planta vizinha está sob estresse. Certos voláteis emitidos por plantas danificadas são capazes de promover essa comunicação, induzindo a expressão de genes relacionados à defesa em plantas saudáveis. A berinjela apresenta-se como uma cultura resistente a alguns patógenos de interesse comercial, sendo então alvo de nossos estudos para elucidar mecanismos de defesa das plantas em resposta a variados estresses, quando diferentes vias metabólicas são ativadas, levando à síntese de proteínas, enzimas e compostos voláteis distintos. Para a obtenção dos perfis proteômico e metabolômico, plantas de berinjela 'Flórida Market' foram cultivadas e submetidas a 5 tratamentos: plantas feridas (F), plantas não-feridas mantidas perto das feridas (NF), e plantas não-feridas mantidas longe das feridas (NFL), distribuídas no tempo de 0h e 48h após os ferimentos. Para o perfil proteômico, foram feitos géis monodimensionais, SDS-Tricina-PAGE 16,5%T e 3%C, evidenciando amplo espectro proteico, sendo avaliados por eletroforese bidimensional. Para a análise de voláteis, plantas F e NF foram mantidas em câmpulas por 60 h, os voláteis foram coletados em resinas e identificados por GC/MS. Nessa análise, foram detectados diferentes voláteis emitidos pelas plantas F e NF, entre eles, os voláteis de folhas verdes e os terpenos, que foram identificados nas plantas F. Estes resultados preliminares indicaram a potencialidade do estudo da berinjela para entender respostas de defesa que serão detectadas nos estudos subsequentes.

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



### **Clones de *Coffea canephora* portando marcadores moleculares associados ao gene de resistência a Antracnose dos Frutos Verdes**

GONZALES, R. V.<sup>1</sup>; ZAMBOLIM, L.<sup>2</sup>; ALMEIDA, D. P.<sup>1</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>3</sup>;  
MALIKOUSKI, R. G.<sup>4</sup>; VERDIM-FILHO, A. C.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Proteção de Plantas, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>3</sup>Embrapa Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

<sup>4</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>5</sup>Incaper, Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural

A Antracnose dos Frutos Verdes do Cafeeiro, também denominada *Coffee Berry Disease* (CBD) é causada pelo fungo hemibiotrófico *Colletotrichum kahawae* Waller & Bridger. A doença é quarentenária no Brasil e representa potencial ameaça para a cafeicultura nacional e de países da América Central. A identificação de genótipos resistentes à doença, mesmo na ausência do patógeno, pode representar importante estratégia de melhoramento preventivo. O presente trabalho objetivou identificar clones de *C. canephora* portando marcadores moleculares associados ao gene de resistência ao CBD. Foi avaliado um conjunto composto por 44 clones pertencentes às variedades clonais do Incaper (Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural) e por 31 clones selecionados e cultivados por produtores do estado do Espírito Santo. Foi realizada por meio de reação de PCR (*Polimerase Chain Reaction*) a amplificação dos marcadores SSR (*Simple Sequence Repeat*) CBD-Sat207 e CBD-Sat235, associados ao gene *Ck-1*, que confere resistência ao CBD. Os produtos das amplificações foram submetidos à eletroforese em Gel de poliacrilamida 6% seguida da coloração em solução de nitrato de prata. As avaliações de presença ou ausência de bandas correspondentes aos marcadores associados ao gene de resistência em cada clone foram realizadas por comparação com controles suscetíveis (Catuaí Vermelho IAC 64 e Caturra Vermelho) e resistentes (Híbridos de Timor UFV 377-15, UFV 440-10 e a cultivar MGS Catiguá 3). Foi observada presença de ao menos um dos marcadores associados ao gene de resistência em 29 clones oriundos do Incaper e em 15 clones selecionados e cultivados por produtores. Estes genótipos podem constituir importantes fontes de resistência para programas de melhoramento buscando obtenção de clones ou variedades clonais resistentes ao CBD.

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



### **Combined SRPK and AKT inhibition is synergistic in T-cell acute lymphoblastic leukemia**

CAETANO, M. M. M.<sup>1</sup>; SIQUEIRA, R. P.<sup>1,2</sup>; BARROS, M. V. A.<sup>3</sup>; SOUZA, L. A.<sup>4</sup>; PASSOS, P. M. S.<sup>5</sup>; BRESSAN, G. C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Escola de Farmácia, Universidade Federal de Ouro Preto.

<sup>3</sup>Departamento de Química, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>4</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>5</sup>Departamento de Genética e Evolução, Universidade Federal de São Carlos.

The serine/arginine protein kinases (SRPK) play an important role in the regulation of pre-mRNA alternative splicing in the context of EGFR-PI3K-AKT signaling pathway. The kinases are overexpressed and involved in the tumorigenesis of a variety of cancer cells, including leukemia. Although SRPK inhibitors has been demonstrated as a potential agents for leukemia treatment, the establishment of efficacious combination therapies is of potential interest aiming at clinical studies. Herein, we evaluated the effects of a specific SRPK1/2 inhibitor, named SRPIN340, combined with small inhibitors of other molecular targets downstream EGFR involved in leukemia cell proliferation, including Dabrafenib (RAF inhibitor), Ravoxertinib (ERK1/2 inhibitor), Palbociclib (CDK4/6 inhibitor), PIK294 (PI3K inhibitor), and GSK690693 (pan-AKT inhibitor). In this study, we used MTT, RT-PCR, western blotting and flow cytometry to investigate the effects of the treatments in lymphoid (Jurkat) and myeloid (HL60) leukemic cells. Our results demonstrated that some combinations have a synergistic effect on the viability of lymphoid leukemia Jurkat, with combination of SRPIN340 and GSK690693 being the most synergistic. Treatments combining SRPIN340 and GSK690693 also decreased hyperphosphorylation of SR proteins, decreased the pro-angiogenic expression of VEGF, and altered the splicing pattern of the MEK1/2 transcripts, suggesting that the combination affect a network of cellular signaling pathways involved in the pre-mRNA splicing. Furthermore, the synergism in cell death was associated with a greatly apoptosis enhancement with an arrest in G2/M cell cycle phase in combined dosages. Taken together these findings support the strategy for using SRPIN340 and an AKT inhibitor such as GSK690693 in a combinatorial treatment to enhance the efficacy of cancer therapies and support pre-clinical evaluation of combined SRPK and AKT inhibitors in lymphoid leukemia therapy.

Support: CNPq, CAPES, FAPEMIG

## Diferenças genéticas entre famílias de *Acrocomia aculeata* na obtenção de calos embriogênicos

GRANJA, M. M. C.<sup>1</sup>; MOTOIKE, S. Y.<sup>1</sup>; CARNEIRO, P. C. S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A obtenção de cultivares de *A. aculeata* via clonagem *in vitro* de plantas elites é estratégia promissora no melhoramento da espécie, já que a macaúba apresenta exclusivamente a reprodução sexuada e ciclo reprodutivo longo. Respostas de diferentes matrizes à embriogênese somática podem fornecer informações de competência *in vitro*, selecionando as mais promissoras para os programas de melhoramento. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes famílias de *A. aculeata* na obtenção de calos embriogênicos. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado (DIC) em esquema fatorial 19x2, avaliando-se 19 famílias em dois meios de indução com três repetições e 10 embriões por família. Após a inoculação dos embriões zigóticos nos meios de indução Y3 (M1 - 9µM de Picloram e M2 - 9µM de Dicamba) foram avaliadas as porcentagens de: Embriões intumescidos (*EI*), Calos (*ECAL*) e Calos embriogênicos (*CEM*). Os dados foram submetidos à ANOVA, sendo as médias comparadas pelo teste de *Tukey* ( $p < 0,05$ ) e estimado o coeficiente de repetibilidade (*r*) pelo método de componentes principais (baseado na matriz de covariância). Foi observada diferença significativa para todos os caracteres. Aos 30 dias após a incubação a família 01 foi a mais respondente, com média de 80% de *EI*, enquanto que a família 18 apresentou média de 28,33%. Para *ECAL* e *CEM*, não foram verificadas diferenças entre as médias pelo teste de *Tukey*. Porém, para *CEM* a família 01 apresentou 30% dos calos embriogênicos, enquanto a família 18 não foi responsiva. Os coeficientes de repetibilidade (*r*) foram de baixa variação entre as três repetições e os dois meios. As estimativas médias dos coeficientes de repetibilidade entre os meios variaram de 0,1762 para *ECAL* no M2, a 0,2232 para *CEM* no M1. As baixas estimativas dos coeficientes de repetibilidade indicaram elevada variação entre embriões dentro das parcelas, em decorrência das diferenças genéticas entre os embriões oriundos de sistema misto de reprodução da espécie. Portanto, o tamanho da parcela utilizado (10 embriões) não foi suficiente para discriminar com acurácia as respostas das matrizes à formação de calos embriogênicos.

Apoio: FAPEMIG, CAPES e CNP



### **Divergência genética em lima ácida ‘Tahiti’ por meio de marcadores ISSR**

MALIKOUSKI, R. G.<sup>1</sup>; MORAIS, A. L.<sup>2</sup>; BARBOSA, D. H. S. G.<sup>3</sup>; GONZALES, R. V.<sup>4</sup>;  
ZUCOLOTO, M.<sup>2</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical, Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo.

<sup>3</sup>EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

<sup>4</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A identificação da variabilidade genética entre acessos é de muita relevância, pois constitui o passo inicial de pesquisa básica no desenvolvimento de novas variedades de plantas. Diversos métodos podem ser utilizados, dentre eles destaca-se o uso dos marcadores moleculares, que possibilita a identificação do polimorfismo em nível de DNA, eliminando a interferência ambiental e aumentando a confiabilidade na distinção de acessos. Diante o exposto, o objetivo do estudo foi determinar a divergência genética em doze genótipos de copa de lima ácida ‘Tahiti’ por meio de marcadores moleculares ISSR. O experimento foi instalado na área experimental da Fazenda José Guarete, pertencente à empresa Bello Fruit no município de São Mateus-ES. A coleta do material e a realização das análises ocorreram em junho de 2018. Os genótipos de lima ácida ‘Tahiti’ avaliados foram: Bello Fruit, Éledio, Iconha, Itarana, Santa Rosa, Bearss Lime, CNPMF 01, CNPMF 02, CNPMF 2001, CNPMF 5059, BRS Passos e Persian 58. Para a determinação da divergência genética foram coletadas folhas de cada uma das doze copas estudadas e utilizado 12 *primers* ISSR. Os índices de dissimilaridade genética entre as seleções foram calculados a partir do complemento do coeficiente de Jaccard. O número de grupos genéticos foi determinado pelo método UPGMA com ponto de corte estabelecido de acordo com Mojema. A consistência do agrupamento foi verificada pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC). As análises indicaram que os acessos com menor distância genética foram Iconha e Bearss Lime (0,15), e a maior distância foi entre Éledio e CNPMF 02 (0,86). Houve a formação de dois grupos, sendo um composto apenas por Elédio e no outro os demais genótipos utilizados no experimento, demonstrando baixa variabilidade genética (CCC=0,95). A baixa divergência entre os genótipos, pode estar relacionada ao fato de que todas as seleções exceto a Éledio, terem sido provenientes de um possível ancestral único. A ocorrência de mutações promoveu diferenças com a variedade convencional, estes materiais foram identificados e selecionados por melhoristas, e posteriormente propagados vegetativamente constituindo novas variedades.

Apoio: Embrapa, Bello Fruit, Frucafé e Universidade Federal do Espírito Santo



### **Diversidade genética de acessos de seringueira caracterizada por marcadores microssatélites**

CAVALCANTE, L.N.<sup>1</sup>; SOUZA, C.S.<sup>2</sup>; CAMPOS, T.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Laboratório de Morfogênese e Biologia Molecular (LabMol) da Embrapa Acre.

<sup>2</sup> Doutorando em Produção Vegetal da Universidade Federal do Acre.

<sup>3</sup> EMBRAPA Acre, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Existem espécies vegetais que produzem partículas de borracha em meio aquoso (látex), mas nenhuma supera o desempenho produtivo da seringueira (*Hevea brasiliensis*). O cultivo de seringueira em sua região de origem (Amazônia) tem sido limitado devido à ação patogênica do fungo *Microcyclus ulei*, causador do mal-das-folhas. Muitas coleções *ex situ* foram formadas para conservar este recurso genético e precisam ser caracterizadas, para fornecer subsídios aos programas de melhoramento genético da seringueira. Para detecção da variabilidade genética, o microssatélite ou SSR (*Simple Sequence Repeats*) é utilizado na caracterização da diversidade de clones cultivados e populações naturais de seringueira. O objetivo desse trabalho é caracterizar a diversidade genética de 50 acessos de seringueira por meio de marcadores microssatélites. As amostras foliares foram coletadas no banco de germoplasma da Embrapa Cerrados. O DNA genômico total foi extraído e quantificado em gel de agarose 1%. As reações de amplificações foram feitas com 10 microssatélites desenvolvidos para seringueira. Os produtos das amplificações foram visualizados em gel de agarose (3%). A genotipagem foi realizada em sequenciador automático AB 3500xL (Applied Biosystems). Os tamanhos alternativos de cada loco foram visualizados na forma de picos junto ao padrão GeneScan-600 (LIZ) no programa GeneMarker versão 2.7.0. Posteriormente, calculou-se as distâncias genéticas entre os acessos com base na distância modificada de Rogers e os seguintes parâmetros genéticos: número de alelos ( $N$ ), heterozigosidade esperada ( $H_E$ ), heterozigosidade observada ( $H_o$ ) e conteúdo de informação polimórfica ( $PIC$ ). As distâncias genéticas variaram entre 0,16 e 0,90. O número de alelos variou de 15 a 25 com média de 20,2 alelos por loco. As médias de  $H_E$ ,  $H_o$  e  $PIC$  foram de 0,86, 0,61 e 0,86, respectivamente. Espera-se que o valor do  $PIC$  seja similar ao da estimativa de  $H_E$ , sendo ambos sinônimos de diversidade genética. Os dez microssatélites testados foram polimórficos entre os acessos de seringueira e eficientes para caracterizar a diversidade genética e discriminar os acessos. Não houve detecção de material redundante na coleção.

Apoio: CNPq, EMBRAPA



### **Efeito anti-herpético da inibição farmacológica das cinases reguladoras de splicing SRPKs**

PAIVA, J. C.<sup>1</sup>; MENDES, F. C.<sup>1</sup>; SILVA, L. V. G.<sup>1</sup>; SILVA JÚNIOR, A.<sup>2</sup>; BRESSAN, G. C.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Celular e Bioprodutos, Departamento de Bioquímica e Biologia molecular, Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup>Laboratório de Virologia Animal, Departamento de Medicina Veterinária, Universidade Federal de Viçosa

O *Human herpesvirus 1* acomete cerca de 90% da população mundial e é responsável por infecções labiais recorrentes e casos esporádicos de encefalite. O estabelecimento de latência no hospedeiro, somado ao surgimento de estirpes resistentes aos principais anti-herpéticos existentes, dificultam o controle da infecção. O *splicing* do pré-mRNA é um processo fundamental para a expressão de genes virais e celulares. Cinases da família das SRPKs são fatores chave nesse processo e o efeito antiviral de sua inibição tem sido demonstrado contra diferentes espécies virais. Diante da necessidade constante de se buscar estratégias antivirais alternativas e visto que a atividade de *splicing* foi previamente demonstrada durante o ciclo de herpesvírus, a proposta do trabalho foi avaliar a atividade antiviral do inibidor específico de SRPKs, SRPIN340, e uma série de 22 análogos sintetizados por nossa equipe de pesquisadores. Resultados preliminares possibilitaram a seleção de 6 dos compostos em estudo como possíveis anti-herpéticos, devido a sua eficiente redução do título viral *in vitro*. Para realização dos demais ensaios, foram então selecionados 4 compostos, que também se destacaram por sua atividade antitumoral em outros estudos do grupo. Ensaios *in vitro* demonstraram que os compostos não apresentam atividade virucida, nem sobre as etapas de adsorção e entrada do vírus na célula, o que é condizente com a hipótese de que a ação antiviral está ligada à atividade de inibição de SRPKs intracelularmente. Um dos análogos do SRPIN340 se destacou por sua ação antiviral *in vivo* em um modelo de encefalite herpética em camundongos Balb/c inoculados com o HHV-1. Tal composto foi capaz de aumentar a taxa de sobrevivência e a expectativa de vida dos animais em relação ao controle, além de amenizar a queda de peso e os sinais clínicos causados pela doença. Ainda é necessário entender o papel das SRPKs durante o curso da infecção por HHV-1, porém podemos afirmar que essas cinases atuam no processo e sua inibição acarreta uma diminuição da replicação viral.

Apoio: CAPES, CNPq



### **Efeito citotóxico de ácidos cinâmicos substituídos e ésteres derivados do ácido cinâmico em células tumorais de melanoma**

VALE, J. A.<sup>1</sup>; TOMAZ, D. C.<sup>2</sup>; BRESSAN, G. C.<sup>3</sup>; FIETTO, J. L. R.<sup>3</sup>; TEIXEIRA, R. R.<sup>2</sup>; NEVES, M. M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Estrutural, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup>Grupo de Síntese e Pesquisa de Compostos Bioativos, Departamento de Química, Universidade Federal de Viçosa

<sup>3</sup>Laboratório de Bioquímica Celular e Bioprodutos, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

O melanoma é uma forma letal do câncer de pele e é responsável por aproximadamente 75% de todas as mortes por esse tipo de câncer no mundo. Os principais tratamentos para o melanoma incluem excisão cirúrgica, caso a doença seja detectada precocemente, e radioterapia, quimioterapia e imunoterapia quando o câncer está em estágio metastático. Contudo, os tratamentos convencionais para esse câncer são ineficazes e geram inúmeros efeitos colaterais para o paciente, diminuindo a qualidade de vida dos pacientes. Nesse contexto, o ácido cinâmico é um ácido aromático de ocorrência natural e uma interessante substância de partida para a síntese de novas drogas. Estudos já demonstraram atividade antimicrobiana, antifúngica e antitumoral do ácido cinâmico, sendo que sua atividade antitumoral e de seus derivados já foi relatada no melanoma. Portanto, o objetivo desse estudo foi avaliar o efeito de novos derivados, ácidos cinâmicos substituídos e ésteres derivados do ácido cinâmico, em células de melanoma. Para isso, células B16-F10 foram cultivadas em meio RPMI e suplementadas com soro fetal bovino. Para o ensaio,  $1 \times 10^4$  células foram plaqueadas por poço em placas de 96 poços. Após as 24h, os compostos derivados do ácido cinâmico foram diluídos e acrescentados aos respectivos poços em concentrações crescentes de 0-200  $\mu\text{M}$ . As placas foram incubadas em estufa a 37°C com 5% de  $\text{CO}_2$ , por 48h. Após esse tempo, a viabilidade celular foi avaliada por meio do método MTT (brometo de[3-(4,5-dimetiltiazol-2yl)-2,5-difenil tetrazolium]). Das três séries avaliadas, a série A apresentou três compostos que reduziram de forma significativa a viabilidade celular de B16-F10; as séries S e K apresentaram um composto efetivo. É importante ressaltar que praticamente todos os compostos selecionados diminuíram a viabilidade celular das células B16-F10 para menos de 70%. De todas as baterias analisadas, o composto A3 foi o que apresentou melhor efeito citotóxico. Portanto, pode-se dizer que os ácidos cinâmicos substituídos e ésteres derivados do ácido cinâmico apresentaram efeito citotóxico contra melanoma B16-F10, sendo potenciais compostos encontrados na busca por novas drogas antitumorais.

Apoio: CAPES, FAPEMIG, CNPq

## **Efeito da inibição farmacológica das cinases reguladoras de splicing SRPKs em melanoma metastático murino**

MOREIRA, G.A.<sup>1</sup>; DO VALE, J.A.<sup>2</sup>; PAIVA, J.C.<sup>1</sup>; GONÇALVES, V.H.S.<sup>1</sup>; ALMEIDA, A.A.<sup>3</sup>; BRESSAN, G.C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Celular e Bioprodutos, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Biologia Estrutural, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>3</sup>Laboratório de Biodiversidade, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

O melanoma cutâneo é um tipo de câncer agressivo e o seu alto índice de mortalidade é associado à sua capacidade metastática e resistência a quimioterápicos. Atualmente, tratamentos convencionais para o melanoma têm demonstrado resultados insatisfatórios, o que justifica a busca por novas estratégias terapêuticas. Nesse contexto, diversos relatos da literatura têm evidenciado as SRPKs como alvos estratégicos para o desenvolvimento de terapias antimelanoma. As SRPKs regulam eventos de splicing alternativo por meio da fosforilação das proteínas SR. No ambiente citoplasmático as SRPKs podem interagir com outras proteínas desencadeando vias de sinalização envolvidas no desenvolvimento e progressão tumoral. Diante disso, tivemos o objetivo de avaliar o impacto da inibição das SRPKs no desenvolvimento tumoral em modelo de melanoma subcutâneo, por meio de um inibidor químico específico, o derivado de isonicotinamida SRPIN340. Para isso, suspensão de células na concentração de  $1 \times 10^6$  células/mL<sup>-1</sup> foram preparadas em PBS estéril, sendo que desta suspensão 200  $\mu$ L foram inoculados, por via subcutânea, no flanco direito dos camundongos. Após o aparecimento do tumor os animais foram tratados por 14 dias na forma intratumoral. No 15<sup>o</sup> dia os animais foram eutanasiados e o tumor, baço e pulmão foram recolhidos para realização de lâminas histológicas e de imunofluorescência. O composto SRPIN340 foi capaz de diminuir o crescimento do melanoma subcutâneo, aumentar o recrutamento de infiltrado inflamatório e promover a morte celular das células tumorais via ativação da caspase 3. No baço o tratamento foi capaz de modular o sistema imunológico por meio do aumento da polpa branca que faz parte do sistema de defesa e de células co-estimulatórias CD80 e CD86. Finalmente, no pulmão dos camundongos não tratados, observamos focos metastáticos, regiões de edema e de congestão de hemácias, enquanto que nos camundongos tratados com o composto SRPIN340 esses processos não foram observados. Juntos, esses dados sugerem que a inibição farmacológica da SRPK deve ser considerada uma estratégia terapêutica interessante contra o melanoma cutâneo.

Apoio: Capes, Fapemig, CNP



### **Efeitos da exposição ao arsênio na expressão de genes associados à capacidade antioxidante em órgãos reprodutivos de ratos Wistar machos expostos durante a pré-puberdade**

CARVALHO, R. P. R.<sup>1</sup>; COUTO-SANTOS, F.<sup>1</sup>; SOUZA, A. C. F.<sup>2</sup>; ARAÚJO, L. S.<sup>3</sup>; GUIMARÃES, S. E. F.<sup>3</sup>; MACHADO-NEVES, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Biologia Animal, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O arsênio é um contaminante ambiental importante devido à sua toxicidade e está associado a distúrbios nos sistemas corporais. Acredita-se que o estresse oxidativo está envolvido na toxicidade do arsênio ao sistema reprodutor masculino, causando disfunção erétil e danos aos espermatozoides. Sabe-se que a puberdade é um período sensível, onde a espermatogênese e a esteroidogênese ainda não está completamente estabelecida. Entretanto, não está claro se a exposição ao arsênio durante a pré-puberdade pode afetar o desenvolvimento dos órgãos reprodutivos em machos, com consequências na idade adulta. Além disso, não se sabe se esses efeitos são reversíveis ou permanentes após o fim da exposição ao arsênico. Diante disso, o presente estudo objetivou avaliar a toxicidade do arsênio na expressão de genes associados à capacidade antioxidante em testículos e epidídimos de ratos machos adultos expostos durante a pré-puberdade. Vinte ratos Wistar machos (21 dias de idade) foram distribuídos aleatoriamente em dois grupos: controle e tratados com arsênio. Durante 30 dias, os animais expostos ao metaloide receberam 10 mg l<sup>-1</sup> de arsênio na forma de arsenito de sódio em água filtrada *ad libitum*. Ao final do tratamento, os animais receberam água filtrada por mais 30 dias, e então eutanasiados. Os testículos e epidídimos (n=5) foram coletados e congelados para as análises moleculares. A extração total de RNA foi realizada por meio do reagente TRIzol®, de acordo com as instruções do fabricante. A concentração de RNA foi avaliada em espectrofotômetro e a qualidade foi confirmada em gel de agarose a 1%. A primeira cadeia de síntese de cDNA foi realizada usando o kit GoScript Reverse Transcriptase e sua concentração determinada por espectrofotômetro. Nossos resultados demonstraram que animais tratados com arsênio não apresentaram diferenças nos níveis de expressão de mRNA das enzimas antioxidantes SOD1, SOD2, CAT, GSTK1 e MT1 quando comparados com o grupo controle ( $p > 0,05$ ) sugerindo que os efeitos pro-oxidantes ocorrem somente durante sua ingestão. Assim, concluímos que a exposição ao arsênio na puberdade não altera a expressão destes genes em animais adultos.

Apoio: CAPES



### **Estrutura genética populacional de progênies de maracujazeiro azedo**

MARQUES JUNIOR, E.<sup>1</sup>; SILVA, P. A. <sup>1</sup>; SERAFINI, G. A. D. <sup>1</sup>; ROSADO, L. D. S. <sup>1</sup>; COSTA, A. C. <sup>2</sup>; SANTOS, C. E. M. dos<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento Plantas, Departamento Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Universidade Estadual do Mato Grosso-MT, Campus Nova Xavantina

O maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims) é uma fruteira tropical de considerável importância socioeconômica para o Brasil. A cultura é relativamente nova no Brasil, e o melhoramento é tido como o principal responsável pela expansão dos cultivos. Os programas de melhoramento buscam principalmente desenvolver cultivares de maior potencial produtivo e tolerante aos fatores bióticos e abióticos que limitam os pomares. O conhecimento da estrutura genética populacional dos acessos trabalhados nos programas é essencial para maximização dos ganhos no programa. Desta forma, este trabalho teve como objetivo, estudar a estrutura genética de duas progênies de irmãos completos e de uma progênie de meios irmãos de maracujazeiro azedo. Duas progênies de irmãos completos obtidas por hibridação e uma progênie de meios irmãos obtida por polinização aberta, foram genotipadas com oito pares de marcadores microssatélites. Trinta e seis plantas de cada progênie híbrida e 45 plantas da progênie de meios irmãos foram genotipadas juntamente com seus genitores. Para a progênie de meios irmãos, considerou-se 11 plantas em torno do genitor feminino como os possíveis genitores masculinos. A estrutura genética das progênies foi estudada por meio de uma abordagem bayesiana utilizando o *software structure* e então encontrar um valor de K que melhor representasse as três progênies, a partir do critério do Delta K. A melhor estruturação das populações foi obtida com K=2. As progênies de meios irmãos apresentaram uma estrutura genética semelhante entre si, diferentemente do esperado, que seria um perfil genético restrito a seus genitores. A proximidade das progênies pode ser explicada pela relação de parentesco entre os genitores dessas progênies. Por outro lado, a progênie de meios irmãos apresentou um perfil genético próprio, em relação às demais progênies, mesmo tendo o genitor feminino aparentado aos genitores das progênies híbridas. A distinção dessa progênie em relação às híbridas, mesmo com a relação de parentesco, pode ser explicada pelo fenômeno da polinização aberta, onde vários genitores contribuem na formação da progênie.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG



### **Estudo de uma região genômica do Híbrido de Timor CIFIC 832/2 associada à resistência à *Hemileia vastatrix***

ALVES, D. R.<sup>1</sup>; ALMEIDA, D. P.<sup>1</sup>; CASTRO, I. S. L.<sup>1</sup>; BARREIROS, P. R. M.<sup>1</sup>; MENDES, T. A. O.<sup>2</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Biotecnologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>3</sup>Embrapa Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

A ferrugem do cafeeiro, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, é a principal doença dessa cultura, sendo responsável por perdas econômicas significativas para a cafeicultura mundial. A principal estratégia de controle dessa doença é o uso de cultivares resistentes. O Híbrido de Timor (HdT), originado de cruzamentos espontâneos interespecíficos entre *Coffea arabica* e *Coffea canephora*, é considerado uma das fontes mais importantes de resistência à ferrugem e outras doenças, sendo amplamente utilizado no melhoramento genético do cafeeiro. Assim, compreender a resistência do HdT é indispensável para o uso eficiente dos seus recursos no melhoramento contínuo de variedades de *Coffea*. Este estudo teve como objetivo sequenciar e caracterizar uma região do genoma do HdT CIFIC 832/2, que contém marcadores associados à resistência à *H. vastatrix*. Foram realizados sequenciamentos de um clone Cromossomo Artificial Bacteriano (BAC), clone BAC 70-22F, contendo o marcador de resistência funcional. Os *contigs* foram montados usando o *software* SPAdes e a estratégia conhecida como montagem *de novo*. A predição de genes foi realizada no *software* AUGUSTUS. A anotação gênica foi feita com base em três genomas de *Coffea*, *C. arabica*, *C. canephora* e *C. eugenioides*, utilizando a ferramenta BLAST para busca de similaridade de sequências. Um total de 338 genes foram anotados. Destes, 183 foram caracterizados usando a anotação do genoma de *C. arabica*. Foram encontrados genes envolvidos em diferentes etapas de defesa da planta, relacionados com respostas positivas e negativas, inibidores de proteases e receptores envolvidos nas primeiras horas de defesa. Utilizando o *software* TopHat em uma busca de identidade genética entre o clone BAC 70-22F e os três genomas de *Coffea*, o clone apresentou maior semelhança com o genoma de *C. arabica* (14,6%) e *C. eugenioides* (14,7%). Os resultados sugerem que a região genômica clonada possui importantes genes candidatos que poderiam ser utilizados para o desenvolvimento de cultivares com resistência durável a *H. vastatrix*. E apresentam informações relevantes para entender como ocorreu a introgressão dos genes de resistência no HdT.

Apoio: CAPES, CNPq, Consórcio Pesquisa Café, Fapemig, INCT-Café



### **Genotoxicidade e alterações funcionais em espermatozoides de ratos Wistar expostos a arsênio**

COIMBRA, J.L.P. <sup>1</sup>; ERVILHA, L.O.G. <sup>1</sup>; SOUZA, A.C.F. <sup>1</sup>; SILVA, A.J <sup>2</sup>; CLARINDO, W.R. <sup>2</sup>; MACHADO-NEVES, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Celular e estrutural, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Citogenética e Citometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa

O arsênio (As) é considerado um metal pesado amplamente distribuído no ambiente, como ar, solo e água. Sabe-se que milhares de pessoas no mundo estão expostas diretamente ao arsênio na água de beber, com consequências negativas para a reprodução masculina. Entretanto, pouco se sabe ainda os efeitos do As sobre parâmetros espermáticos, incluindo análises de genotoxicidade. Portanto, o presente trabalho objetivou analisar a genotoxicidade e alterações funcionais em espermatozoides de ratos Wistar expostos ao As. Para isso, 15 ratos Wistar adultos foram divididos em três grupos experimentais (n=5/grupo), sendo que animais do Grupo controle (C) receberam água filtrada, enquanto que animais dos outros grupos receberam arsênio, na forma de arsenito de sódio, nas concentrações de 1mg/L (grupo As1) e 10mg/L (grupo As2; CEUA n° 81/2018). A exposição ocorreu na água de beber por um período de 56 dias, o que corresponde a um ciclo do epitélio seminífero. Após o período de exposição, os animais foram eutanasiados e amostras de espermatozoides das regiões epididimárias (Cabeça, corpo e cauda; n = 5/grupo) foram coletadas e destinadas para o ensaio cometa. Para a análise espermática, os espermatozoides foram retirados da cauda epididimária (n = 10/grupo) e avaliados quanto morfologia e motilidade. Os resultados mostram não haver diferenças significativas entre as regiões do epidídimo e/os grupos experimentais referente ao ensaio cometa (Cabeça; C= 95,4 ± 0,4 %; As1= 94 ± 0,8367 %; As2= 93,8 ± 0,5831 %; P > 0,05) (Corpo; C= 93,8 ± 0,6633 %; As1= 93,6 ± 1,122%; As2= 94 ± 0,8944 %; P > 0,05) (Cauda; C= 94,2 ± 1,068 %; As1= 88 ± 2,588 %; As2= 87,6 ± 2,04 %; P > 0,05) A morfologia espermática também não sofreu alteração (C= 96,4 ± 0,4761 %; As1= 97,6 ± 0,2667 %; As2= 96,5 ± 0,5 %; P > 0,05) Contudo, observou-se uma redução na motilidade espermática no grupo As2 em relação aos demais. (C= 83 ± 1,856 %; As1= 78,5 ± 1,5 %; As2= 48,5 ± 2,478 %; P <0,0001). Em conclusão, a exposição ao arsênio, nas condições testadas neste estudo, comprometeu a motilidade espermática sem prejudicar a morfologia ou induzir danos de genotoxicidade nos espermatozoides.

Apoio: CAPES, CNPq, FAPEMIG



### **Interação entre proteínas codificadas pelos genes candidatos LRR\_RLK de HT 832/2 e proteínas de *Hemileia vastatrix***

ALMEIDA, D. P.<sup>1</sup>; CASTRO, I. S. L.<sup>1</sup>; BARREIROS, P. R. R. M.<sup>1</sup>; ALVES, D. R.<sup>1</sup>;  
MENDES, T. A. O.<sup>2</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Departamento de Biologia Geral, UFV

<sup>2</sup>Laboratório de Parasitologia e Epidemiologia Molecular, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, UFV

<sup>3</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Café

A produção cafeeira em todo mundo é afetada pela ferrugem, causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*. Durante a interação com o cafeeiro, *H. vastatrix* secreta uma grande quantidade de proteínas efetoras que modificam a estrutura e a função da célula hospedeira, permitindo o estabelecimento da interação biotrófica. Logo, objetivou-se identificar proteínas de *H. vastatrix* que interagem *in silico* com proteínas LRR Receptor Like Kinase (RLK) presentes em Híbrido de Timor 832/2. Para a identificação das interações proteína-proteína foram integrados três métodos de predição distintos, PEIMAP, PSIMAP e iPfam. As sequências de aminoácidos dos genes RLK1 e RLK2, juntamente com o conjunto total de proteínas de genoma de *H. vastatrix*, foram alinhadas com 40% de identidade e 70% de cobertura foram considerados significativos. Para o PSIMAP e iPfam, foram considerados os alinhamentos com  $e\text{-value} \leq 1 \times 10^{-4}$ . Os pares de interação de cada método foram associados a um valor de confiabilidade. Uma vez obtidos os pares de interação preditos por cada método, foi realizado um cálculo de confiabilidade conjunto que integra os resultados dos diferentes métodos e normaliza os valores de confiabilidade entre 0 e 1. Para a seleção de interações de alta confiabilidade, foram selecionados os pares de interação com valores maiores que 0,7. Para a obtenção de interações com maior potencial de ocorrência *in vivo*, foi realizada a filtragem das interações por meio da predição das proteínas secretadas e/ou de superfície de *H. vastatrix*. Para a predição foram utilizados quatro softwares, SignalP, TMHMM, WoLF PSORT e Phobius. Foram identificadas 158 proteínas de *H. vastatrix* interagindo com as proteínas codificadas pelos genes RLK1 e RLK2. Uma vez realizada a filtragem por meio das proteínas secretadas e/ou de superfície de *H. vastatrix*, restaram 50 proteínas na rede de interação com as proteínas do cafeeiro. É muito importante se conhecer quais proteínas codificadas pelos genes de resistência do cafeeiro interagem com proteínas de *H. vastatrix*, a fim de entender a adaptabilidade e interação da interação *H. vastatrix*-*Coffea*.

Apoio: Fapemig, Capes, CNPq, Embrapa Café, INCT - Café e Consórcio Pesquisa Café



### **Peptídeos de defesa em sementes de soja germinadas para uso biotecnológico**

SOUSA, W. V.<sup>1</sup>; BARACAT-PEREIRA, M. C.<sup>1</sup>; BARBOSA, M. O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Proteômica e Bioquímica de Proteínas, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal de Viçosa.

Peptídeos antimicrobianos (AMPs) de plantas são pouco conhecidos quanto à variabilidade e mecanismos de ação. No agronegócio, há interesse nos AMPs como membros da defesa constitutiva e induzida de plantas, e agentes para desenvolver compostos de defesa para a proteção de sementes armazenadas, plantas em cultivo protegido, além de aplicação como medicamentos para a indústria veterinária. Técnicas peptidômicas previamente desenvolvidas no Laboratório de Proteômica e Bioquímica de Proteínas/DBB/UFV revelaram a presença de peptídeos em sementes de soja (*Glycine max* [L.] Merrill, var. UFV16) germinadas por 48h (SS-48). As frações peptídicas apresentaram atividades contra os fitopatógenos *Ralstonia solanacearum* (Gram-negativo) e *Clavibacter michiganensis ssp. michiganensis* (Gram-positivo), o que mostrou-se biotecnologicamente interessante dada a disponibilidade de material-fonte a baixo custo. Esse trabalho visa identificar o perfil eletroforético bidimensional de peptídeos e proteínas de baixas massas moleculares (<30kDa) nas sementes SS-48. As sementes germinadas foram trituradas com nitrogênio líquido e maceradas em Tris-HCl contendo inibidores de proteases o homogenato foi centrifugado e o sobrenadante foi precipitado (1:6, ml:ml) com TCA 10% (v/v) em acetona gelada com DTT. Após lavagens com acetona/DTT e etanol, as amostras foram ressuspensas em CHAPS, ureia e tioureia, e a proteína foi determinada método do coomassie blue. SDS-PAGE 14% mostrou bandas intensas na região entre 8 e 30 kDa, de interesse. Géis bidimensionais, usando metodologia adaptada para separar peptídeos e proteínas de baixas massas moleculares (<30kDa) vêm sendo desenvolvidos em fitas IPG pH3-10, 7 cm. Após revelação, digitalização e análise das imagens, os spots na região de baixa massa molecular serão extraídos, descorados, tripsinizados e analisados em MALDI-TOF/TOF (MS e MS/MS, Bruker Daltonics). Os peptídeos e as proteínas serão identificadas por diferentes ferramentas computacionais adaptadas a moléculas pequenas. Os resultados serão analisados com vistas a gerar conhecimento da fisiologia de defesa da soja por peptídeos e visando desenvolver agentes de defesa de plantas.

Apoio: CAPES, CNPq, FAPEMIG, FUNARBE e NUBIOMOL



### **Potencial genotóxico do glifosato (Roundup®) em proles de ratas Wistar expostas durante o período de gestação e lactação**

CARVALHO, R. P. R.<sup>1</sup>; RODRIGUES, M. V.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Estrutural, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Curso de Medicina Veterinária, Centro Universitário do Leste de Minas Gerais - UNILESTE.

Os herbicidas à base de glifosato estão entre os pesticidas mais utilizados no mundo. São considerados ambientalmente corretos pela acelerada biodegradação, forte afinidade aos minerais do solo e rápida degradação microbiana. Apesar destes produtos terem como alvo organismos vegetais, também podem afetar espécies não-alvo. Estudos tem demonstrado seu potencial genotóxico e citotóxico, mesmo em organismos expostos a baixas concentrações. Além disso, herbicidas a base de glifosato podem causar efeitos a prole exposta durante as fases de gestação e lactação. Portanto, este estudo teve como objetivo avaliar os efeitos genotóxicos e citotóxicos da formulação comercial Roundup® na prole de ratas wistar tratadas durante o período gestacional e de lactação. Ratas wistar adultas foram acomodadas em gaiolas com machos e foram divididas em dois grupos: controle (n:4) e tratamento (n:4). Ambos os grupos receberam água e ração *ad libitum*, o grupo tratamento foi submetido a ingestão de 0,2mg de herbicida/dia por via oral. Com relação a prole, foram avaliados 20 animais para cada grupo, sendo 10 fêmeas e 10 machos. Após o desmame, os animais foram eutanasiados e a medula óssea coletada. Para cada animal, foram avaliados 4000 eritrócitos policromáticos (PCEs), computando-se o número de PCEs micronucleados para avaliação da genotoxicidade. Além disso, a relação entre o número de eritrócitos policromáticos e eritrócitos normocromáticos (NCEs) foi medida para avaliação de citotoxicidade. A Análise de Variância mostrou não haver diferença nos efeitos da exposição entre machos e fêmeas ( $p>0,05$ ). No entanto, a frequência de PCEs micronucleados foi maior ( $p<0,05$ ) nos animais do grupo tratado ( $2.91\pm 1.3$ ) em relação ao grupo controle ( $1.15\pm 1.17$ ). Além disso, a relação PCE/NCE foi diminuída em animais expostos ( $0.69\pm 0.17$ ) quando comparada ao grupo controle ( $1.01\pm 0.15$ ) ( $p<0,05$ ). Roundup® apresentou efeito genotóxico e citotóxico em proles de fêmeas tratadas durante a gestação e lactação, justificando novas pesquisas sobre os mecanismos de ação desse herbicida, sobretudo a nível genético e molecular, levando em consideração o período, a formulação, e a fase de vida da exposição.

Apoio: Centro Universitário do Leste de Minas Gerais (UNILESTE) e Centro de Biodiversidade da Usipa (CEBUS)



### **Relação funcional entre Serine-arginine protein kinase 2 (SRPK2) e Thymosin beta 4 (T $\beta$ 4) em melanoma.**

SOUZA, J. R. R.<sup>1</sup>; BRESSAN, G. C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Celular e Bioprodutos, Departamento de Bioquímica e Biologia molecular, Universidade Federal de Viçosa

O Splicing é um processo que remove os íntrons e promove a junção dos éxons após a transcrição do RNA. A desregulação da atividade da maquinaria de splicing está relacionada com várias doenças. As proteínas cinases serina/arginina (SRPK) estão ligadas à regulação do splicing do pré-mRNA pela fosforilação de proteínas SR. SRPK1 e 2 estão envolvidas com câncer e aumento de proliferação de células cancerígenas, sendo encontradas superexpressas em diferentes tumores, como melanoma. Estudos para elucidar os mecanismos moleculares de atuação das SRPKs nas vias de sinalização, splicing do pré-mRNA, além de outros processos celulares são de suma importância, sobretudo em desenvolvimento do câncer e formação de metástase. O nosso grupo de pesquisa obteve resultado de um ensaio de duplo híbrido em leveduras, no qual mostrou-se uma possível interação entre SRPK2 e T $\beta$ 4, um peptídeo sequestrador de actina de 4,9-kDa e 43 aminoácidos e que desempenha papel na motilidade celular, está relacionado com transição epitélio-mesenquimal (EMT) e possui múltiplas atividades biológicas, como cicatrização de feridas, metástase tumoral, crescimento capilar e anti-apoptose. Visto isso, o desenvolvimento deste projeto é importante para desvendar os mecanismos moleculares envolvidos na interação entre SRPKs e Tb4 e o papel funcional da interação na tumorigênese. Foram utilizadas células B16F10 e o inibidor específico de SRPKs (SRPIN340) para realizações de ensaios de migração e imunofluorescência. A partir desses, observamos que há diferença no modo de migração celular e modificações fenotípicas da actina quando utilizados o Tb4 e SRPIN340 no cultivo celular (juntos e separadamente). Para melhor entender as vias de sinalização relacionadas às moléculas de interesse, foram necessários ensaios com as células knockouts para SRPKs, que estão sendo realizados.

Apoio: CAPES, CNPq



### **Superexpressão do gene *OsCPK5* em arroz de terras altas (*O. sativa* L.) para o aumento da tolerância à seca**

DA CRUZ, T. I. <sup>1</sup>; ROCHA, D.C <sup>1</sup>; OLIVEIRA, J.A.V.<sup>2</sup>; VIANELLO, R. P.<sup>3</sup>;  
BRONDANI, C.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas,  
Universidade Federal de Goiás.

<sup>2</sup>Programa de Pós-graduação em Ciência Biológicas, Universidade Federal de  
Goiás.

<sup>3</sup>EMBRAPA Arroz e Feijão, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Estiagens de duas a três semanas, especialmente se ocorrerem no estágio reprodutivo das plantas, comprometem a produtividade em lavouras de arroz de terras altas, resultando em perdas econômicas importantes. Esse trabalho objetivou avaliar parâmetros fisiológicos e fenotípicos, bem como a quantificação da expressão do gene *OsCPK5* em plantas normais (NGM) e geneticamente modificadas (GM) superexpressando esse gene, previamente relacionado com a tolerância ao déficit hídrico em *Arabidopsis* e que codifica proteínas quinases dependentes de cálcio. Plantas da cultivar BRSMG Curinga foram transformadas por *Agrobacterium tumefaciens*, e o vetor binário continha o promotor Ubiquitina para o gene de interesse, e o promotor 35S para o gene *bar*, que confere tolerância ao glufosinato de amônia. Foram obtidos 17 eventos de transformação genética independentes, e após dois avanços de geração com seleção para tolerância à seca e tipo ideal de planta, foi selecionado o evento 4 (em T3) para a condução do experimento com e sem déficit hídrico. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições. O déficit hídrico foi aplicado aos 80 dias após o plantio, no estágio reprodutivo das plantas e se estendeu por 15 dias. Ao longo desse período foram realizadas medições com os aparelhos Irga e clorofilômetro, além de coletas de tecido vegetal para análise de PCR em tempo real. Os resultados mostraram que no tratamento de seca, o evento de transformação genética produziu 6,56% a mais que as plantas NGM ( $p < 0,05$ ). No momento estão sendo realizadas as análises de expressão gênica das plantas GM e NGM, além das análises de correlações entre os caracteres mensurados. Os dados obtidos indicam que o Evento 4 tem enorme potencial para o desenvolvimento de cultivares de arroz mais tolerantes à seca.

Apoio: CAPES, EMBRAPA e UFG.

## **Working with antimicrobial plant peptides aiming biotechnological use**

BARACAT-PEREIRA, M. C.<sup>1</sup>; PEREIRA, P. R. G.<sup>2</sup>; GOMES, I. S.<sup>1</sup>; ESPINOZA, E. R. A.<sup>1</sup>; SILVA, K. J. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Proteomics and Protein Biochemistry, Department of Biochemistry and Molecular Biology, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratory of Plant Nutrition, Department of Plant Science, Universidade Federal de Viçosa.

Antimicrobial peptides from plants present mechanisms of action that are different from those of conventional defense agents. They are under-explored but have a potential as commercial antimicrobials. Bell pepper and egg-plant leaves are discarded after harvesting the fruit and are sources of bioactive peptides. This work reports the isolation by peptidomics tools and the partially characterization by computational tools of antimicrobial peptides from plants: 1) from bell pepper (*Capsicum annuum*) leaves (a peptide called HEV-CANN), from egg-plant (*Solanum melongena* L.) leaves (a peptide called CPI-SMEL), and from *Mikania glomerata* (a defensin), and evidences difficulties regarding the in silico analysis for the study of plant peptides. The peptides were obtained from fresh leaves, extracted with Tris buffer added of protease inhibitor, the extracts were heated at 80°C by 15 min and separated by different chromatographic procedures. Mass spectrometry (MS), automated peptide sequencing and bioinformatics tools were used alternately for identification and partial characterization of HEV-CANN, a Hevein-like peptide with 40 amino acid residues, 4258 Da, theoretical pI-value of 8.78, and four disulfide bonds, and for identification of CPI-SMEL, a Carboxypeptidase inhibitor peptide with 37 amino acid residues, 4089 Da, theoretical pI-value of 8.65 and three disulfide bonds. The defensin has around 5 kDa and are being sequenced by MS analysis. Computational tools used for proteomics and databases are not adjusted for short sequences, which hamper peptide identification. The adjustment of statistical tests in large databases for proteins is an alternative to promote the significant identification of peptides. The development of specific databases for plant antimicrobial peptides, with information about peptide sequences, functional genomic data, structural motifs and domains of molecules, functional domains, and peptide-biomolecule interactions are valuable and necessary.

Support: FAPEMIG, CNPq, CAPES, FINEP, BIOAGRO/UFV, NuBioMol/UFV

# **Genética Quantitativa e Estatística**



### **Análise de correlação genotípica entre caracteres morfoagronômicos em lima ácida Tahiti**

NASCIMENTO, E. F.<sup>1</sup>; MORAIS, A. L.<sup>2</sup>; MALIKOUSKI, R. G.<sup>1</sup>; PEIXOTO, M. A.<sup>1</sup>; SANTOS, S. S. O.<sup>1</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical, Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo.

Considerada um dos frutos cítricos de maior relevância no mercado brasileiro, a lima ácida Tahiti (*Citrus latifolia* Tanaka) é de origem tropical e tem expandido sua área de plantio no decorrer dos anos. Em programas de melhoramento, o estudo da relação entre os caracteres é uma das etapas fundamentais para o processo de seleção de genótipos superiores. O objetivo deste trabalho foi determinar as correlações genotípicas entre caracteres morfoagronômicos de lima ácida Tahiti. O experimento foi conduzido no município de São Mateus, estado do Espírito Santo em julho de 2018. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com quatro repetições no esquema de parcelas subdivididas, sendo a parcela constituída de dois porta-enxertos e a subparcela doze genótipos de lima ácida Tahiti. A unidade experimental foi constituída de três plantas, dispostas no espaçamento de 6x3 metros. As características vegetativas avaliadas foram diâmetro do caule (DC), diâmetro de projeção de copa na linha de plantio (DL), diâmetro de projeção de copa na entrelinha (DR) e altura da planta (H). As variáveis produtivas estudadas foram número de frutos por planta (NF) e peso de frutos por planta (PP). Como atributos de qualidade de fruto, foram avaliados o diâmetro longitudinal do fruto (DFL), diâmetro transversal do fruto (DFE), espessura de casca (EC) e rendimento de suco (RS). A análise de correlação genotípica foi realizada utilizando o Software GENES, bem como o teste de significância para as mesmas. Foi observada correlação positiva e significativa entre os pares H/DC ( $r=0,9829$ ) e NF/RS ( $r=0,5705$ ). DL e DR obtiveram correlação de 1,0134 e NF com PP de 1,0018, indicando elevada relação entre os caracteres. No entanto, a superestimação dos valores de correlação (superior a 1) evidencia efeito de colinearidade entre esses pares de variáveis. A correlação entre DFL e DFE foi de 0,8562 enquanto correlações negativas foram obtidas entre DFL e RS ( $r=-0,7017$ ) e entre EC e RS ( $r=-1,0161$ ). Portanto, houve correlação significativa entre as características vegetativas, produtivas e de qualidade de fruto, permitindo a utilização destas para a seleção de indivíduos de forma indireta.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG



### **Análise de repetibilidade para caracteres biométricos de hastes florais de *Heliconia psittacorum***

CORDEIRO, M. H. M.<sup>1</sup>; ABREU, J. T. L.<sup>1</sup>; ALMEIDA, H. M.<sup>1</sup>; NEVES, L. S.<sup>1</sup>;  
REZENDE, K. F.<sup>1</sup>; SILVA, C. A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Botânica, Programa Pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, Universidade do Estado do Mato Grosso.

Estudos de repetibilidade são fundamentais para o melhoramento genético de plantas. A estimativa do número de repetições ideal para obter o valor real de indivíduo permite uma predição mais acurada do valor genético do indivíduo e possibilita maior eficiência na seleção em um programa de melhoramento genético. Em flores tropicais comerciais, estudos para determinar o número ideal de repetições são escassos. Nesse sentido, o objetivo do presente estudo foi realizar a análise de repetibilidade para caracteres biométricos de hastes florais de *Heliconia psittacorum*. Foram analisadas hastes florais de 11 acessos de *H. psittacorum* pertencentes ao Banco de germoplasma de flores tropicais da Universidade do Estado do Mato Grosso – UNEMAT. As medições de comprimento da haste, diâmetro da haste, massa da haste, comprimento e largura da inflorescência foram provenientes de oito touceiras por acesso, sendo as médias das características determinadas a partir de 10 hastes florais. A análise de repetibilidade foi realizada pelo método de anova utilizando o modelo reduzido com dois fatores de variação (acessos e medições). Os acessos avaliados apresentaram diferenças significativas entre si para todas as características avaliadas. Com relação aos coeficientes de repetibilidade e determinação obtidos a partir de 8 medições, os maiores valores foram observados para a característica massa da haste floral, respectivamente 0,77 e 95,53 %. Para todas as características avaliadas os coeficientes de determinação foram superiores a 80, 00 %. O número de medições necessário para um nível de acurácia de 90,00 % variou de 2,87 para a característica de comprimento de haste a 12,65 observado para largura de inflorescência. Com base na análise de repetibilidade, conclui-se que para os caracteres biométricos de hastes florais de *H. psittacorum* avaliados são necessárias 13 medições para obter um nível de acurácia de 90,00 %.

Apoio: Capes, CNPq e FAPEMAT



### **Análise de trilha em caracteres vegetativos e de qualidade de fruto em lima ácida Tahiti**

NASCIMENTO, E. F.<sup>1</sup>; MALIKOUSKI, R. G.<sup>1</sup>; MORAIS, A. L.<sup>2</sup>; PEIXOTO, M. A.<sup>1</sup>; SANTOS, S. S. O.<sup>1</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical, Departamento de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal do Espírito Santo.

Conhecida popularmente como limão, a lima ácida Tahiti (*Citrus latifolia* Tanaka) ocupa posição de destaque no cenário citrícola nacional, constituindo-se uma rica fonte de vitamina C. Além do aroma e sabor, outros atributos tais como o tamanho do fruto e rendimento de suco tornam essa lima uma matéria-prima de ampla aceitação no mercado farmacêutico e alimentício. A análise de trilha se apresenta como uma importante ferramenta no melhoramento genético, pois permite o estudo dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável principal. O objetivo deste trabalho foi avaliar a relação entre características vegetativas e de qualidade de fruto com a produção. Os dados foram coletados de um experimento localizado no município de São Mateus-ES, em julho de 2018. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso no esquema de parcelas subdivididas, sendo a parcela constituída de dois porta-enxertos (*Citrumelo swingle* e *Citrindarin riverside*) e a subparcela constituída de doze genótipos de lima ácida Tahiti. A unidade experimental foi constituída de três plantas, dispostas no espaçamento de 6x3 m. Seis características foram avaliadas, sendo elas: diâmetro de caule (DC); altura de planta (AL); volume de copa (VC); diâmetro do fruto (DF), rendimento de suco (RS) e peso de frutos por planta (PF), sendo esta última a característica principal. Foi realizada a análise de variância e através das correlações fenotípicas procedeu-se a análise de trilha por meio do software GENES. As características que apresentaram maior correlação com a variável principal (PF) foram DF e RS, com valores de -0,64 e 0,56, respectivamente. Contudo, maiores efeitos diretos com a característica principal foram observados para DF (-0,43) e AL (-0,62). Em contrapartida, as características RS e VC estão correlacionadas positivamente com PF (0,37 e 0,21, respectivamente). O coeficiente de determinação obtido foi expressivo, indicando que 57,74% da variação de PF é explicada pelas características analisadas. Com base nos resultados obtidos, as características DF, RS e AL são as que mais contribuem para a explicação de PF, podendo essas serem utilizadas para a seleção indireta.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG



### **Computational Intelligence for Flood Irrigated Rice Cultivars Recommendation**

JÚNIOR, A. C. S.<sup>1</sup>; JORGE, M.<sup>1</sup>; SOUSA, I. C.<sup>2</sup>; CRUZ, C. D.<sup>1</sup>; NASCIMENTO, M. <sup>2</sup>;  
SOARES, P. C.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Department of General Biology, Federal University of Viçosa, Viçosa-MG.

<sup>2</sup>Department of Statistic, Federal University of Viçosa, Viçosa-MG.

<sup>3</sup>Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais – EPAMIG, Viçosa-MG.

Adaptability and stability studies are of great importance to assist in the recommendation of cultivars, as once they provide detailed information on about the different behavior of genotypes evaluated in different environments. Given the importance of these studies, several adaptability and stability methodologies are propose in the literature. With the introduction of artificial intelligence in plant breeding, new applications emerge to aid assist decision-making breeding programs. Within this new application is the fuzzy controller is one of them, that in addition besides to allowing more appropriate interpretations, is a technological product that can be immediately incorporated into the area's breeder for decision-making on the best indication of genotypes for cultivation. Thus, the objective of this work is to present fuzzy controllers as auxiliary tools to the study of adaptability and stability of flooded rice genotypes in State Minas Gerais, Brazil. For grain yield ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), 18 genotypes were evaluate in four agricultural years, in three different locations, totaling 12 environments. Adaptability and stability were evaluated by the methodology of Eberhart & Russell (1966), Lin & Binns (1988) modified by Carneiro (1998), Centroides and Fuzzy Hybrid Controller (Eberhart & Russell, 1966; and modified Lin & Binns, 1988; by Carneiro, 1998). It was observe that the use of these methodologies is a viable alternative for genotype classification. In addition, genotypes behaved differently regarding stability and adaptability in different environments. The different behavior of genotypes was influenced by environmental conditions, justifying the use of different adaptability and stability methodologies. The genotypes BRA031001, BRA041099, MGI0607-1, CNAI9091, BRA041230, BRA01330 have the potential to be recommended for widely adaptable environments. The use of fuzzy controllers in the recommendation of irrigated rice cultivars is a useful and promising tool in breeding programs.

Support: CAPES, FAPEMIG



### **Correlação entre caracteres de palmeira-real-australiana com o rendimento total de palmito**

MARIGUELE, K. H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EPAGRI/Estação Experimental de Itajaí, Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina.

O cultivo de palmeiras para produção de palmito é uma atividade tradicional no Estado de Santa Catarina. Atualmente, a atividade envolve uma área de, aproximadamente, 10 mil ha, 51 viveiristas, 64 indústrias de conserva, que resultam em 1631 famílias ligadas à atividade. A profissionalização da atividade surgiu como alternativa ao extrativismo do palmito juçara (*Euterpe edulis* Mart.), nativo da Mata Atlântica. Dentre as palmeiras cultivadas, destaca-se a palmeira-real-australiana (*Archontophoenix* sp.). Sendo a correlação fenotípica uma medida de associação linear entre duas variáveis, torna-se útil aos programas de melhoramento quando sua causa se dá por fatores genéticos. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi estimar a correlação entre seis variáveis independentes e o rendimento total de palmito (variável dependente) a partir de um teste de progênie. Oitenta e uma famílias de meios-irmãos, provenientes da população da Epagri/Estação Experimental de Itajaí (EEI) foram avaliadas, no município de Itajaí – SC, em látice 9 x 9 com seis repetições e parcelas com 5 plantas, no espaçamento 1,5 x 0,6 m. A colheita foi realizada, em maio de 2019, aos 2,5 anos após o plantio e os dados analisados no R. De acordo com os resultados: todas as correlações foram positivas e significativas pelo teste t, cujos valores variaram de 0,45 até 0,93. As medidas fitométricas diâmetro e altura da muda, no momento do plantio, foram de 0,45 e 0,48, respectivamente. Enquanto que, tais medidas no momento da colheita foram iguais a 0,76. Adicionalmente, as correlações entre as variáveis de produção – rendimento de palmito basal e rendimento de palmito apical – foram 0,87 e 0,93, respectivamente. Os resultados sugerem a importância de classificação e seleção de mudas para o plantio, a qual as mais altas e com diâmetro maior resultarão em plantas mais produtivas na colheita. Essa prática, apesar de recomendada, apresenta resistência de alguns produtores, o que pode explicar parte da heterogeneidade no rendimento de plantas observada no momento da colheita.

Apoio: FAPESC



### **Diversidade genética entre famílias de meios-irmãos de palmeira-real-australiana**

MARIGUELE, K. H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>EPAGRI/Estação Experimental de Itajaí, Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina.

O cultivo de palmeiras para produção de palmito é uma atividade tradicional no Estado de Santa Catarina. Atualmente, a atividade envolve uma área de, aproximadamente, 10 mil ha, 51 viveiristas, 64 indústrias de conserva, que resultam em 1631 famílias ligadas à atividade. A profissionalização da atividade surgiu como alternativa ao extrativismo do palmito juçara (*Euterpe edulis* Mart.), nativo da Mata Atlântica. Dentre as palmeiras cultivadas, destaca-se a palmeira-real-australiana (*Archontophoenix* sp.). Conhecer a diversidade genética da população base de melhoramento possibilita tomar decisões para a condução do programa. 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 casualizados com 21 repetições e uma planta por parcela no município de Luiz Alves – SC. Foram avaliadas 10 variáveis: oito fitométicas e 2 de rendimento (basal e apical). As medidas fitométricas – altura de planta e diâmetro do colo – foram coletadas aos 6, 12, 18 e na colheita (28 meses após o plantio). Os dados foram analisados no R, usando o pacote agricolae, para a ANOVA, e o pacote ape, com a distância euclidiana e o método hierárquico de Ward, para a análise multivariada. Houve diferença estatística entre todas as variáveis analisadas pelo teste F, permitindo assim gerar o dendograma usando todas as 10 variáveis. A partir do dendograma gerado, com um valor de correlação cofenética de 0,72, houve a formação de 6 grupos assim representados: I – 4, II – 9, III – 6, IV – 3, V – 10 e VI – 10 famílias. Portanto, é possível afirmar que existe variabilidade genética entre as plantas matrizes estudadas, para o conjunto de variáveis avaliadas.

Apoio: FAPESC



### **Diversidade genética entre genótipos de *Capsicum annuum* por métodos multivariados e redes neurais artificiais**

ROSADO, R. D. S<sup>1</sup>; OLIVEIRA, A. C. R.<sup>1</sup>; CECON, P. R.<sup>1</sup>; FINGER, F. L.<sup>2</sup>; CRUZ, C. D.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioinformática, BIOAGRO, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Pós-colheita, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Viçosa.

<sup>3</sup>Laboratório de Bioinformática, BIOAGRO, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação da diversidade genética permite a seleção de genitores para cruzamentos dialélicos. Além das metodologias multivariadas usuais para avaliar a diversidade, tem-se empregado associada a essa avaliação as redes neurais artificiais, como o mapa de Kohonen para à organizar a diversidade. O objetivo deste trabalho foi estimar a divergência genética visando seleção de genitores para cruzamentos diáelos de genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L., por métodos multivariados e por meio de mapas auto organizáveis de Kohonen. O experimento foi conduzido em casa de vegetação sob o delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Foram avaliados nove genótipos de *C. annuum*, com base em sete caracteres quantitativos do fruto. Foi realizada análise univariada através da análise de variância e agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott. A análise multivariada foi utilizada para avaliar a diversidade genética através dos métodos de agrupamento de otimização de Tocher e da ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), baseada na distância de Mahalanobis. Também foi avaliada a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética. Para obter a organização da similaridade de pimentas e pimentões foi utilizada o mapa de Kohonen com duas dimensões com grade do tipo 3 x 4 (doze neurônios) com configuração hexagonal. A análise de variância detectou diferenças significativas entre os genótipos para todos os caracteres, sendo os caracteres massa da matéria total do fruto fresco e comprimento do fruto considerados de maior contribuição relativa para a diversidade. Houve a formação de dois e quatros grupos, pelo método UPGMA e Tocher, respectivamente. Por meio do mapa de Kohonen projetados em configuração hexagonal observou-se que o padrão de vizinhança entre pimentas e pimentões foi obtido com apenas sete dos doze neurônios previamente estabelecidos. Separações dos grupos foram realçadas com a presença de cinco neurônios não competitivos, formando um corredor de separação entre as pimentas e pimentões. Essa configuração auxilia o melhorista na tomada de decisão no planejamento da escolha de genitores e direcionamento de cruzamentos.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

## **Environmental stratification of multi-environmental trials in East Africa**

PEDRO, C.<sup>1,2</sup>; SOUSA, J.V.S.<sup>3</sup>; DANTAS, O.H.G.<sup>3</sup>; BEYENE, Y.<sup>4</sup>; REZENDE, W.S.<sup>3</sup>; CRUZ, C.D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Federal University of Viçosa, Viçosa, Brazil

<sup>2</sup>Mozambique Institute of Agricultural Research, Nampula, Mozambique

<sup>3</sup>University of Quirinópolis, Quirinópolis, Brazil

<sup>4</sup>International Maize and Wheat Improvement Center, Nairobi, Kenya

The development of drought tolerant maize hybrids requires evaluation of promising genotypes in multi-environmental trials under both optimal and drought environments. Regarding multi-environmental trials, studies on genotype x environment interaction and environmental stratification are important to identify groups of homogeneous environments (genotype x environment interaction not significant). The objective of this work was to study the genotype x environment interaction and perform the environmental stratification of multi-environmental trials used in maize breeding for drought tolerance in East Africa. The experiments were carried out by International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), in 2017 and 2018, in three countries of East Africa (Kenya, Tanzania and Uganda). Fifty-nine maize hybrids were evaluated in 12 environments (six under optimal conditions and six under drought conditions). Analysis of variance across locations was done for grain yield. The decomposition of genotype x environment interaction was done using the grain yield data by Cruz & Castoldi method. The environmental stratification was done by Lin algorithm. Analysis of variance showed significant genotype x environment interaction. The proportion of crossover genotype x environment interaction among the several pairs of environments ranged from 44.8 to 110.6% (average of 79.9%). According to the environmental stratification, the largest group with not significant genotype x environment interaction involving optimal environments was composed by Kiboko1\_2017, Bulindi\_2018 and Kirinyaga\_2018. Regarding drought environments, the largest group with not significant genotype x environment interaction was composed by Embu\_2017, Ilonga\_2017, Kiboko2\_2017 and Kiboko2\_2018. Of the six optimal environments, three are homogenous (genotype x environment interaction not significant) and of the six drought environments, four are homogenous.

Support: CIMMYT, MSU-USAID, IIAM, CNPq, CAPES and FAPEMIG



### **Estimation of genetic parameters and correlations of maize hybrids evaluated under optimal and drought conditions in East Africa**

PEDRO, C.<sup>1,2</sup>; OLIVEIRA NETO, J.A.G.<sup>3</sup>; COSTA, L.Q.C.<sup>3</sup>; BEYENE, Y.<sup>4</sup>;  
REZENDE, W.S.<sup>3</sup>; CRUZ, C.D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Federal University of Viçosa, Viçosa, Brazil

<sup>2</sup>Mozambique Institute of Agricultural Research, Nampula, Mozambique

<sup>3</sup>University of Quirinópolis (FAQUI), Quirinópolis, Brazil

<sup>4</sup>International Maize and Wheat Improvement Center, Nairobi, Kenya

In maize breeding for drought tolerance, one of the most important steps is evaluate the hybrids in trials under both drought and optimal conditions. In this process, obtaining genetic parameters estimates is essential to define breeding strategies and to optimize the genetic gains. The objective of this work was to estimate genetic parameters and correlations related to grain yield of maize hybrids evaluated under drought and optimal conditions in East Africa. Fifty-nine maize hybrids were evaluated in 12 field trials (six under optimal conditions and six under drought conditions) by International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), in 2017 and 2018, in East Africa (Kenya, Tanzania and Uganda). Analysis of variance across locations was done for grain yield. Experimental coefficient of variation (C<sub>Ve</sub>), genotypic coefficient of variation (C<sub>Vg</sub>), the ratio C<sub>Vg</sub>/C<sub>Ve</sub>, mean and heritability (h<sup>2</sup>) were estimated. In addition, genetic correlation between pair of locations using  $R_g = V_g / (V_g + V_{ga})$  was calculated. C<sub>Ve</sub> was higher under drought conditions (32.64%) than under optimal conditions (11.95%). On the other hand, C<sub>Vg</sub> was higher under optimal conditions (10.15%) than under drought conditions (6.71%). The ratio C<sub>Vg</sub>/C<sub>Ve</sub> was higher under optimal conditions (0.85) than under drought conditions (0.21). The average yield was 8.46 t ha<sup>-1</sup> under optimal conditions and 2.83 t ha<sup>-1</sup> under drought conditions. The h<sup>2</sup> in optimal locations ranged from 0.35 to 0.87 (average of 0.62), while under drought locations it ranged from 0.15 to 0.75 (average of 0.43). The most similar optimal locations were Kiboko1\_17 and Kirinyaga\_18 (R<sub>g</sub> = 1.31) while the most divergent were Kirinyaga\_17 and Kakamega1\_18 (R<sub>g</sub> = 0.43). The most similar drought locations were Kiboko2\_17 and Kiboko2\_18 (R<sub>g</sub> = 0.52) and the most divergent were Kakamega2\_17 and Kiboko2\_18 (R<sub>g</sub> = -0.86). The genetic parameters of optimal locations are considerably different from drought locations.

Support: CIMMYT, MSU-USAID, IIAM, CNPq, CAPES and FAPEMIG



### **Estimativa de parâmetros genéticos em clones de *Eucalyptus* sp.**

SANTOS, S. S. O<sup>1</sup>; DAMACENA, M. B. <sup>1</sup>; FERREIRA, F. <sup>1</sup>; ALVES, R. S. <sup>1</sup>;  
NASCIMENTO, E. F. <sup>1</sup>; BHERING, L. L<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

O *Eucalyptus* é um dos gêneros mais plantados no mundo, somando aproximadamente 900 espécies adaptadas às mais diversas condições de clima e solo. Em geral, clones de alta produtividade são identificados nas avaliações dos testes clonais em diferentes ambientes para avaliar a desempenho dos genótipos. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar parâmetros genéticos e comparar os ganhos preditos utilizando dados provenientes de 41 clones, sendo 1 testemunha. Os ensaios foram conduzidos em 4 ambientes distintos: Aracruz – ES, São Matheus-ES, Teixeiras de Freitas – BA e Posto da Mata - BA. Os parâmetros genéticos foram estimados adotando-se a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) para estimar os componentes de variância e prever os valores genotípicos. A predição foi feita para diâmetro à altura do peito (DAP) e volume. O modelo completo foi dado por:  $y = Xr + Zg + Wp + e$ , 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),  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela, e  $e$  o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Foram obtidas as estimativas da herdabilidade no sentido restrito variando de 26-45% em DAP e de 28-43% em volume nos diferentes ambientes. A acurácia encontrada foi superior a 97% para volume em todos os ambientes avaliados, indicando boa precisão da seleção. A seleção dos 5 melhores genótipos proporcionou ganhos genéticos satisfatórios, com exceção do ambiente Aracruz. Os ganhos variaram de 7 a 9% para DAP e de 12 a 29% para volume entre os ambientes Posto da Mata, Teixeira de Freitas e São Matheus. Com base nessa classificação observa-se um padrão de adaptação dos clones para os ambientes específicos, garantindo alta produtividade dos plantios nas regiões estudadas.

Apoio: CNPq e Fapemig



### **Estimativa de parâmetros genéticos em populações de híbridos de cafeeiros (*Coffea arabica* L.) via modelos mistos**

SAAVEDRA, L. M. <sup>1</sup>; FEITOSA, M. F. <sup>1</sup>; CAIXETA, E. C. <sup>1,2</sup>; OLIVEIRA, A. C. B. <sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa-MG Instituto de Biotecnologia Aplicado à Agropecuária. Campus Universitário, CEP 36570-000 – Viçosa, MG – Brasil.

<sup>2</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Café. CEP 70770-901. Brasília, DF – Brasil.

O café arábica tem grande importância na economia mundial por ser uma das commodities agrícolas mais comercializadas. Dessa forma, os programas de melhoramento trabalham no desenvolvimento de variedades altamente produtivas, adaptadas e competitivas frente às necessidades do mercado. Portanto, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos para a característica produção em populações híbridas de *C. arabica*. Avaliaram-se 12 populações híbridas F<sub>1</sub>, provenientes de 12 cruzamentos entre oito genitores que correspondem a cultivares comerciais do programa de melhoramento genético do cafeeiro. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com quatro repetições e três plantas por parcela. A estimativa dos parâmetros genéticos foi obtida pelo modelo 27, utilizando o *software* Selegen. A análise de produção foi realizada nos anos de 2015 e 2016, sendo expresso em litros de café recém-colhido/planta. Observou-se que a Vg foi diferente de zero (0,14), sendo de baixa magnitude, mas, existe variabilidade genética entre as populações. Esta baixa Vg atribui-se ao fato do café arábica apresentar uma base genética estreita. Mesmo assim, esta pode ser aproveitada para selecionar híbridos superiores para os próximos ciclos da seleção. A herdabilidade individual no sentido amplo (h<sup>2</sup><sub>g</sub>) apresentou valores diferente de zero (0,04) e também considerado baixo. Este resultado é esperado, uma vez que esta característica é governada por muitos genes, indicando que a variabilidade fenotípica é mais influenciada pelo ambiente do que efeitos genéticos. Por outro lado, o coeficiente de determinação dos efeitos ambientais (c<sup>2</sup><sub>parc</sub>) apresentou valores de baixa magnitude (0,00). Este parâmetro quantifica a variabilidade dentro dos blocos. Baixos valores indicam baixa variação ambiental entre as parcelas dentro do bloco, ou seja, o delineamento experimental foi adequado, pois permaneceu a homogeneidade ambiental dentro dos blocos. As estimativas de parâmetros genéticos para produção revelaram variabilidade genética entre os híbridos. Portanto, esta análise é de grande importância, já que proporciona subsídios para prever os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento.

Apoio: Fapemig, Capes, INCT Café e Consórcio Pesquisa Café, EPAMIG e EMBRAPA CAFÉ



### **Estimativas de coeficientes de repetibilidade para caracteres morfológicos de hastes florais de *Alpinia purpurata***

CORDEIRO, M. H. M.<sup>1</sup>; ALMEIDA, H. M.<sup>1</sup>; ABREU, J. T. L.<sup>1</sup>; REZENDE, K. F.<sup>1</sup>; NEVES, L. S.<sup>1</sup>; SILVA, C. A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Botânica, Programa Pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, Universidade do Estado do Mato Grosso.

A *Alpinia purpurata* tem conquistado lugar de destaque mercado de flores tropicais devido a sua beleza e durabilidade. A crescente demanda no mercado por essa espécie tem levado a necessidade de obtenção novas cultivares. Nesse sentido, estimativas de coeficientes de repetibilidade para caracteres morfológicos de hastes florais são importantes em um programa de melhoramento genético por determinar o número ideal de repetições capaz de prever o valor real do indivíduo. O objetivo desse estudo foi estimar os coeficientes de repetibilidade para caracteres morfológicos de hastes florais de *Alpinia purpurata*. O experimento foi realizado no Centro de pesquisas, estudos e desenvolvimento agroambientais (CPEDA) da Universidade do Estado do Mato Grosso, campus Tangará da Serra - MT. Foram avaliadas hastes florais de quatro acessos de *A. purpurata* pertencentes ao Banco de germoplasma de flores tropicais localizado na instituição. As medições de comprimento da haste, diâmetro da haste, comprimento e largura da inflorescência e massa da haste foram provenientes de dez touceiras por acesso, sendo as médias das características determinadas a partir de 10 hastes florais. A análise de repetibilidade foi realizada pelo método de anova utilizando o modelo reduzido com dois fatores de variação (acessos e medições). Para todas as características avaliadas foram observadas diferenças significativas entre os genótipos. Os coeficientes de repetibilidade variaram de 0,48 observado para massa da haste e 0,75 verificado para comprimento e largura da inflorescência. As estimativas de coeficiente de determinação observadas a partir de 10 amostras foram superiores a 90,00 % para todas as características avaliadas. As estimativas de repetibilidade indicaram pelo método de anova que para um nível de acurácia de 90,00 % são necessárias a avaliação de 10 hastes florais de *A. purpurata*.

Apoio: Capes, CNPq e FAPEMAT



### **Estratificação ambiental via análise de fatores em três safras da cultura soja**

EVANGELISTA, J. S. P. C.<sup>1</sup>; ALVES, R. S.<sup>1</sup>; BHERING, L.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Os países Brasil, Estados Unidos e a Argentina são responsáveis por 81,65% da produção mundial de soja. Como a expressão gênica de cada genótipo é influenciada pelos diferentes ambientes, a avaliação genética deve ser realizada em ambientes distintos, ou seja, em diferentes condições edafoclimáticas e de manejo da cultura, com o intuito de diminuir o efeito da interação GE. A estratificação ambiental é uma estratégia, que identifica locais similares permitindo a alocação dos ambientes semelhantes em um mesmo grupo, possibilitando que o melhorista elimine os ambientes semelhantes dentro de cada grupo, sem que haja perda da eficiência ou precisão do processo seletivo. O objetivo do presente trabalho foi verificar se a estratificação ambiental se mantém constante ao longo dos anos. Foram avaliados 80 genótipos, em relação a característica produtividade, avaliados em 10 locais, utilizando os ensaios conduzidos em três safras: 2012/2013, 2013/2014 e 2014/2015, onde nem todos os genótipos foram avaliadas em todas as safras. Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML), os valores genotípicos foram preditos via melhor predição linear não viesada (BLUP) e a estratificação ambiental, para cada safra, foi feita via análise de fatores. O teste da razão de verossimilhança (LRT), apresentou efeitos significativos de genótipos e de interação GE, mostrando a variabilidade genética entre as genótipos avaliados e interação GE. Nas três safras avaliadas, os ambientes se agruparam em três fatores, onde cada fator representa um grupo de ambientes, que são similares entre si. A frequência cumulativa indica que três fatores explicaram 83,83% de toda a variabilidade genotípica. A estratificação ambiental não se manteve constante ao longo das safras. Existem dois principais fatores que explicam essa alteração na estratificação entre as safras é a variação genética e variação ambiental. Com exceção à regra os ambientes 1 e 9, mantiveram-se agrupados durante os três anos avaliados, indicando que não há necessidade de realizar ensaios nos dois ambientes, podendo assim, eliminar um deles da rede experimental.

Apoio: Capes



### **Genetic diversity study among cotton cultivars in Midwest, Brazil, based on genetic values predicted**

PEIXOTO, M. A.<sup>1</sup>; SCHUSTER, A.<sup>1</sup>; MALIKOUSKI, R. G.<sup>1</sup>; FARIAS, F. J. C.<sup>2</sup>; TEODORO, P. E.<sup>3</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Biologia Geral, Viçosa, Minas Gerais, Brazil.

<sup>2</sup>Embrapa Algodão, Campina Grande, Paraíba, Brazil.

<sup>3</sup>Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMT), Departamento de Estatística e Genética, Chapadão do Sul, Mato Grosso do Sul, Brazil.

The main condition of cotton breeding programs is related to the development of cultivars that fit the climatic and technological specificities. In this sense, the main cultivars developed and cultivated are results of basic studies in genetics and diversity. Understanding the genetic diversity of cotton is an essential step for development of those breeding programs that aims to increase desirable traits. Herein, we aimed to determine the genetic divergence of 12 genotypes of cotton and to identify parents that contrast the most for crosses seeking to increase the variability through breeding. Twelve genotypes of cotton from ten environments were breeding in Midwest region, Brazil, and was determined the fiber length (FL), fiber strength (FS), fiber fineness (MIC), and fiber yield (FY). Estimation of variance components and genetic parameters were made through restricted maximum likelihood and the prediction of genotypic values were made through best linear unbiased prediction. Tocher and UPGMA methods, based on the BLUP values, were used in the quantification of genetic diversity among genotypes. The analyses were made on Selegen-REML/BLUP and R software. Six groups of genotypes were recovered by Tocher, equally similar to results from UPGMA. The most divergent pairs were genotypes IMA 5675 B2RF/IMA CV 690 and IMA 5675 B2RF/BRS 369 RF ( $d^2 = 16.40$ ). The groups 1, 5, and 6 presented genotypes with high values of FY, while groups 3, 4, and 6 were formed by genotypes with high values in FL. The importance of genetics studies in the 12 cotton genotypes here analysed is to obtain parents to generate plants with transgressive segregation and divergent individuals for commercial characteristics. It can be concluded that the 12 genotypes of cotton studied presented genetic divergence. The groups formed by Tocher and UPGMA grouping are similar and indicated possibilities of future crosses in a breeding program. The cross between the genotype IMA CV 690 and the genotype IMA 08 WS is the most recommended to increase the mainly traits in cotton crops.

Support: CNPq, CAPES, FAPEMIG

### **Genetic parameters and simultaneous selection for adaptability and stability of genotypic values of cotton genotypes**

PEIXOTO, M. A.<sup>1</sup>; SANTANA, J.<sup>1</sup>; ALVES, R. S.<sup>1</sup>; CARVALHO, L. P.<sup>2</sup>; TEODORO, P. E.<sup>3</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Biologia Geral, Viçosa, Minas Gerais, Brazil.

<sup>2</sup>Embrapa Algodão, Campina Grande, Paraíba, Brazil.

<sup>3</sup>Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMT), Departamento de Estatística e Genética, Chapadão do Sul, Mato Grosso do Sul, Brazil.

In plant breeding, genotype by environment (G x E) interactions refers to the differential performance of genotypes through environments whose the difference in genotype ranking is due to the differential genetic expression' level among environments. Therefore, to obtain elite cultivars well adapted to the cultivation regions, it is essential to evaluate genotypes in a wide experimental network of dissimilar environments, in which the obtained data are analysed for yield, adaptability and stability. Herein, we aim to estimate genetic parameters of cotton genotypes via REML/BLUP and measure the selection gain of genotypes based on stability, adaptability and yield. Twelve genotypes of cotton from ten environments were breeding in Midwest region, Brazil, and was determined the fiber length (FL), fiber strength (FS), fiber fineness (MIC), and fiber yield (FY). Estimation of variance components and genetic parameters were made through restricted maximum likelihood and the prediction of genotypic values were made through best linear unbiased prediction. Different residual variances structures (homogeneous and heterogeneous) were tested by AIC and BIC criterions. The HMGV were used to evaluate the genotypes stability and yield. RPGV were used to evaluate genotypes adaptability and yield, and HMRPGV were used to evaluate genotypes adaptability, stability, and yield, simultaneously. All analyses were carried out in Selegen-REML/BLUP and ASREML softwares. AIC and BIC was not coincident for all traits. The gains with selection via  $u + g$ , MHGV, RPGV, and MHRPGV were equal for FL, FS, and MIC traits. For the FY characteristic, the RPGV and MHRPVG methodologies presented equal gains, and were similar to the strategy  $u + g$ , where it obtained the largest gain with selection. In view of this, there must be new crosses for the development of new stable, adapted and productive cultivars. Thus showing the importance of using the HMRPVG selection in obtaining new cultivars and demonstrated the great potential of the method in the selection of cotton. Breeding programs need to develop new stable cultivars adapted with high productivity.

Support: CNPq, CAPES, FAPEMIG



### **Implications of variance structures in the estimation of genetic parameters of multi-environment trial data**

FERREIRA, F. M.<sup>1</sup>; PEIXOTO, M. A.<sup>1</sup>; ALVES, R. S.<sup>1</sup>, BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Understanding G x E interaction is fundamental for the success of breeding programs, since it can affect the genetic gain, reduce heritability and re-ranking genotypes across environments, which could potentially reduce the effectiveness of breeding program. Data for G x E analyses traditionally come from multi-environment trials. In plant breeding, many methods are suitable to analyze G x E interaction, among them we can highlight the multiple-trait best linear unbiased prediction (BLUP). However, this methodology, usually assumes that the residual error variance (REV) is homogeneous, which, often, is not real. The REV can varies across environments leading to a heterogeneous distribution. Thus, this work aims to discuss the main implications on the genetic parameters, when we analyze a data set with REV known as heterogeneous as homogeneous. Two hundred fifteen *Eucalyptus* spp. clones were evaluated in four environments (CB, CP, FZ, and SJ). The experiment consisted of a randomized block design with a single-tree plot, spaced 3.5 m x 2.6 m between trees, with 30 replications. At three years after planting, the following traits were assessed: diameter at breast height (DBH), in centimeters; and pilodyn penetration (PP), in millimeters. We found that there is genetic variability among the evaluated genotypes, which indicates the breeding potential of this set of clones. In addition, the model with heterogeneous REV was more appropriate than the one with homogeneous REV for both analyzed traits, according to the AIC and BIC tests. Moreover, there were changes in the genetic parameters, such as heritability, due to the differences on the genetic components from one scenario to another. This fact indicates that assuming an inappropriate distribution can sometimes underestimate and other times overestimate the values of the genetic parameters, leading to mistaken estimations.

Support: FAPEMIG, CNPq and CAPES



### **Métodos de validação cruzada baseados na informação mútua e entropia: estimativas fidedignas da capacidade preditiva em populações florestais com baixa diversidade fenotípica**

SIMIQUელი, G. F.<sup>1</sup>; RESENDE, M. D. V.<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa

<sup>3</sup>EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Na seleção genômica ampla, a validação cruzada aleatória (VCA) ocasiona em conjuntos de validação com alta diversidade fenotípica e alta relação genética com o conjunto de treino. Portanto, a VCA não representa populações de melhoramento florestal com baixa diversidade fenotípica e baixa relação genética com o conjunto de treino. O objetivo deste estudo foi criar métodos de separação dos conjuntos de validação que representem essas populações e obter estimativas fidedignas da capacidade preditiva ( $r_{y\hat{y}}$ ). Os métodos utilizaram um índice de seleção derivado da relação da informação mútua baseada nos marcadores (medida de similaridade genética) com a entropia fenotípica (medida de diversidade). Os métodos foram desenvolvidos para obter baixa entropia fenotípica do conjunto de validação, sendo o método A com menor relação genética entre os conjuntos de validação e treino e o método B mais relacionado. Os métodos foram comparados com a VCA (20 *folds*). Foram utilizados dados de *Pinus taeda* L. para diâmetro a altura do peito ( $h^2 = 0,31$ ). O método A apresentou baixa informação mútua média entre os conjuntos de treino e validação (6,37) em relação ao método B e VCA (7,74 para ambos). Os métodos A e B apresentaram menor média de entropia fenotípica dos conjuntos de validação (14,06 e 13,24, respectivamente) do que a VCA (14,29). Os métodos A e B apresentaram menor  $r_{y\hat{y}}$  média (0,23 e 0,26, respectivamente) em relação a VCA (0,44). Os métodos A e B demonstraram que a aplicação de modelos genômicos obtidos via VCA superestimam a  $r_{y\hat{y}}$  para populações florestais com baixa diversidade fenotípica e que uma menor diversidade ocasiona em redução do ganho genético. Os novos métodos contribuíram para obter estimativas condizentes da  $r_{y\hat{y}}$  para populações florestais com baixa diversidade e com maior ou menor informação genética compartilhada com o conjunto de treino. Portanto, os programas de melhoramento florestal devem aplicar os novos métodos para obter o real potencial da seleção genômica nestas populações e aumentar a diversidade fenotípica, resultando em maiores ganhos genéticos e sucesso do programa a longo prazo.

Apoio: CNPq, CAPES



### **Métodos de validação cruzada baseados na informação mútua e entropia: estimativas fidedignas da capacidade preditiva em populações geneticamente distintas**

SIMIQUELI, G. F.<sup>1</sup>; RESENDE, M. D. V.<sup>2,3</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa

<sup>3</sup>EMBRAPA Florestas, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Na seleção genômica ampla, a validação cruzada aleatória (VCA) ocasiona em conjuntos de validação com alta diversidade fenotípica e alta relação genética com o conjunto de treino. Portanto, a VCA não representa populações de melhoramento florestal com baixa relação genética com o conjunto de treino. Portanto, o objetivo deste estudo foi obter estimativas fidedignas da capacidade preditiva ( $r_{y\hat{y}}$ ) usando novos métodos de separação dos conjuntos de validação que representem populações florestais com baixa relação com o conjunto de treino e que estão no início do programa de melhoramento (alta diversidade). O método A utilizou um índice de seleção derivado da informação mútua baseada nos marcadores (medida de similaridade genética) e o método B utilizou um índice baseado na informação mútua e entropia fenotípica (medida de diversidade). Os métodos foram comparados com a VCA (20 folds). Foram utilizados dados de *Pinus taeda* L. para diâmetro a altura do peito ( $h^2 = 0,31$ ). Os métodos A e B apresentaram menor informação mútua média entre os conjuntos de treino e validação (6.06 e 6.45, respectivamente) do que a VCA (7.74), sendo adequados para obter estimativas fidedignas da  $r_{y\hat{y}}$  para populações florestais geneticamente menos relacionadas com o conjunto de treino. Entretanto, o método A obteve baixa  $r_{y\hat{y}}$  média (0,24) do que o método B e a VCA (0,42 e 0,44, respectivamente). O método B foi potencial para obter estimativas de  $r_{y\hat{y}}$  maiores e condizentes com populações de melhoramento pouco relacionadas geneticamente com o conjunto de treino. Portanto, os programas de melhoramento florestal devem aplicar o método B para obter o real potencial da seleção genômica nestas populações, resultando em maiores ganhos genéticos e sucesso do programa.

Apoio: CNPq e CAPES

## **Multi-information analysis for a recommendation of cultivars for adaptability and stability phenotypic**

JÚNIOR, A. C. S.<sup>1</sup>; JORGE, M.<sup>1</sup>; SOUSA, I. C.<sup>2</sup>; CRUZ, C. D.<sup>1</sup>; NASCIMENTO, M. <sup>2</sup>;  
SOARES, P. C.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Department of General Biology, Federal University of Viçosa, Viçosa-MG.

<sup>2</sup>Department of Statistic, Federal University of Viçosa, Viçosa-MG.

<sup>3</sup>Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais – EPAMIG, Viçosa-MG.

The number of methods for studying adaptability and stability is wide, but it is still insufficient to study such a complex phenomenon. The simultaneous use of some methodologies, by means of multi-information criteria for cultivars recommendation, may be able to extract information that can not be observed with the use of each methodology separately. The aim of this work is to emphasize the need to have a broad description of genotype behavior, in terms of response to environmental variations, from methods already established in the literature exploring the particularities of each technique that together establish a multi criteria information for cultivar recommendation. The experiments were performed in the state of Minas Gerais - Brazil. Eighteen rice genotypes belonging to the irrigated rice breeding program were evaluated in 12 environments. Five controls were used for grain yield (Kg.ha<sup>-1</sup>). For recommendation based on multi-information analysis, 10 recommendation estimates of cultivars were used. The analysis of joint variance was performed and no significance was observed for the effect of genotypes, justified by the advanced breeding stage of these genotypes, making it difficult to detect differences between the general means of such genotypes and the existence of the GE interaction component that often masks the existence of variation between the general averages of the studied genotypes. Thus, genotype behavior was influenced by environmental conditions, justifying the use of methodologies that can classify genotypes according to their adaptability and stability. For each parameter we have a reference estimate that corresponds to the maximum and minimum value of all genotypes, so it was possible to obtain the ranking and greater credibility of both genotypes according to each parameter. Biometric processing, using various methods, aggregating and summarizing the varying adaptability and stability information, has proven to be an efficient tool for improving decision making regarding cultivar indication.

Apoio: CAPES, FAPEMIG and CNPq



### **Optimum number of measures for genetic selection of *Cynodon* spp.**

FERREIRA, F. M.<sup>1</sup>; ROCHA, J. R. A. S. C.<sup>1</sup>; ALVES, R. S.<sup>1</sup>; ELIZEU, A. M. <sup>1</sup>;  
BENITES, R. G. <sup>2</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>EMBRAPA Gado de Leite, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

The species belonging to the genus *Cynodon* are the most important components of warm-season pasture systems of Southern USA, where cattle production is one of the main production. In Brazil, this genus has been mainly used as pastures for dairy cattle owing to its high protein content; Tifton 85 is the most popular cultivar, with  $>25 \text{ kg}^{-1} \text{ ha}^{-1} \text{ year}^{-1}$  of dry matter production. In perennial forage breeding, selection should be performed based on repeated measurements in the same individual over time, which maximizes the selective efficiency. Thus, the objectives of this study were to estimate the coefficients of repeatability and optimal number of measures for the genetic selection of *Cynodon* spp. clones. We evaluated 202 clones, being five checks, during four harvests, in augmented block design. A mixed model methodology (REML / BLUP) was used to estimate the variance components and predict the genotypic values. The repeatability coefficient for plant height, green weight, dry matter, and plant vigor were equal to 0.50, 0.67, 0.25, and 0.73, respectively. The accuracies obtained by performing  $m$  repeated measures revealed that 5, 2, 13, and 2 measurements are required to attain an accuracy  $\geq 90\%$  in genetic gain from the selection for plant height, green weight, dry matter, and vigor, respectively. Further, the efficiency of performing four measurements compared with that of performing only one measurement was 27%, 15%, 51%, and 12% for plant height, green weight, dry matter, and vigor, respectively. In addition, the additive index, adopting a 10% selection intensity, was used in simultaneous selection, leading to desirable genetic gains for plant height, green weight, and vigor. In conclusion, the use of the repeatability coefficient suggests performing three measurements to obtain a high accuracy and good efficiency on the selection of superior genotypes of *Cynodon* spp.

Support: FAPEMIG, CNPq and CAPES



### **Performance and stability of maize hybrids evaluated under optimal and drought conditions in East Africa**

SILVA, M.J.<sup>1</sup>; ALMEIDA, J.M.S.<sup>2</sup>; FARIA, L.B.<sup>2</sup>; BEYENE, Y.<sup>3</sup>; CRUZ, C.D.<sup>1</sup>; REZENDE, W.S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Federal University of Viçosa, Viçosa, Brazil

<sup>2</sup>University of Quirinópolis, Quirinópolis, Brazil

<sup>3</sup>International Maize and Wheat Improvement Center, Nairobi, Kenya

The development of stable, high yielding and drought tolerant hybrids is the main objective of maize breeding in tropical region. The objective of this work was to evaluate the performance and stability of maize hybrids under optimal and drought conditions in East Africa. The experiments were conducted by the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), in 2017 and 2018, in 12 environments in three countries of East Africa (Kenya, Tanzania and Uganda), in which six environments considered optimal and six considered drought. Fifty-nine maize hybrids were evaluated using alpha lattice design with two replications. Adaptability and stability were evaluated from grain yield data by the Eberhart & Russell and Cruz, Torres & Vencovsky methods. Analysis of variance showed significant genotype x environment interaction. According to the environmental index values, the six optimal environments were classified as favorable and the six dry environments were classified as unfavorable. According to Eberhart & Russell method, the best hybrid was H45, as it had the highest grain yield (6,43 t ha<sup>-1</sup>), general adaptability ( $\beta_1 = 1$ ) and stability ( $\sigma^2_{di} = 0$ ). The best hybrid adapted to favorable environments (optimal conditions) was H28 (6,40 t ha<sup>-1</sup>,  $\beta_1 > 1$  and  $\sigma^2_{di} = 0$ ), while the best hybrid adapted to unfavorable environments (drought conditions) was H37 (5,48 t ha<sup>-1</sup>,  $\beta_1 < 1$  and  $\sigma^2_{di} = 0$ ). According to Cruz, Torres & Vencovsky method, H12 was the best hybrid adapted to favorable and unfavorable environments, as it had good yield (5,77 t ha<sup>-1</sup>), adaptability to unfavorable environments ( $\beta_1 < 1$ ), adaptability to favorable environments ( $\beta_1 + \beta_2 = 1$ ) and stability ( $\sigma^2_{di} = 0$ ). Therefore, H45 and H12 hybrids are recommended for commercialization in drought regions of East Africa.

Support: CIMMYT, CNPq, CAPES and FAPEMIG



### **Seleção de genitores de soja para cruzamentos em programas de melhoramento por meio de análise de fatores**

BUENO, T. V.<sup>1</sup>; PAULA, R. G.<sup>1</sup>; SILVA, F. L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Nos programas de melhoramento, a escolha dos genitores e o planejamento dos cruzamentos são importantes etapas para a obtenção de sucesso. Visando selecionar os genitores que tenham complementariedade de características para a realização dos cruzamentos, a análise de fatores pode ser uma aliada, pois ela possibilita agrupar caracteres correlacionados em fatores de modo que se tenha uma redução significativa na dimensão dos caracteres a serem analisados. Objetivou-se utilizar a análise de fatores para selecionar genitores de soja que sejam complementares quanto aos caracteres de precocidade e produtividade. O trabalho foi conduzido em casa de vegetação localizada no departamento de Fitotecnia da UFV. O experimento foi alocado no delineamento experimental de blocos ao acaso, com seis repetições. Os tratamentos consistiram de 12 cultivares de soja. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o florescimento, número de dias para a maturidade, altura de planta no florescimento, altura de planta na maturidade, altura da primeira vagem, número de vagens por planta, número de grãos por planta, número de grãos por vagem, massa de grãos por planta e massa de cem grãos. Para realização da análise de fatores, inicialmente, os dados obtidos foram submetidos ao teste de esfericidade de Bartlett. Posteriormente, o número de fatores foi estipulado pelo critério de Kaiser (1958), e a estimação das cargas fatoriais e covariâncias específicas foi realizada pelo método dos componentes principais. O teste para dois fatores foi suficiente, de acordo com a análise feita pelo método dos componentes principais. Houve uma redução de dimensionalidade de variáveis ao realizar a análise de fatores, de modo que duas variáveis puderam ser criadas, explicando 80% da variância dos dados. Foi possível selecionar seis genótipos favoráveis e separá-los nos dois fatores. Os genótipos do fator 1 são cultivares com bom desempenho produtivo, enquanto os genótipos do fator 2 são cultivares com ciclo mais curto. Assim, concluiu-se que a seleção de genitores visando cruzamentos baseados em fatores é possível, pois a seleção é baseada em caracteres complementares entre os materiais avaliados.

Apoio: CAPES e CNPq



### **Using grouping factor analysis to analyze genotype by environment by management interaction**

PUC, U. A. M.<sup>1</sup>; BURGUEÑO, F. J. A.<sup>2</sup>; CROSSA, J.<sup>2</sup>; BORÉM, O. A.<sup>1</sup>; CRUZ, C. D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Crop Science Program, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Biometrics and Statistics Unit, International Maize and Wheat Improvement Center.

Statistic tools for high-dimensional data analysis is getting increasingly common. These provide alternative analyses, but many times are limited in their use, usually, for these main reasons: methods are not completely understood by biological scientists, sparse literature, and packages do not provide a complete data analysis pipeline. In Multi-Environment Trials (METs), the collected data are high dimensional and from multiple sources (*i.e.* different managements or different kind of variables), this can involve several factors and complex shared variation and relationships. The analysis of several factors at the same time, brings advantages in saving resources and time, however, it also entails complexity in analysis and interpretation. Factor analysis (FA) defines relationships between individual variables in a data set and it has been applied in the analysis of genotype by environment interaction ( $G \times E$ ). Group Factor Analysis (GFA) is an extension of FA, which describes relationships between and within sources of data, which has never been used to analyze interactions of genotype, environment and management ( $G \times E \times M$ ). We objective in this work was to study the  $G \times E \times M$  interactions using GFA to find common and specific latent variables (LV) shared in the data set to describing the usefulness of this model. We apply the methodology, analyzing CIMMYT data collection from METs and different agricultural management practices using GFA-R package. We used two METs data sets. First: 192 maize hybrids, seven environments, two management, one year and one variable. Second: 18 wheat varieties, four sites, three years, four management and four variables. In the first one, the model discriminates clearly the management and environments effects, as well as the best genotypes for each, through two LV shared in the data sets. For the second one, GFA discriminates, similarly, the best years, management and genotypes. In addition, also the most correlated variables. We recommend this methodology for this type of analysis, and we will also provide a full script pipeline for users.

Support: CONACYT and Mexican Government Scholarship

# **Melhoramento de Plantas**



### **Análise de agrupamento via método do vizinho mais distante e mapa auto-organizável de Kohonen**

FERREIRA, J.M.S.<sup>1</sup>; MATOS, L.F.A.<sup>1</sup>; PIRES, A.L.J.<sup>1</sup>; MARTINIANO, J.F.<sup>1</sup>; LIMA, N.L.<sup>1</sup>; SILVA, F.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Aumentar o potencial produtivo é um dos principais objetivos do melhoramento genético. O uso de estudos de diversidade genética permite direcionar os cruzamentos de forma a aumentar a variabilidade e a possibilidade de maior ganho genético. Dado o exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética entre dois grupos de genitores de soja e a diversidade global entre genitores e populações. Os grupos de genitores selecionados foram G1: cultivares adaptados à região sul do Brasil, e G2: cultivares com alto teor de óleo nos grãos e adaptados a região centro oeste. As sementes F<sub>1</sub> obtidas dos cruzamentos foram plantadas e conduzidas em casa de vegetação em Delineamento em Blocos Casualizados, com cinco repetições. As parcelas foram constituídas de dois vasos com duas plantas por vaso. A caracterização dos indivíduos foi realizada com base em 12 variáveis: dias para florescimento (DF), altura no florescimento (AF), dias para maturação (DM), diâmetro do hipocótilo (DH), altura na maturação (AM), número de vagens (NV), número de nós (NN), número de hastes (NH), número de grãos (NG), teor de óleo (OL) e de proteína nos grãos (PT) e produtividade de grãos (PG). Procedeu-se a análise de variância, a estimação da distância generalizada de Mahalanobis e a confecção do dendrograma pelo método do vizinho mais distante via software Genes. Foi realizada a análise de agrupamento com base em redes neurais via Mapa Auto-organizável de Kohonen (SOM) com 20 neurônios dispostos em topologia de grade com cinco colunas e quatro linhas via software MATLAB. O raio de vizinhança adotado foi 1,5 e foram utilizadas 5.000 épocas como fator de convergência. Em ambas as análises, os genitores de G1 foram agrupados em um mesmo grupo e os genitores de G2 foram alocados em outro grupo. As cultivares adaptadas à região sul apresentaram divergência genética em relação aos cultivares adaptados a região centro oeste. Conclui-se que a metodologia SOM é uma promissora ferramenta para estudo de diversidade genética. A escolha dos genitores que compuseram o bloco de cruzamentos garantiu diversidade genética suficiente à progênie.

Apoio: CNPq, Capes, FAPEMIG



### **Análise de trilha entre caracteres agronômicos para rendimento de grãos de soja**

SANTOS, A. L.<sup>1</sup>; MOURA, L. LARA<sup>1</sup>; L. M.<sup>1</sup>; DE PAULA, R.G.<sup>1</sup>;  
NASCIMENTO, H.R.<sup>1</sup>; SILVA, F.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Fitotecnia  
Universidade Federal de Viçosa

A soja (*Glycine max* L. Merrill) é uma das principais culturas oleaginosas cultivadas no mundo. O Brasil se destaca como segundo maior produtor, com estimativa de produção para safra 2018/2019 de 120,5 milhões de toneladas de grãos. Essa alta produção é em grande parte resultado de pesquisas de programas de melhoramento que buscam obter genótipos superiores com alto potencial produtivo. Porém, a produtividade é uma característica muito complexa pelo fato de ser influenciada por muitas variáveis, sendo difícil ser interpretada por sistemas de correlação simples. Sendo assim a análise de trilha é uma ferramenta útil, pois permite compreender as associações entre caracteres por meio de efeitos diretos e indiretos de um grupo de caracteres sobre uma variável básica. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar por meio da análise de trilha os efeitos diretos e indiretos de alguns caracteres agronômicos no rendimento de grãos de soja. Para isso, 94 genótipos foram avaliados em casa de vegetação dispostos em 3 blocos casualizados. Os caracteres avaliados foram: Ciclo reprodutivo (CR), ciclo total (CT), número de nós (NN), número de hastas laterais (HL), número de vagem (NV), número de grãos (NG), número de semente por vagem (NS), massa de grãos por planta (MP) e massa 100 grãos (MG). Com o auxílio do software GENES, foram realizadas as análises de variância e posteriormente estimados os coeficientes de correlação e análise de trilha dos caracteres, tendo massa de grãos por planta (MP) como variável básica. A análise da variância mostrou diferenças significativas ( $p \leq 0,01$ ) entre os genótipos para todas as características avaliadas. As variáveis NG e MG apresentaram efeito direto, com correlação positiva em relação a variável base com magnitude de 0,319 e 0,466, e coeficiente de trilha de 0,971 e 1,22, respectivamente. Enquanto o caractere NV, apesar de apresentar correlação positiva de 0,332, teve efeito indireto com coeficiente de trilha de 0,188. Assim, através desse estudo foi possível definir que a característica massa de grãos por planta pode ser utilizada na seleção de genótipos de alto potencial produtivo.

Apoio: CNPq e GDM Seeds



### **Análise de trilha entre caracteres de rendimento de grãos em genótipos de feijão-caupi**

ROCHA, D.<sup>1</sup>; CRUZ, D.P.<sup>1</sup>; GRAVINA, G.A.<sup>1</sup>, ALBUQUERQUE, D.P.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Engenharia Agrícola, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) apresenta grande importância econômica e social para o Brasil. Mensurar a produtividade do feijão-caupi pode apresentar empecilhos que inviabilizam a atividade. A metodologia de análise de trilha pode ser uma alternativa, por permitir visualizar o efeito direto que um caráter causa no outro e os seus respectivos efeitos indiretos. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi estudar os efeitos diretos e indiretos de alguns caracteres agrônômicos sobre a produtividade de grãos de genótipos de feijão-caupi na região Noroeste Fluminense. Os experimentos foram conduzidos no município de Cambuci – RJ. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com 14 tratamentos sendo 12 linhagens e duas testemunhas, com quatro repetições. A parcela experimental foi composta por quatro linhas de 5 m, com espaçamento de 0,50 m e 0,25 m entre plantas. Foram avaliados os caracteres acamamento, comprimento de vagem, número de grãos por vagem, peso de 100 grãos, número de dias para o início da floração e produtividade de grãos. O número de dias para o início da floração foi o caráter de maior influência direta na produção de grãos (0,6), assim, essa variável, de certa forma, poderia ser utilizada para prever produtividade, pois, de forma geral, os genótipos mais tardios, tenderam a serem mais produtivos. O acamamento exerce grande influência na produtividade, esta característica apresentou correlação total -0,52 e -0,33 de correlação direta com a produtividade, ou seja, quanto maior for o acamamento dos genótipos de feijão-caupi menor será a produção de grãos. A correlação total do número de grãos por vagem com a produtividade foi de 0,5, no entanto, o efeito indireto via peso de 100 grãos e do número grão por vagem foi de 0,78 e de -0,85 respectivamente, sendo possível perceber que os genótipos mais produtivos apresentam poucos grãos por vagem e esses grãos apresentam maior peso relativo. Desse modo, é possível concluir que o melhorista interessado em aumentar a produtividade deve aumentar a pressão de seleção na direção de genótipos mais tardios e, com grãos de maior peso relativo.

Apoio: FAPERJ, UENF



### **Aprimorando a seleção de progênies de feijoeiro sob interação genótipos por ambientes**

MELO, V. L.<sup>1</sup>; SOUZA, D. T.<sup>1</sup>; BRITO, G. M.<sup>1</sup>; TRINDADE, T. F. H.<sup>1</sup>; SANTANA, A. S.<sup>1</sup>; CARNEIRO, P. C. S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Melhoramento do Feijão, Universidade Federal de Viçosa.

Nos programas de melhoramento de feijoeiro é comum utilizar modelos estatísticos, via análise conjunta de variâncias, que pressupõem: ausência de desbalanceamento estatístico e genético, variâncias residuais homogêneas e independentes. A flexibilização dessas pressuposições pode conduzir a modelos de predição mais realistas, pois permite modelar e incorporar estruturas de (co)variâncias genéticas e não genéticas na predição de valores genotípicos. Assim, o objetivo com este trabalho foi comparar as herdabilidades e o ganhos genéticos, obtidos por meio de dois modelos que apresentam diferentes estruturas de (co)variâncias genéticas e não genéticas, na seleção de progênies para recombinação sob interação genótipo por ambiente (GXE). Para isso, foram utilizados dois experimentos conduzidos no delineamento experimental látice (20x20 – 380 progênies e 20 testemunhas), nas safras da seca e do inverno de 2015. Foi avaliada a característica produtividade de grãos. O modelo que assume estrutura de (co)variâncias do tipo não estruturada (US) para o efeito genético, variância de bloco homogênea e variância residual diagonal heterogênea, foi o que apresentou melhor ajuste aos dados comparado ao modelo de simetria composta (CS). Observou-se alterações nas estimativas para os diferentes modelos ajustados, com destaque para as estimativas mais precisas com o modelo (US), a herdabilidade foi de 0,21 para a safra da seca e de 0,29 para a de inverno. Enquanto que com base no modelo CS foi de 0,01. Valores inferiores de herdabilidade com base no modelo CS comparados aos do modelo US indicam que a interação GxE consome a variabilidade quando estimada com base na média das safras. Uma vez que a variabilidade genética estimada a partir do modelo CS foi nula, o ganho médio foi predito utilizando apenas os valores genotípicos obtidos com o modelo US, que foi de 2.97% para produtividade de grãos. Esse resultado indica que flexibilizar as estruturas de (co)variâncias em experimentos que envolvem progênies avaliadas em diferentes ambientes é uma estratégia promissora para os programas de melhoramento, sobretudo para caracteres que sofrem elevada influência da interação GxE.

Apoio: FAPEMIG, CAPES e CNPq



### **Avaliação da herança da tolerância ao alumínio em caracteres de raiz de milho-pipoca por meio do dialelo de Hayman**

RIBEIRO, M. P.<sup>1</sup>; VIANA, J. M. S.<sup>1</sup>; ALMEIDA, V. C.<sup>1</sup>; RIBEIRO, A. F. S.<sup>1</sup>; RISSO, L. A.<sup>1</sup>; PEREIRA, H. D.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Muitas espécies vegetais apresentam algum tipo de mecanismo genético de tolerância a ações nocivas do alumínio (Al). O objetivo do estudo foi identificar linhagens para seleção quanto a herança da tolerância ao Al por meio da caracterização radicular. Para isto, foi realizado um dialelo com oito linhagens advindas do Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca da UFV, sendo uma sensível, uma tolerante e seis intermediárias. Estas as linhagens e seus híbridos F1 foram avaliadas em conjunto com duas testemunhas tolerantes ao alumínio, em delineamento inteiramente casualizado, contendo duas repetições. As sementes foram preparadas e levadas à câmara de germinação em papel germitest por sete dias. Ao final deste período, as plântulas foram transferidas para uma casa de vegetação, onde foram fotografadas, para mensurar o comprimento inicial, e alocadas em um recipiente contendo oito litros de solução nutritiva por um período de sete dias. Após 24 horas, período de aclimação das plântulas, foi adicionado alumínio na solução nutritiva para indução do estresse. A aeração da solução se dava por meio de ar comprimido e a temperatura da casa de vegetação ficou controlada em 24 °C. Ao final dos setes dias sob estresse, as raízes das plântulas foram coletadas e levadas ao laboratório onde foram escaneadas para mensuração do comprimento final. A caracterização da tolerância ao Al foi relacionada ao comprimento líquido e relativo das raízes axiais, laterais e ao número de raízes. Os valores de  $H_2/4H_1$  comprovaram que os genes dominantes estavam distribuídos de forma assimétrica entre os genitores. Existem alelos dominantes controlando todas as características, sendo que a maior evidência de alelos dominantes favoráveis estava presente no número de raízes. O grau médio de dominância foi superior para o crescimento líquido lateral. Somente o crescimento líquido axial apresentou dominância bidirecional. O número de genes dominantes de maior efeito foi superior para o crescimento relativo axial. A relação genes dominantes por recessivos foi maior para crescimento relativo lateral. Nenhum híbrido F1 foi superior aos genitores, e nenhum genitor atingiu o nível de seleção.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG



### **Avaliação de característica vegetativa em tomate**

CAETANO, A. S.<sup>1</sup>; LAURINDO, B. S.<sup>1</sup>, PONTELO, I. O.<sup>1</sup>; LAURINDO, R. D. F.<sup>1</sup>;  
SILVA, D. J. H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Recursos Genéticos, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Estudos de características vegetativas auxiliam em várias etapas dos programas de melhoramento. A avaliação do comprimento de entrenó auxilia no controle de doenças, uma vez plantas com entrenós maiores permitem maximizar a ventilação ao longo do dossel, aumentando assim a eficiência de aplicação do fungicida. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos relacionados ao comprimento de entrenó em populações de tomateiro resistentes a requeima do tomateiro (*Phytophthora infestans*). Para a realização do experimento dois acessos pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) foram utilizados, o BGH 2127 e a linhagem 163 A. Foram avaliadas no experimento 50 plantas do P1(BGH 2127), 50 plantas do P2 (linhagem 163 A), 50 plantas F1, 100 plantas de cada retrocruzamento RC1 e RC2 e 193 plantas da geração segregante F2. Avaliou-se: comprimento do entrenó (mm), medidos acima do segundo cacho. As análises foram realizadas no software Genes. Ao analisar a característica comprimento do entrenó, determinou-se como interação alélica do tipo dominância parcial, visto que a média da geração F1(3.7) tendeu-se a média do menor pai (3.3). Além disso, pode-se verificar este mesmo comportamento ao observar o valor de grau médio de dominância (gmd) estimado a partir da média, cuja estimativa encontra-se entre 0 e 1, conferindo tal interação à característica. Esse tipo de interação dificulta a seleção de indivíduos superiores, pois sua descendência terá comportamento inferior a ele próprio. Para essa característica a seleção pode ser realizada em combinações híbridas visando produção de cultivares híbridas. A baixa estimativa de herdabilidade para o comprimento de entrenó possibilita inferir que tal característica é muito influenciada pelo ambiente. Pode se perceber que especificadamente para as populações derivadas do cruzamento entre os acessos não houve aumento do valor da característica avaliada, conseqüentemente não seria favorável para o controle de doença.

Apoio: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico-CNPq



### **Avaliação de cultivares de soja sob déficit hídrico**

ARAÚJO, M. A. R<sup>1</sup>; DUARTE, A. B.<sup>1</sup>; SILVA, F. L.<sup>1</sup>; EVANGELISTA, P. S.<sup>1</sup>; VEIGA, A. R. R. B.<sup>1</sup>; MATOS, P.G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja é uma das principais culturas agrícolas sendo de grande importância para a economia mundial. Fatores abióticos como o déficit hídrico afeta a produtividade desta cultura, uma vez que a mesma é considerada sensível a tal estresse. Nesse sentido, estudos que busquem melhor entendimento das cultivares frente a tal estresse se fazem necessários. Portanto, objetivou-se com o presente estudo avaliar o comportamento de 10 cultivares de soja submetidas ao déficit hídrico. O experimento foi conduzido sob delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial composto por dois fatores (cultivar e disponibilidade hídrica). As sementes foram tratadas utilizando-se o fungicida Derosal Plus, sendo posteriormente submetidas ao teste de germinação. Para tanto, utilizou-se 50 sementes de cada cultivar por repetição. Os papéis germitest foram umedecidos com água destilada (condição controle) e PEG 6000 -0,2 MPa (condição estresse). Após o teste de germinação, retirou-se uma plântula normal de cada cultivar, colocando-as entre duas folhas de papel germitest, as quais foram acondicionados em BODs, a fim de favorecer o desenvolvimento do sistema radicular. Avaliou-se a porcentagem de germinação das sementes, o comprimento, o volume e o diâmetro das raízes. Os dados foram submetidos a análise de variância, sendo as médias do fator disponibilidade hídrica confrontada pelo teste F e as médias do fator cultivar agrupadas pelo teste Skott-Knott, ambos a 5% de probabilidade. Houve diferença estatística para todas as variáveis avaliadas. Sob déficit hídrico, as cultivares apresentaram redução significativa na porcentagem de germinação. A cultivar CD 229 RR foi a que apresentou menor porcentagem de germinação na condição de déficit hídrico (46%). Em relação ao comprimento de raiz, observou-se maior comprimento radicular para a maioria das cultivares na condição de déficit hídrico. A cultivar BRS 184 merece destaque, já que apresentou comprimento bastante superior em relação às demais. Contrariamente à variável anterior, observou-se menor volume e diâmetro médio das raízes nesta mesma condição. Em conclusão, o déficit hídrico imposto afetou o comportamento das cultivares avaliadas.

Apoio: Os autores agradecem à Capes e ao CNPq pelo apoio financeiro.



### **Avaliação de híbridos de milho obtidos de um testcross com a linhagem VML144 em condição de baixa disponibilidade hídrica**

EITERER, N. M. P. L. C.<sup>1</sup>; RIBEIRO, F. O.<sup>1</sup>; UBERTI, A., CAIXETA, D. G., RESENDE, N. C. V., DeLima, R. O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

A má distribuição das precipitações durante o ano agrícola pode acarretar grandes prejuízos aos produtores. Por isso, obter plantas tolerantes ao estresse hídrico é foco da maioria dos programas de melhoramento. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar híbridos experimentais em condição de baixa disponibilidade hídrica. Para isso, na safra 2018/2019 foram avaliados 160 híbridos testcross, obtidos do cruzamento com a linhagem testadora VML144. Os experimentos foram conduzidos no delineamento de blocos aumentados, com cinco repetições e em dois locais: estação experimental da Horta Nova e de Coimbra, pertencentes à Universidade Federal de Viçosa. Na safra 2018/2019 ocorreu um estresse hídrico que possibilitou a avaliação dos híbridos em condição de baixa disponibilidade hídrica. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de quatro metros, espaçadas em 0,80 m. Os caracteres avaliados foram florescimento feminino (FF, em dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>). Os dados foram analisados com o auxílio do software R, via abordagem de modelos mistos (REML/BLUP). O coeficiente de variação experimental variou de 2,11% (FF) a 17,36% (PG), indicando uma boa precisão experimental na avaliação dos caracteres. A variância genética foi significativa para todos os caracteres avaliados ( $P < 0,05$ ), o que evidencia a existência de variabilidade. Essa é essencial para se praticar a seleção e obtenção de ganhos genéticos. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,34 (PG) a 0,76 (AP). O caractere FF apresentou valor médio de 66 dias com variação de 62 a 70 dias. O valor médio de AP foi de 230,68 cm, enquanto que para AE foi de 138,40 cm. O principal caractere avaliado, PG, apresentou média geral de 8123,07 kg ha<sup>-1</sup> com variação de 6735,17 kg ha<sup>-1</sup> (VML 117) a 9353,00 kg ha<sup>-1</sup> (VML053). Estes resultados evidenciam o bom desempenho dos híbridos mesmo em condições de estresse hídrico. Conclui-se que há variabilidade entre os híbridos experimentais. E que é possível selecionar genótipos superiores, para recomendação aos produtores da região da Zona da Mata em condições de estresse hídrico.

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



### **Avaliação do comportamento da incidência de ferrugem e cercosporiose em cafeeiros arábica nos anos de 2018 e 2019**

SILVA, A. C. A.<sup>1</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,2</sup>; FEITOSA, F. M.<sup>1</sup>; MARIZ, B. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Bioagro, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup> EMBRAPA Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

O Brasil se destaca como maior produtor e exportador mundial de *Coffea arabica* L., porém, a maioria das cultivares são suscetíveis à ferrugem (*Hemileia vastatrix*) e a cercosporiose (*Cercospora coffeicola*), sendo esses, os principais problemas fitossanitários da cultura. Dessa forma, objetivou-se avaliar o comportamento da incidência de ferrugem e de cercosporiose em uma população de melhoramento genético de cafeeiros arábicas, nas safras de 2018 e 2019, com o propósito de identificar genótipos com resistência à *H.vastatrix* e com menor incidência de cercosporiose. O experimento foi conduzido em Viçosa - MG, no campo experimental do Departamento de Fitopatologia da UFV (DFT-Fundão). Foi fenotipada uma população na geração F<sub>2</sub>, originada do cruzamento entre Catiguá MG2 x Acauã Novo, do Programa de Melhoramento Genético do Cafeeiro desenvolvido pela EPAMIG em parceria com a UFV e a Embrapa Café. O plantio do experimento foi realizado em fevereiro de 2016, utilizando o delineamento de blocos aumentados com testemunha intercalar. Inicialmente, a população ficou composta por 100 plantas, contudo, com a morte de algumas plantas, foram avaliadas 62 plantas. Como testemunhas foram utilizadas a cultivar Paraíso MG H419-1 e Catuaí Vermelho IAC 144, resistente e suscetível a *H. vastatrix*, respectivamente. A avaliação das doenças foi realizada por meio de médias de notas de 1 a 5, sendo a nota 1 correspondente a baixa infestação e a nota 5 uma alta infestação. Nos dois anos de avaliação, a maioria das plantas se apresentaram resistentes a *H. vastatrix*, havendo predominância da nota 2. Contudo, no ano de 2019 5,48% da população foram avaliadas com nota 3, indicando poucas pústulas por folha com produção de esporos e pouco distribuídas. O comportamento da incidência de cercosporiose foi similar à ferrugem, prevalecendo a nota 2, sendo que no ano de 2019, 8,70% da população apresentou nota 3. Conclui-se que as populações apresentam genótipos resistentes à *H. vastatrix* e com pouca incidência de cercosporiose, os quais podem ser utilizados por programas de melhoramento do cafeeiro como fontes de resistência para desenvolver genótipos com resistência à *H. vastatrix* e *C. coffeicola*.

Apoio: Consórcio Brasileiro de Pesquisa e Desenvolvimento do Café, CNPq, Fapemig, INCT-Café



### **Avaliação do potencial do índice de seleção FAI-BLUP na seleção de linhagens de tomate de fenótipo anão**

LIMA, A. M.<sup>1</sup>; CHAGAS, R. R.<sup>2</sup>; FUMES, L. A. A.<sup>2</sup>; PONTELO, I. O.<sup>2</sup>; SILVA, D. J. H.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Agronomia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Pós-Graduação Stricto Sensu em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa

<sup>3</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O Brasil é o quinto maior produtor de tomate para processamento industrial, com uma produção de 1,4 milhões de toneladas em 2018. O tomateiro para processamento industrial se desenvolve prostrado, expondo grande quantidade de frutos ao contato com o solo, aumentando o risco de doenças e o desgaste da colhedora durante a colheita. O desenvolvimento de cultivares de porte anão é uma alternativa a esse problema, pois as plantas anãs possuem porte mais ereto, reduzindo o contato dos frutos com o solo. O índice FAI-BLUP permite a seleção de genótipos através da análise de várias características sem que haja problemas de multicolinearidade e sem a necessidade de atribuição de pesos para cada característica. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência do uso do índice de seleção FAI-BLUP na seleção de linhagens de tomate de fenótipo anão para processamento como futuros genitores em programas de melhoramento. Foram analisadas 484 linhagens de tomate no total, levando-se em consideração as seguintes características para a seleção destas: produção por planta, acamamento, lesões foliares e características pós colheita de importância para o processamento industrial como firmeza dos frutos, sólidos solúveis da polpa (° Brix) e viscosidade da polpa. A partir da determinação do ideótipo desejável, buscando-se maximizar a produção por planta, firmeza dos frutos, sólidos solúveis e viscosidade da polpa e buscando-se minimizar o acamamento e as lesões por doenças, o índice de seleção FAI-BLUP selecionou 45 genótipos. Dentre os genótipos selecionados houve um ganho de seleção de 17,3% em produção, 21,7% em acamamento, -14,1% em lesões, -0,5% em firmeza, 1% em sólidos solúveis e 6,4% em viscosidade em relação à média de todas as linhagens. Desta forma, mostrou-se que o FAI-BLUP pode ser uma ferramenta de grande utilidade para o melhoramento de tomate, pois possibilitou ganhos em produção e aumento de sólidos solúveis, sendo que estas características apresentam correlação negativa. No entanto, mesmo com a utilização do índice não foi possível obter ganhos desejados para todas as características, como por exemplo para acamamento e firmeza.

Apoio: CNPq



### **Avaliação preliminar de linhagens elites de feijão do VCU carioca ciclo 2019/2020**

SANTANA, A. S.<sup>1</sup>; PAULA, I. G.<sup>1</sup>; FREITAS, D. F.<sup>1</sup>; BRITO, G. M.<sup>1</sup>; BATISTA, V. Z. P.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J. E. S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório do Programa Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A obtenção de novas cultivares de feijão, que substituam as já existentes, é um desafio constante nos programas de melhoramento do feijoeiro. Esse trabalho tem como objetivo avaliar o potencial genético de linhagens elites de feijão carioca oriundas dos programas de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Universidade Federal de Lavras (UFLA) e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Arroz e Feijão). Essas linhagens fazem parte do ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) ciclo 2019/2020, que vem sendo conduzido no estado de Minas Gerais por meio do convênio UFV/UFLA/Embrapa/Epamig. Foram conduzidos dois experimentos em Coimbra, MG, nas safras da seca e inverno de 2019. Os tratamentos consistiram de dezoito linhagens e as testemunhas Pérola, BRS Estilo e BRSMG Uai. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros. Os caracteres arquitetura de planta, aspecto de grãos e produtividade foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, seguido pelo teste de comparação de médias (Dunnett, 5%). As médias de produtividade de grãos por experimento situaram-se acima de 3.000 Kg.ha<sup>-1</sup>. Os coeficientes de variação para os caracteres avaliados foram abaixo de 13%, indicando boa precisão experimental. Houve efeito significativo de linhagens para todas as variáveis nas duas safras, exceto para produtividade de grãos na safra da seca de 2019. De modo geral, as linhagens avaliadas apresentaram grãos com bom aspecto comercial, semelhantes ao Pérola que é padrão comercial para características de grãos. Quanto a arquitetura de planta, verificou-se que a maioria das linhagens apresentaram porte prostrado, deixando a desejar quanto a esse atributo. Entretanto, duas linhagens se equipararam ao BRS Estilo, a qual é referência quanto a esse aspecto. Em termos de produtividade de grãos, constatou-se que entre as linhagens avaliadas cinco se destacaram, superando as cultivares comerciais Pérola e BRS Estilo. Embora seja uma avaliação ainda preliminar, constatou-se que algumas linhagens apresentam potencial para serem recomendadas futuramente como novas cultivares.

Apoio: CNPq, Fapemig



### **Biofortification of Upland Rice Genotypes with Selenium-Enriched-Urea**

FÉLIX, M. R.<sup>1</sup>; BOTELHO, F. B. S.<sup>2</sup>; NAMORATO, F. A.<sup>3</sup>; LESSA, J. H. L.<sup>3</sup>;  
CASTRO, D. G.<sup>2</sup>; GUILHERME, L. R. G.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Department of Biology, University of Lavras.

<sup>2</sup>Department of Agriculture, University of Lavras.

<sup>3</sup>Department of Soil Science, University of Lavras.

Selenium (Se) is an essential trace element for humans and animals, and a beneficial nutrient for plants. Rice is widely cultivated and consumed in the world. Thus, increasing the concentration of Se in rice grains may be beneficial to human health. In this sense, we highlight the genetic and agronomic biofortification, using the inter-crop variability and the supply of fertilizers enriched with Se (e.g. urea). The objective was to select rice strains, aiming at the accumulation of Se to obtain and selection genotypes more responsive to biofortification with Se. The experiment was conducted at UFLA. The experimental plots consisted of 5 rows of 4.0 m spaced at 0.40 cm. The experimental design was a randomized block design with 3 replications in subdivided plots. Twelve genotypes from the cultivation and use value (VCU) trial conducted in the agricultural years 17/18, from the upland rice genetic breeding program of UFLA. During the experiment, Se (via Na<sub>2</sub>SeO<sub>4</sub>) was applied in soil nitrogen, in the 2 lateral lines of the experimental plot (border) at the dose of 100 kg urea ha<sup>-1</sup>. In 3 central lines of the plot, the fertilization through top-dressing nitrogen was performed with common urea. In the experiment, sodium selenate at the concentration of 800 mg kg<sup>-1</sup> was applied. After maturation, to determine Se content according to (USEPA 3051a, 2007). The evaluated characteristics were: grain yield and contents of Se in rice grains. Total Se contents of the digested extracts were determined by ICP-OES. The results were analyzed by ANOVA by the F test and, significantly, different means between treatments were compared by the Scott-Knott test (p <0.05), ANOVA and estimates of genetic parameters were analyzed using the GENES software. As for the genetic variability of the genotypes, Se concentrations of 1.17 to 2.58 mg kg<sup>-1</sup> were observed. The estimated heritability and accuracy were 0.62 and 0.79 respectively. There is genetic variability in upland rice strains for increases in Se contents in grains. The application of nitrogen fertilizer enriched with Se in the form of sodium selenate, was beneficial for the increase of Se in rice grains in all genotypes studied.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG



### **Caracterização da diversidade genética entre linhagens F<sub>4</sub> de trigo baseado em componentes primários da produção**

MEZZOMO, H. C.<sup>1</sup>; CASAGRANDE, C. R.<sup>1</sup>; MASSENSINI, J. D.<sup>1</sup>; LOPES, T. S.<sup>1</sup>; ALVES, S. N.<sup>1</sup>; NARDINO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Trigo, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A diversidade genética entre linhagens de trigo deve ser devidamente caracterizada a fim de nortear a seleção, permitindo ganhos genéticos mais promissores ao melhoramento de plantas. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética existente entre linhagens F<sub>4</sub> de trigo oriundas do cruzamento planejado entre as cultivares BRS 254 × CD 117. Para tal, os segregantes obtidos deste cruzamento foram avançados até a geração F<sub>4</sub> pelo método *bulk*. No cultivo da safra 2018, em São Gotardo – MG, com base na precocidade das linhagens F<sub>4</sub>, foram selecionadas 83 espigas superiores e avaliados os caracteres: tamanho de espiga, número de grãos por espiga, massa da espiga e massa de grãos por espiga. A diversidade foi estimada por meio da distância euclidiana média padronizada e posterior agrupamento de otimização por Tocher. Segundo a matriz de distâncias a maior distância é de 0,85 entre as linhagens 6 e 10, indicando serem os acessos mais dissimilares, já as linhagens 11 e 21 são os genótipos mais similares, pois apresentaram a menor distância, 0,02. O método de otimização de Tocher proporcionou a formação de 12 grupos distintos. O grupo I agrupou o maior número de genótipos, cerca de 38% do número total de linhagens. Os grupos X, XI e XII foram os menos representativos, formados por uma linhagem cada um deles, sugerindo que estes sejam os mais divergentes do total analisado. O método de otimização de Tocher ainda permitiu verificar a dissimilaridade intra e intergrupo. A maior distância média intergrupo foi observada entre os grupos V e X ( $d_5:d_{10} = 0,79$ ), enquanto os grupos menos dissimilares foram os grupos II e X, III e XI e XI e XII ( $d_i:d_j = 0,19$ ). A utilização deste método possibilitou evidenciar a variabilidade entre plantas, revelando a diversidade genética entre as linhagens avaliadas, fornecendo informações para programar recombinações entre indivíduos divergentes e complementares. O método empregado possibilita verificar que há divergência genética entre as linhagens do cruzamento BRS 254 × CD 117, com a formação de 12 grupos distintos.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; COOPADAP



### **Combining ability of leaf senescence in popcorn under different conditions of water availability**

SANTOS, T. O.<sup>1</sup>; BISPO, R. B.<sup>1</sup>; KAMPHORST, S. H.<sup>1</sup>; SCHIMITT, K.F.M.<sup>1</sup>; LEITE, J. T.<sup>1</sup>; AMARAL JÚNIOR, A.T. do<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense.

The green index (GI), obtained by portable spectrometer (SPAD), measures the relative chlorophyll content in the leaf and is an important indicator of plant health. Under water stress conditions, higher GI values are associated with higher grain yield values. Through diallel crossings it becomes possible to know the effects of general and specific combining capacities related to additive and non-additive gene action, respectively, thus guiding breeding programs. The objective of this study was to investigate the combining capacity of character GI in popcorn by means of circulating diallel in two contrasting environments regarding water availability. Ten S<sub>7</sub> inbred lines (L61, L63, L65, L71, L75, L76, P2, P3, P6 and P7) and 15 hybrids from circulating diallel crosses with P=3 were evaluated under well-watered (WW) and water stress (WS) conditions. The experiment was conducted in randomized blocks with three replications. The three GI evaluations, measured with a Minolta SPAD-502 portable chlorophyll meter, were performed at the grain filling stage (44, 51 and 59 days after flowering - DAF). The analysis of individual variance was performed, as well as the estimation of general (GCA) and specific (SCA) combining capacities. In WS and WW, the variance analysis showed significant effect for genotypes, showing the existence of genetic variability; and for GCC and SCC the same effect was observed. The overall mean GI for WS at 44, 51, and 59 DAF were: 27.13, 28.82 and 16.99 respectively, and in WW were: 34.87, 34.14 and 19.25 in that order. Simultaneously to the three GI evaluations, in WS, the parents with the highest GCC estimates were: L61 and L71, and in WW P6 and P7, the best hybrid combinations, simultaneously to the three GI evaluations, were in WS, L65 x P3 and L61 x L75 and, in WW, L61 x L75 and L71 x P6. The magnitude of quadratic components of non-additive effects exceeded that of additives in both environments. However, due to the greater magnitude of non-additive effects to the trait, it is recommended to explore heterosis in water stress environments.

Support: CAPES (Financial Code 001) and FAPERJ



### **Comportamento de genótipos elites de arroz irrigado em ensaios VCU's em Minas Gerais: safra 2018/19**

GONÇALVES, R. P.<sup>1</sup>; SOARES, P. C.<sup>2</sup>; COSTA, W. G.<sup>3</sup>; SILVA JÚNIOR, A. C.<sup>3</sup>; REIS, M. S.<sup>4</sup>; CONDÉ, A. B. T.<sup>4</sup>; TORGA, P. P.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>EPAMIG Sudeste, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

<sup>3</sup>Laboratório de Bioinformática, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>4</sup>EPAMIG Sul, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

<sup>5</sup>EMBRAPA Arroz e Feijão, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

O programa de melhoramento de arroz irrigado em Minas Gerais tem como meta lançar cultivares com alta produtividade e com boa qualidade de grãos para o Estado. Os ensaios VCU's (Valor de Cultivo e Uso), são as últimas etapas antes do lançamento de novas cultivares. Os VCU's da safra 2018/2019 foram conduzidos com 25 genótipos, incluindo cinco testemunhas. Estes foram implantados em condições de solos de várzeas e com irrigação por inundação contínua, em dois locais: Campo Experimental de Gortuba (CEGR), no município de Nova Porteirinha e no Campo Experimental de Leopoldina (CELP). Utilizou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, cujas parcelas foram constituídas de cinco fileiras de plantas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,3m entre si. Como área útil da parcela colheram-se os quatro metros centrais das três fileiras internas, totalizando 3,60m<sup>2</sup>. A média geral de produtividade de grãos dos dois ensaios ficou em 4.874 kg/ha. No cômputo das médias dos dois ensaios (CELP e CEGR), sete genótipos suplantaram a média da testemunha mais produtiva, a Predileta, com produtividades variando de 5.091 a 6.383 Kg/ha. Quatro linhagens CNAx 17361-B-5-B-B-9, CNAx 17384-B-9-B-B-7, BRA 02706 e MGI 1512-18 se destacaram em produtividade de grãos, com médias oscilando entre 5.602 a 6.383 Kg/ha de grãos. Registrou-se maior desenvolvimento vegetativo das plantas no ensaio do CELP, em que as médias de altura de plantas variaram de 97 a 118 cm. Já no ensaio do CEGR, o porte variou de 76 a 102 cm. Os genótipos exibiram excelente comportamento com relação ao parâmetro rendimento de grãos inteiros; CEGR e CELP apresentaram médias de 61,39 % e 55,25%, respectivamente. Os genótipos avaliados apresentaram bom perfilhamento em ambos ambientes, com nota média de 2,2. De acordo com os resultados obtidos nas safras anteriores e com os apresentados na atual safra, as linhagens elites com maiores chances de serem lançadas como cultivares num futuro próximo são: CNAi 9091, BRA 031006 e MGI 0908-6.

Apoio: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais.



### **Controle genético do teor de óleo de sementes de abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.)**

GUEDES, M. L.<sup>1</sup>; ALMEIDA, C. F.<sup>1</sup>; GOMES, R. S.<sup>1</sup>; MACHADO JUNIOR, R.<sup>1</sup>;  
TOBAR, L. M. S.<sup>1</sup>; SILVA, D. J. H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) possui grande potencial para produção e consumo de óleo funcional de excelente qualidade nutricional. Uma forma de aumentar a produtividade de óleo é via melhoramento genético, nesse processo é extremamente importante a definição das melhores estratégias de seleção, assim como a metodologia de condução de populações segregantes, para isso devemos entender o controle genético da característica de teor de óleo. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi determinar o controle gênico do teor de óleo de *C. moschata* para assim definir as melhores estratégias de seleção para programas de melhoramento. Para isso foi realizada análise de gerações, que permitiu avaliar simultaneamente várias gerações ou populações, incluindo genitores ( $P_1$  e  $P_2$ ), híbridos ( $F_1$ ) e gerações segregantes  $F_2$ , além das derivadas de retrocruzamentos. A herdabilidade no sentido amplo foi de 60,19% e a no sentido restrito 83,79%, demonstrando alta expressão da variância genética aditiva na variabilidade fenotípica da característica. Houve transgressivos para valores máximos na geração  $F_2$  o que possibilita a seleção de indivíduos promissores para ganhos de seleção em relação ao teor de óleo. No que se refere aos efeitos gênicos no controle da característica, houve significância dos efeitos aditivos e dos efeitos epistáticos aditivo-dominante quando estudado pelo modelo completo. No modelo simples apenas os efeitos aditivos foram significativos mostrando assim que o desenvolvimento de linhagens para essa característica pode ser uma boa estratégia e que o desenvolvimento de híbridos não é interessante devido à ausência dos efeitos de dominância. Além disso, retrocruzamentos seguidos de seleção é uma metodologia de condução recomendada, e o processo de seleção de seleção será facilitado, uma vez, que os indivíduos heterozigotos serão diferentes dos homozigotos dominantes.

Apoio: Os autores agradecem a FAPEMIG pelo apoio financeiro; ao suporte da UFV e aos funcionários da "Horta Experimental" pela contribuição prestada nas atividades de campo.



### **Correlações genóticas entre caracteres agronômicos em linhagens de amendoim forrageiro oriundas da cv. BRS Mandobi**

LIMA, G. W.<sup>1</sup>; CORDEIRO, J. M. V.<sup>1</sup>; ASSIS, G. M. L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre.

<sup>2</sup>Embrapa Acre, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

A inclusão de leguminosas forrageiras na pastagem resulta em maior desempenho animal e reduz a necessidade de adubação nitrogenada. O amendoim forrageiro (*Arachis pintoï*) é uma leguminosa que se destaca por apresentar características favoráveis relacionadas ao seu potencial de consorciação e à sua persistência na pastagem, principalmente em sistemas de produção mais intensivos. Novas cultivares de amendoim forrageiro são desenvolvidas por meio de programa de melhoramento conduzido na Embrapa Acre. O estudo das relações entre os caracteres agronômicos é de grande importância em tais programas, pois otimiza a seleção simultânea e viabiliza a seleção indireta de caracteres. O objetivo deste trabalho foi estimar as correlações genóticas entre caracteres agronômicos em linhagens de amendoim forrageiro. O experimento foi implantado na Embrapa Acre em dezembro de 2016 e finalizado em maio de 2019, sendo realizados 11 cortes durante este período. Foram avaliadas 15 linhagens, além da cv. BRS Mandobi como testemunha, em blocos casualizados com quatro repetições. As variáveis avaliadas foram altura da planta (ALT, cm), vigor da planta (VIG, notas de 1 a 5), incidência de virose (IV, notas de 0 a 5), produção de matéria seca total (PMST, t.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) e teor de proteína bruta (PB, % na matéria seca). Foram realizadas análises de variância, seguidas da estimação das correlações genóticas entre os caracteres. Foram verificadas correlações de média a alta magnitudes entre: IV e PB (-0,53); IV e PMST (0,62); ALT e PMST (0,68); VIG e PB (0,75); ALT e IV (0,80); ALT e PB (-0,90). Nota-se que maiores teores de proteína bruta influenciaram positivamente no vigor das plantas. Linhagens mais altas apresentaram maior incidência de virose, com tendência a serem mais produtivas, porém com menor teor de proteína bruta na biomassa aérea. As correlações obtidas sugerem a possibilidade de definição de intervalos de cortes e altura do corte diferenciados conforme a altura da planta, visando melhor explorar o potencial genético das linhagens de amendoim forrageiro.

Apoio: CNPq, Tesouro Nacional, Unipasto



### **Desempenho das cultivares de feijão carioca e preto recomendadas no Brasil**

MOREIRA, J. V. C.<sup>1</sup>; SOUZA, M. H.<sup>1</sup>; PAULA, I. G.<sup>1</sup>; VIEIRA, T. N.<sup>1</sup>; RAMOS, P. V. S.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J. E. S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Feijão, Universidade Federal de Viçosa

O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa que se destaca no cenário agrícola do Brasil, sendo cultivado de norte a sul do país. Ao longo das décadas, várias cultivares de feijoeiro, especialmente de grãos tipo carioca e preto, foram recomendadas no Brasil por diversas instituições de pesquisa. Este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho produtivo de cultivares de feijão recomendadas no Brasil a partir de 1959. Foram avaliadas 105 cultivares de feijão, sendo 56 de grãos tipo carioca e 49 de grãos pretos. Foram conduzidos 13 experimentos nas safras da seca e de inverno, no período de 2013 a 2018, em Coimbra e Viçosa, Minas Gerais. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com três repetições e parcelas de quatro linhas de dois metros (m), espaçadas de 0,5 m. Os dados foram submetidos a análise conjunta. A avaliação da adaptabilidade e estabilidade genotípica foi realizada com base em modelos de normas de reação via modelos mistos. Os genótipos de melhor desempenho foram classificados em três cenários: adaptabilidade geral, adaptabilidade máxima a ambientes desfavoráveis e adaptabilidade máxima a ambientes favoráveis. Observou-se efeito significativo de cultivares para todos os ambientes de avaliação. Na média dos 13 ambientes, as cultivares de maior rendimento fenotípico foram: IPR Campos Gerais, IAC Formoso, BRS Estilo, IPR Tuiuiú, IPR Tiziu, VC15, BRS Agreste, VP22, IPR Andorinha e IPR Chopim. As cultivares IPR Campos Gerais, BRS Estilo, VC15, VP22, BRS Agreste e IPR Andorinha apresentaram melhor desempenho no cenário de adaptabilidade geral. Para ambientes favoráveis se destacaram IAC Formoso, VC15, IPR Campos Gerais, IPR 139, BRS Estilo e VP22. Já em ambientes desfavoráveis, as cultivares com melhor comportamento foram IPR Tuiuiú, IAC Imperador, IPR Tangará, IPR Tiziu e IPR Andorinha. De modo geral, as cultivares recomendadas mais recentemente apresentaram os melhores desempenhos quanto à produtividade, indicando o êxito dos diferentes programas de melhoramento de feijoeiro do Brasil.

Apoio: Fapemig, CNPq, Capes



### **Desempenho de linhagens elites de feijoeiro de porte ereto e prostrado sob diferentes populações de plantas com e sem controle de doenças**

PEREIRA JUNIOR, J.D.<sup>1</sup>; MOREIRA, J.V.C.<sup>1</sup>; FREITAS, D.F.<sup>1</sup>; ALECRIM, I.G.<sup>1</sup>; DIAS, F.S.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J.E.S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa de Melhoramento de Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação de linhagens em Ensaios de Valor de Cultivo e Uso é uma etapa que antecede a recomendação de novas cultivares. Entretanto, estudos adicionais sobre o melhor manejo para que essas linhagens expressem seu máximo potencial genético são essenciais. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar o desempenho de duas linhagens elites de feijão vermelho de diferentes arquiteturas de planta sob diferentes densidades de plantio, com e sem controle de mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*). Os experimentos foram conduzidos nas safras da seca de 2018 e de 2019 na Estação Experimental de Coimbra da UFV. Avaliou-se duas linhagens contrastantes quanto ao porte (VR20 - ereta e VR22 - prostrada) em seis densidades de plantas (6, 9, 12, 15, 18 ou 21 plantas/m). Utilizou-se DBC, com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros. Em cada ano foram conduzidos dois experimentos, sendo que em um deles foi aplicado o fungicida Frowncide<sup>®</sup> para o controle do mofo-branco. Nos dois anos, a interação cultivar x densidade foi não significativa para produtividade. Em 2018 não houve resposta ao aumento da densidade de plantas; já em 2019 houve um incremento linear de aproximadamente 22 kg/ha a cada unidade aumentada na densidade. Nos dois anos, a linhagem VR22 apresentou aumento da severidade de mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*) com o aumento da densidade; já a VR20, apresentou baixa severidade demonstrando bons níveis de resistência. Muito embora, em 2019, a severidade de mofo-branco tenha sido baixa, também houve aumento da severidade da doença com o aumento da densidade, sugerindo que a redução da população de plantas seja uma medida importante no manejo da doença. Isso aconteceu para as duas linhagens, traduzindo o que já vem sendo relatado pela literatura. Conclui-se que: estudos de população de plantas precisam ser repetidos em vários ambientes para se ter uma recomendação mais confiável; o Frowncide<sup>®</sup> se mostrou eficiente também no controle da mancha-angular; plantas de porte ereto auxiliam no controle do mofo-branco; e que o potencial de uma cultivar só será explorado ao máximo se as práticas de manejo forem adequadas.

Apoio: FAPEMIG; CAPES; CNPq



### **Determinação de herdabilidade dos conteúdos de proteína e óleo em população de soja [*Glycine max* (L.) Merr.]**

BARBOSA, L. M. A.<sup>1</sup>; SILVA, J. N. B.<sup>1</sup>; LORENZONI, R. M.<sup>2</sup>; SILVA, N. F. F.<sup>1</sup>;  
COSTA, B. J. C.<sup>1</sup>, DAL-BIANCO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Genética de Plantas, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal do Espírito Santo.

Os programas de melhoramento da soja têm estimulado o desenvolvimento de cultivares com alta produtividade e aumento do conteúdo de óleo e proteína nos grãos. As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos têm grande importância, sendo usados para antever a possibilidade de sucesso e ganho genético com a seleção e definir as melhores estratégias a serem tomadas no melhoramento. O coeficiente de herdabilidade ( $h^2$ ) é um dos parâmetros genéticos mais úteis para o trabalho dos melhoristas. Quanto maior a herdabilidade de um caráter, maior a chance de ganhos e sucesso na seleção. O objetivo do trabalho foi estimar o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo ( $h^2$ ) para o conteúdo de proteína e óleo em sementes de soja. Os ensaios foram administrados em duas localidades, Viçosa-MG (abril de 2018/ geração F<sub>2:5</sub>) e Capinópolis-MG (novembro de 2018, geração F<sub>2:6</sub>). Foram avaliadas 445 RILs para cada um dos ambientes, 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 e proteína por espectrometria de infravermelho próximo (NIR). Os teores obtidos foram convertidos para percentuais em base seca. O software GENES foi utilizado para a execução do estudo de herdabilidade. A herdabilidade estimada por ANOVA dos dados assumiu valores de 71,02% e 71,75% para o conteúdo de óleo e 73,51% e 80,12% para o conteúdo de proteína, para Viçosa/2018 e Capinópolis/2018, respectivamente. Foi observada uma herdabilidade acima de 70% para as duas características avaliadas. Estes valores são considerados altos em espécies vegetais de acordo com a literatura. Sendo assim, os valores de herdabilidade obtidos nesse estudo refletem uma situação favorável para um maior ganho de seleção.

Apoio: CAPES, FAPEMIG e Caramuru Alimentos



### **Determinação do tamanho do genoma e da composição de bases de Guanandi (*Calophyllum brasiliense* Cambess) por citometria de fluxo**

OLIVEIRA, L. B.<sup>1</sup>; CARVALHO, G. M. A.<sup>2</sup>; COUTINHO, J. S.<sup>3</sup>; CLARINDO, W. R.<sup>4</sup>

<sup>1-2</sup>Laboratório de citogenética, Departamento de Biologia Geral, Instituto Federal do Norte de Minas Gerais.

<sup>3-4</sup>Laboratório de Citogenética e Citometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Popularmente conhecida como Guanandi, *Calophyllum brasiliense* Cambess (*C. brasiliense*) pertence à família Calophyllaceae. Originária da Amazônia e do Cerrado, a espécie se adapta às condições climáticas e do solo de quase todo o território brasileiro. As ótimas características físico-mecânicas de sua madeira associadas à alta durabilidade natural a tornam amplamente utilizável. Diante da importância madeireira, do seu potencial silvicultural, aliadas à ausência de informações genéticas básicas, o presente trabalho teve como objetivo determinar o tamanho do genoma e a composição de bases de *C. brasiliense*, via citometria de fluxo. Fragmentos de folhas jovens do padrão interno *Solanum lycopersicum* ( $2C = 2,0$  pg) e de *C. brasiliense* (amostra) foram utilizados para a quantificação do conteúdo de DNA nuclear e composição de bases. As suspensões nucleares foram obtidas utilizando o método de *chopping* e tampões Otto, corados com iodeto de propídio (IP) e 4'6-diamino-2-fenilindol (DAPI) para determinar o tamanho do genoma e a composição de bases, respectivamente. Em seguida as suspensões foram analisadas em citômetro de fluxo. As análises originaram histogramas com picos dos núcleos  $G_0/G_1$  de *S. lycopersicum* e de *C. brasiliense* distintos, identificáveis e com coeficiente de variação inferior a 5%. Assim, o conteúdo de DNA nuclear estimado para *C. brasiliense* foi de  $2C = 1,17$  pg, que corresponde a  $1,134 \times 10^9$  pb (considerando que  $1$  pg =  $0,978 \times 10^9$ ). A composição de bases AT e CG estimada para *C. brasiliense* foi de 64,8% e 35,2%, respectivamente. Através da técnica de citometria de fluxo foi possível determinar o genoma e a composição de bases de *C. brasiliense*, obtendo a primeira informação acerca do tamanho e composição do genoma para a família Calophyllaceae. Esses dados podem contribuir para a sua inserção biotecnológica bem como auxiliar programas de melhoramento.

Apoio: IFNMG – Campus Salinas / UFV



### **Diversidade genética de cultivares de feijão carioca recomendadas no Brasil nos últimos 40 anos**

MENCALHA, J.<sup>1</sup>; BARILI, L. D.<sup>1</sup>; STECKLING, S. M.<sup>1</sup>; CARNEIRO, V. Q.<sup>2</sup>;  
CARNEIRO, P. C. S.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J. E. S.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Programa de melhoramento do feijoeiro, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Programa de melhoramento do feijoeiro, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Lavras.

<sup>3</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

Dentre os feijões cultivados atualmente no Brasil, destaca-se o de grãos tipo carioca. Dezenas de cultivares foram recomendadas desde a década de 1970, constituindo-se em germoplasma precioso para fins de melhoramento do feijoeiro. Na seleção de genitores, a divergência genética entre os potenciais genitores é informação de fundamental importância. Assim, objetivou-se avaliar a diversidade genética das cultivares de feijão carioca recomendadas no Brasil nos últimos 40 anos. Foram avaliadas 40 cultivares oriundas dos principais programas de melhoramento de feijão do Brasil quanto a 15 caracteres morfoagronômicos. O experimento foi conduzido em Coimbra, MG, na seca de 2013, utilizando o delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foi realizada análise de componentes principais, que em conjunto com o critério de Jolliffe, foi utilizada para verificar a importância dos caracteres no estudo de diversidade. Posteriormente, foram utilizados mapas auto organizáveis de Kohonen para agrupar as cultivares. Nessa análise foram testadas três topologias (3x1, 2x2 e 5x1). Houve efeito de cultivares sobre todos os caracteres avaliados, indicando diversidade genética entre as cultivares. O ciclo, a arquitetura de plantas, o número de vagens por planta, o aspecto de grão e stay-green foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade entre cultivares. Constatou-se que a topologia 3x1 utilizada nos mapas auto organizáveis proporcionou um agrupamento que foi corroborado pelas épocas de recomendação das cultivares. O grupo um foi constituído por cultivares recomendadas de 1970 a 1994. As médias desse grupo para produtividade e aspecto de grãos foram 2633 kg ha<sup>-1</sup> e 3,9, respectivamente. O segundo grupo foi constituído por cultivares recomendadas de 1994 a 2007, com médias para produtividade e aspecto de grãos de 3730 kg ha<sup>-1</sup> e 2,5, respectivamente. O terceiro grupo, constituído por cultivares de 2008 a 2013, foi o que apresentou maiores médias para produtividade (4487 kg ha<sup>-1</sup>) e menores notas para aspecto de grãos (1,9). Esses resultados evidenciam o progresso genético para produtividade e aspecto de grãos no melhoramento do feijão carioca no Brasil.

Apoio: Capes, CNPq, Fapemig



### **Diversidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de Macaúba (*Acrocomia aculeata*)**

SILVA, A. P.<sup>1</sup>; MARQUES JUNIOR, E.<sup>2</sup>; KUKI, N. K.<sup>1</sup>; MOTOIKE, Y. S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Pós-colheita da macaúba, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A identificação e o conhecimento da diversidade genética são fatores primordiais em programas de melhoramento, pois permitem direcionar cruzamentos entre genótipos mais divergentes, e estabelecer melhores estratégias de seleção. Análises mais acuradas da diversidade podem ser realizadas ao se conhecer os caracteres que mais contribuem na discriminação dos acessos, além de evitar a mensuração de caracteres pouco informativos, reduzindo custos do programa. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética de 170 genótipos de macaúba e avaliar a importância relativa de caracteres na determinação da diversidade. As análises envolveram características físicas dos frutos e teor de óleo, totalizando 12 caracteres. Os frutos analisados são provenientes de plantas que foram coletadas em expedição à maciços nativos no estado de Minas Gerais em 2013/2014. No estudo de diversidade genética, foram realizadas análises de agrupamento dos genótipos pelo método de Tocher, tendo-se como medida de dissimilaridade a distância Euclidiana média. Foi realizado o estudo da importância relativa de caracteres pelo método de análise de componentes principais. Os genótipos se agruparam em nove grupos, sendo que os dois maiores alocaram 74,71% e 15,29% dos genótipos, respectivamente. A maior distância observada foi de 0,70, entre os genótipos 162 e 170, e, a menor foi de 0,04, entre 57 e 79. A distância média entre os genótipos foi de 0,24. Os quatro primeiros componentes foram responsáveis por 78,54% da variação total. O DR (diâmetro radial do fruto) foi o caractere que mais contribuiu para a variabilidade, com uma correlação de 95,87% com o CP1, responsável por 46,478% da variação dos dados. O IMP (índice de massa processável) foi o que mais se associou ao componente de menor peso na variação, sendo possível o seu descarte. Existe considerável diversidade genética entre os genótipos de macaúba, e poderá ser explorada em programas de melhoramento da cultura.

Apoio: CNPq/ Fapemig



### **Diversidade genética para caracteres de espiga em populações F<sub>4</sub> de trigo**

CASAGRANDE, C. R.<sup>1</sup>; MEZZOMO, H. C.<sup>1</sup>; OLIVEIRA, T. M. de<sup>1</sup>; BISI, I. C. M.<sup>1</sup>; RIBEIRO, H. de QUEIROZ<sup>1</sup>; NARDINO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Trigo, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A avaliação da diversidade genética em populações segregantes de trigo se mostra uma estratégia importante a ser considerada para a seleção de progênes que irão compor os ensaios preliminares de competição de linhagens, a fim de garantir maior variabilidade genética para a seleção. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética de nove populações segregantes de trigo para caracteres de espiga, totalizando 596 genótipos. Para tanto, nove combinações híbridas foram obtidas entre os genótipos BRS 254 x CD 117, BRS 254 x CD 122, BRS 264 x CD 150, BRS 264 x CD 196, BRS 264 x CD 1034, CD 116 x CD 1104, CD 150 x VI 98053, CD 151 x VI 98053 e IAC 364 x CD 1039. As populações segregantes foram avançadas pelo método da população (*bulk*) até a geração F<sub>4</sub>. Na geração F<sub>4</sub>, somente as plantas mais precoces foram submetidas a seleção. Dessas, as melhores espigas de cada população foram selecionadas fenotipicamente e os caracteres tamanho de espiga, número de grãos por espiga, massa de espiga e massa de grãos por espiga foram determinados em cada espiga. A diversidade genética entre os 596 genótipos de trigo foi avaliada por meio do método de agrupamento de otimização de Tocher com base na matriz de dissimilaridade genética obtida pela distância euclidiana média padronizada, a partir dos caracteres de espiga. Os 596 genótipos foram agrupados em 30 grupos, sendo o maior grupo o 1, constituído por 239 genótipos e os menores grupos constituídos por somente um genótipo, do grupo 22 ao 30. A maior distância foi verificada entre os genótipos 38 e 383, dos cruzamentos BRS 264 x CD 196 e CD 116 x CD 1104, respectivamente, com distância de 0,84, caracterizados como sendo os genótipos mais divergentes. A maior similaridade foi constatada entre os acessos 416 e 454 (0,005), ambos provenientes do cruzamento CD 150 x VI 98053. A contribuição relativa para a diversidade elencou a variável número de grãos por espiga como sendo a mais importante, representando 98,1% da diversidade total. Constata-se alto grau de diversidade genética para caracteres de espiga para os genótipos de trigo provenientes de nove diferentes combinações híbridas.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; COOPADAP



### **Efeito da temperatura na germinação dos grãos de pólen de *Passiflora cristalina* Vanderplank & Zappi**

BRAGA, C. S.<sup>1</sup>; OLIVEIRA, U. A.<sup>2</sup>; RODRIGUES, A. S.<sup>2</sup>; BISPO, R. B.<sup>2</sup>; MARTINS, K. C.<sup>1</sup>; SOUZA, S. A. M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Vegetal, Departamento de Biologia, Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reys Maldonado.

<sup>2</sup>Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

A temperatura tem influência direta sobre o desenvolvimento das plantas sobretudo na fase reprodutiva. Considerando que a germinação *in vitro* é uma análise de fertilidade do pólen e condição preliminar no melhoramento genético vegetal, objetivou-se avaliar o efeito da temperatura sobre a germinação *in vitro* de grãos de pólen de *Passiflora cristalina* Vanderplank & Zappi, identificar o período de antese floral e estimar a viabilidade polínica via teste colorimétrico. O estudo foi realizado no município de Alta Floresta-MT no ano de 2017. Os grãos de pólen foram cultivados em meio de cultura contendo 5% de sacarose em 100mL de água destilada (0,05g/mL) e posteriormente submetidos a diferentes temperaturas (20, 30 e 40°C). A viabilidade polínica foi avaliada do momento da antese a senescência das flores (identificação visual) com o reativo Alexander. Os dados da germinação foram analisados via regressão, e a viabilidade polínica via ANOVA no software Genes. A espécie *P. cristalina* atingiu potencial máximo de germinação quando mantida a temperatura de 20°C (76,90%), e nas temperaturas de 30° e 40°C (71,90% e 17,60%) foi observado redução das porcentagens de germinação. O modelo de regressão linear se ajustou bem aos dados e resultou em um alto coeficiente de determinação ( $R^2 = 0,81$ ). A abertura das flores ocorreu às 4h da manhã e fechamento às 11h caracterizando 8h de antese. Não foi detectado diferenças estatísticas na viabilidade polínica entre os horários de avaliação. A porcentagem média de viabilidade foi de 98,68% ao longo do período analisado. Sendo assim, fica evidente que o aumento da temperatura afeta drasticamente a porcentagem de germinação da espécie, e a compreensão da tolerância do calor pelo grão de pólen é fundamental no padrão climático atual e futuro que é projetado para ser mais quente e oscilante. A viabilidade polínica se manteve alta ao longo das 8h de antese floral, fator esse fundamental para execução de hibridações artificiais.

Apoio: CAPES (Código financeiro 001) e FAPERJ.



### **Efeito do estresse hídrico sobre o ciclo de diferentes genótipos de soja**

MARTINIANO, J. F.<sup>1</sup>, MOURA, L. O.<sup>1</sup>, FERREIRA, J. M. S.<sup>1</sup>, CARVALHO, N. T.<sup>1</sup>  
FERREIRA, D. O.<sup>1</sup>, SILVA, F. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia,  
Universidade Federal de Viçosa

A soja é uma cultura de interesse mundial e um dos commodities mais importantes para a economia brasileira. O déficit hídrico é um dos principais fatores abióticos que limitam a produção da cultura. O objetivo deste trabalho foi verificar a existência de variabilidade genética e interação genótipos x ambientes no ciclo total de cultivares de soja em condições de estresse hídrico e controle. Foram avaliados 94 cultivares de soja em 2 experimentos em casa de vegetação, na Universidade Federal de Viçosa, entre outubro de 2018 e fevereiro de 2019. Cada parcela foi constituída por 1 vaso com 1 planta. Os experimentos foram conduzidos sob regimes de irrigação diferentes: um recebeu irrigações diárias até a capacidade de campo e o outro recebeu irrigações diárias até que fosse atingida 50% da capacidade de campo. O estresse hídrico foi aplicado entre os estágios R3 e R6. O ciclo total (CT) foi mensurado como a contagem do número de dias entre a emergência e a senescência de cada planta. O delineamento adotado foi blocos casualizados, com 3 repetições. Após a obtenção dos dados, foram realizadas as análises de variância individuais e, atendida a pressuposição de homogeneidade dos resíduos, a análise conjunta. Os efeitos dos genótipos e dos ambientes foram considerados aleatórios e fixos, respectivamente. O coeficiente de variação da análise conjunta foi de 3,93%, o que mostra boa precisão experimental. O resultado da análise conjunta indicou a existência de efeito significativo entre genótipos ( $P < 0,01$ ) e da interação GxA ( $P < 0,05$ ), o que indica a existência de variabilidade genética entre os cultivares e de comportamento diferencial destes cultivares sob diferentes regimes de irrigação. No ambiente controle, o valor médio do CT foi 130 dias, com variação de 164 a 124 dias. Já no estresse, o valor médio de CT foi 128 dias, com variação de 164 a 123 dias. A herdabilidade no ambiente controle foi estimada em 0,73, enquanto no ambiente estresse foi 0,44. Assim, conclui-se que existe variabilidade genética entre os cultivares e que o déficit hídrico resulta no comportamento diferencial destas.

Apoio: CNPq; CAPES; FUNARBE



### **Effect of environment on combinatory analysis in biomass sorghum lines for bioenergy generation**

DA SILVA, M.J.<sup>1</sup>; DAMASCENO, C.M.B.<sup>2</sup>; CARNEIRO, J.E.DE S.<sup>3</sup>; PEREIRA, H.D.<sup>1</sup>; SCHAFFERT, R.E.<sup>2</sup>; PARRELLA, R.A. DA C.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

<sup>3</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Biomass sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] is considered a new alternative for the production of bioenergy. In this direction, the main of biomass sorghum breeding programs are to improve the quality and increase the productivity of green biomass. Some mutant genotypes of biomass sorghum, called brown midrib (*bmr*) - with lower lignin content - are favorable to the pre-treatment stage, and are capable of facilitating the disorganization of the lignocellulosic complex. In addition, another characteristic of interest are genotypes of sorghum biomass with sensitivity to photoperiod. Lignocellulosic ethanol is produced from the hydrolysis or breaking of the biomass into simple sugars, which can be used to produce ethanol from the fermentation. The main of this work was to estimate the combining capacity of A and R lines of sorghum biomass, evaluating the effect of environments, aiming to production of second generation ethanol. Four male-sterile lines (A), and 10 fertility restorative lines (R) were used, obtaining 40 hybrids *bmr* and sensitive to the photoperiod. From the F<sub>1</sub> seeds, four experiments were conducted in different environments. The data were submitted to individual diallel analysis, adapted for partial diallel design. Promising lines were identified to breeding lines groups A and R, aiming to obtain new lines breeding to obtain superior hybrids for the production of second generation ethanol. The use of partial diallel analysis is promising for the biomass sorghum breeding program for the production of second generation ethanol. There is genetic variability between the A and R lines that can be explored through the pyramiding of their favorable alleles and multiple crosses should be performed to bring together the favorable alleles for the traits evaluated in new male-sterile and fertility-restoring lines.

Support: Embrapa Milho e Sorgo, CNPq, CAPES, BNDES



### **Estimação de parâmetros genéticos e da diversidade genética em progênies de *Acrocomia aculeata* (macaúba) para seleção de genótipos precoces**

OLIVEIRA, L. A.<sup>1</sup>; MOTOIKE, S. Y.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Pós-colheita de Macaúba, Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Pós-colheita de Macaúba, Departamento Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

*Acrocomia aculeata* é uma palmeira neotropical, arbórea, rústica, de ampla distribuição. No Brasil habita principalmente as regiões do Sudeste e Centro-oeste. Com alta produtividade de óleo apresenta-se como matéria prima promissora para a indústria de biocombustível, além de poder ser empregada nas indústrias alimentícias, oleoquímica e cosmética. A estimação de parâmetros genéticos permite identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, possibilitando a escolha de estratégias de melhoramento mais adequadas. Este trabalho teve como objetivos a estimação de parâmetros genéticos, estimação da diversidade genética e a seleção de indivíduos precoces para produção em um teste de progênie de meios-irmãos instalado na Estação Experimental de Araponga da Universidade Federal de Viçosa, localizado em Araponga-MG. As progênies foram obtidas de matrizes previamente selecionadas entre plantas de dois maciços naturais de *A. aculeata* localizadas nas regiões de Luz - MG e Santa Luzia - MG, com base no índice de massa processável de frutos. Trinta e seis progênies, 16 de Luz - MG e 16 de Santa Luzia - MG foram estabelecidos em 12/06/12 em delineamento em blocos ao acaso com 3 repetições e 3 plantas por parcela. Foram avaliadas as seguintes características morfoagronômicas: altura de planta, diâmetro do estipe, área da copa, altura da 1ª espata emitida, número total de espatas emitidas, número de folhas secas, número de folhas verdes, número total de folhas, entre outras. As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos revelam promissor potencial seletivo da população e variabilidade genética suficiente para o melhoramento genético da *A. aculeata* a curto e ao longo prazo. Os coeficientes de herdabilidade tiveram uma grande variação, de 1% a cerca de 40%. O método de Tocher alocou as progênies em quatro grupos distintos quanto à diversidade genética, sendo a família TP24 a mais divergente em relação às demais. Algumas famílias destacaram-se quanto a precocidade para produção como TP1 e TP6.

Apoio: FAPEMIG, CNPq, Capes



### **Estimativa da viabilidade polínica de *Senna alata* (L.) Roxb. (Fabaceae) por meio de diferentes corantes sintéticos**

SANTOS, B. N. V.<sup>1</sup>; MACEDO, W. A.<sup>2</sup>; FARIAS, C. B. M.<sup>2</sup>; RAMOS, L. P.N.<sup>2</sup>; LEITE, D. M.<sup>2</sup>; KARSBURG, I. V.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética e Citometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Citogenética e Cultura de Tecidos Vegetais, Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias, Universidade do Estado de Mato Grosso.

*Senna alata* (L.) Roxb. (Fabaceae) é uma planta daninha que infesta pastagens cultivadas da região amazônica, perene, arbustiva apresentando crescimento vegetativo extremamente rápido, com tendência à formação de estandes puros. Suas folhas, cascas, raízes e flores são amplamente utilizadas na medicina popular. Pela grande utilização, é necessário realizar estudos sobre a viabilidade polínica da espécie, afim de contribuir para o melhoramento genético e para estudos fitofármacos. Diante disto, este estudo teve por objetivo, estimar a viabilidade polínica de *S. alata* por meio de três diferentes corantes sintéticos, afim de contribuir para possíveis estudos sobre o melhoramento genético da espécie. Para a realização deste estudo foram coletados botões florais em estágio de pré-antese de *S. alata* e retiradas suas anteras para realização das lâminas, foram utilizados os corantes: Reativo de Alexander, Carmim acético 2% e Cloreto de 2,3,5-trifenil tetrazolio (TTC) em duas concentrações (0,075% e 0,30%) que ficaram em contato com os pólenes por 6 horas. Foram confeccionadas 5 lâminas para cada corante e contabilizados 300 grãos de pólen por lâmina. A análise das lâminas foi feita em microscópio óptico a uma magnitude de 400x. Foi observado que o corante reativo de Alexander foi obtido a maior média entre os corantes (96,40%) não se diferenciando estatisticamente do Carmim acético (91,40%), já o TTC 0,075% (74,00%) se diferenciou estatisticamente do reativo de Alexander e do Carmim acético e também do corante TTC 0,30% (36,46%). O TTC cora somente os pólenes que ainda estão tendo respiração celular, então, os testes de viabilidade polínica com o uso de TTC oferecem uma estimativa confiável de viabilidade, pois é bem semelhante àquela fornecida pelos testes de germinação in vitro que são muito usadas como controle. Neste caso esta espécie apresentou alta viabilidade polínica com o uso do TTC 0,075% e viabilidade polínica média com o uso do TTC 0,30%. Conclui-se que por possuir viabilidade polínica média com o uso de TTC 0,30% e viabilidade polínica alta com TTC 0,075%, esta espécie possui boa produtividade de gametas viáveis.

Apoio: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoas de Nível Superior-Brasil (CAPES) – Cod de Financiamento 001



### **Estimativa de ganho genético para conteúdo de óleo, proteína total e de reserva em soja pelo critério de seleção direta e indireta**

SILVA, N.F.F.<sup>1</sup>; LORENZONI, R. M.<sup>2</sup>; SILVA, J. N. B.<sup>1</sup>; AGUIAR, R.<sup>1</sup>; DAL-BIANCO, M.<sup>1</sup>; SOARES, T.C.B.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Genética de Plantas, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal do Espírito Santo

Em programas de melhoramento é interessante conseguir ganhos em diferentes caracteres de interesse simultaneamente, contudo essa tarefa é difícil devido à correlações negativas entre as características. O conhecimento dessas relações permite estabelecer estratégias de melhoramento mais eficazes. Diante do exposto, objetivou-se estimar o ganho de seleção direta e indireta associado à composição do grão de soja utilizando 248 RILs de soja providas do cruzamento entre duas cultivares do programa de melhoramento para qualidade da soja – UFV submetidas a ensaios de campo em blocos casualizados com duas repetições e em dois anos agrícolas consecutivos no município de Capinópolis-MG (ambiente 1: 2017/2018 e ambiente 2: 2018/2019). As características avaliadas foram conteúdos de óleo, proteína de reserva e proteína total. A fenotipagem foi realizada por meio de espectroscopia no infravermelho próximo (NIR) e as análises estatísticas para cálculo do ganho de seleção direta e indireta foram realizadas no Genes. Ao avaliar conteúdo de óleo, o ganho de seleção direta foi de 2.73668 e a seleção indireta para proteína total e proteína de reserva foi de -2.77626 e -1.87177, respectivamente. Para o caráter proteína total, o ganho de seleção direta foi de 2.99314. Para o ganho de seleção indireta de proteína de reserva e óleo foi de 2.39247 e -2.2069, respectivamente. Já para o caráter de proteína de reserva observou que o ganho de seleção direta foi de 1.90723 e para o ganho de seleção indireta de proteína total e óleo foi de 2.2466 e -1.39718, respectivamente. Os resultados negativos obtidos para o ganho de seleção indireta se devem à correlação negativa existente entre as características analisadas. Assim, pode-se inferir que quando há o aumento do conteúdo de óleo há consequentemente uma diminuição no teor de proteína total e de reserva. Contudo, ao selecionar para proteína, por ganho indireto é possível obter ganhos para conteúdo de proteína de reserva. Essa característica demonstra a dificuldade de realizar programas de melhoramento em que se objetivam aumento concomitante de óleo e proteínas.

Apoio: Caramuru Alimentos, CAPES, FAPEMIG, CNPq



### **Estimativa de parâmetros genéticos em porta-enxertos de pessegueiro para caracteres agrônômicos**

SANTANA, A. S.<sup>1</sup>; UBERTI, A.<sup>2</sup>; ROMERO, J.<sup>3</sup>; SANTOS, M.V.dos S.<sup>1</sup>;  
CASTAGNERA, L.<sup>1</sup>; GIACOBBO, C. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biotecnologia e Propagação de Plantas, Agronomia, Universidade Federal da Fronteira Sul.

<sup>2</sup>Programa Milho-UFV<sup>®</sup>, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>3</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Tendo em vista a importância e a influência do porta-enxerto de pessegueiro para a longevidade, produtividade e padronização de frutos do pomar, estudos que busquem avaliar o efeito das cultivares porta-enxertos são essenciais. Neste contexto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos em diferentes porta-enxertos do gênero *Prunus*. O experimento foi conduzido no município de Chapecó, estado de Santa Catarina, Brasil. Avaliaram-se 22 genótipos porta-enxerto do gênero *Prunus* enxertados sob a cultivar copa 'BRS-Libra'. Os caracteres avaliados foram produção, sólidos solúveis e diâmetro de fruto nos ciclos produtivos 2017/18 e 2018/19. Os efeitos aleatórios dos modelos foram testados usando o teste da razão de verossimilhança (LRT) considerando a estatística qui-quadrado com um grau de liberdade e p-valor de 0,05. Também foi estimada a herdabilidade no sentido amplo. Todos os procedimentos estatísticos foram realizados através do software Selegen. Para sólidos solúveis e produção de frutos observou-se efeito do genótipo significativo, confirmando a presença de variabilidade genética e a possibilidade de praticar seleção entre os porta-enxertos avaliados. No que tange à interação Genótipo x Ambiente, todos os caracteres avaliados apresentaram significância. Este resultado reforça a importância de pesquisas relacionadas a interação GxA, pois um determinado genótipo medido em ambientes distintos (safra), pode apresentar diferentes resultados. Em média, os diferentes porta-enxertos proporcionaram produção de frutos próximo a 10 Kg planta<sup>-1</sup>. Os frutos apresentaram diâmetro médio de 55 mm e teor de sólidos solúveis equivalente a 9°Brix. Os caracteres sólidos solúveis e diâmetro de fruto apresentaram herdabilidade de média magnitude (0,68 e 0,44, respectivamente) indicando que a variância devido ao ambiente exerce influência média sobre os porta-enxertos. Para produção, observou-se herdabilidade de 0,71, tornando possível a seleção com base no fenótipo do indivíduo, por apresentar herdabilidade de alta magnitude. A estimativa de parâmetros genéticos permite conhecer a estrutura e a variabilidade genética dos genótipos para fins de seleção.

Apoio: CNPq



### **Estimativas de parâmetros genéticos para ciclo de maturação dos frutos em Café Arábica**

MARIZ, B. L.<sup>1</sup>; FEITOSA, F. DE M.<sup>1</sup>; SILVA, A. C. A.<sup>1</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,2</sup>; OLIVEIRA, A. C. B. DE<sup>1,4</sup>; PEREIRA, A. A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Laboratório Biotecnologia do cafeeiro, Bioagro, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup> Embrapa Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

<sup>3</sup> Epamig, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

O ciclo de maturação em café arábica (*Coffea arabica* L.) impacta na produção, pois quanto menor o ciclo, menor é a exposição dos frutos a danos bióticos, abióticos e antecipação da colheita. Devido as dificuldades no melhoramento genético do cafeeiro, é necessário adotar estratégias para aumentar a acurácia de seleção de genótipos superiores, por meio de estimação dos valores genéticos. Dessa forma, objetivou-se estimar parâmetros genéticos quanto ao ciclo de maturação, na safra de 2013, para 21 famílias oriundas dos cruzamentos entre cultivares de *C. arabica* e *C. liberica*, além de duas testemunhas Mundo Novo. O experimento foi conduzido em Três Pontas–MG e a população pertence ao Programa de Melhoramento Genético da Epamig, em parceria com a Embrapa Café, UFV e UFLA. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com seis plantas por parcela e três repetições. A avaliação de ciclo de maturação consistiu em escala de notas, sendo 1 precoce, 2 de média para precoce, 3 média, 4 média para tardia e 5 tardia. As estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas usando o *software* Selegen. A média geral do experimento foi de 2,68, caracterizando as progênies com ciclo de maturação de médio para precoce. A variância genética entre as famílias foi de 0,34 e a variância residual de 0,69. Esta diferença de valores indica que a variância ambiental teve maior influência que a genética. A herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias foi de 0,27. Quanto maior a herdabilidade para as variações fenotípicas maior será a relação com origem genética e menos ambiental. Os coeficientes para variação genética aditiva individual, variação residual e o coeficiente de variação relativa, foram de 21,69%, 21,50% e 1,01, respectivamente. Estes resultados demonstram alta magnitude da variação genética disponível, o que é desejável para seleção. A acurácia da seleção de progênies assumindo sobrevivência completa foi de 0,87, inferindo ótima confiança na avaliação e no valor genético predito. A população tem variação genética para ser explorada no melhoramento genético, uma vez que todos os parâmetros analisados apresentaram valores positivos e diferentes de zero.

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



### **Estratificação ambiental para avaliação de linhagens de soja via GGE Biplot em municípios dos estados do Paraná e Mato Grosso do Sul**

RODRIGUES, F. C.<sup>1</sup>; SILVA, F. C. S.<sup>2</sup>; SILVA, F. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Hidráulica, Departamento de Engenharia Agrícola, Universidade Federal de Viçosa

A soja é a cultura anual mais importante do Brasil. É cultivada de norte a sul do país, o que caracteriza grande variação nas condições de cultivo. Programas de melhoramento genético objetivam, principalmente, o aumento da produtividade, que é uma característica controlada por muitos genes e que sofre grande influência do ambiente. A interação genótipo x ambiente (IGA) pode acarretar dificuldades no processo de seleção de genótipos e pode influenciar no ganho de seleção, o que dificulta o trabalho dos melhoristas. Uma maneira de contornar a influência da IGA é a realização da estratificação ambiental (EA), que visa formar grupos ambientalmente mais homogêneos. Além de diminuir a influência da IGA a EA também otimiza o programa, visto que este possibilita a redução de gastos e maximização do ganho genético. Dado o exposto objetivou-se com este trabalho verificar a formação de EA entre municípios pertencentes aos estados do Paraná (Bela Vista do Paraíso (BV), Cafelândia (CF), Toledo (TL), Palotina (PL), Mamborê (MB) e Rolândia (RL)) e do Mato Grosso do Sul (Maracaju (MJ), Naviraí (NV) e Dourados (DR)). Para tanto, foram utilizados dados de produção de 30 genótipos em quatro safras (2011/12, 2012/13, 2013/14 e 2015/16), sendo os experimentos conduzidos com 3 repetições. Aplicou-se o método de estratificação ambiental GGE Biplot e a partir dos resultados gerados plotou-se uma rede de similaridade. Ao final das análises foram observadas a formação de dois EA. O estrato ambiental 1 (EA1) é composto pelos municípios de CF, PL, MB e MJ. O estrato ambiental 2 (EA2) é composto pelos municípios de MJ, NV e DR. Municípios que participam de um mesmo estrato são ambientalmente semelhantes e são considerados redundantes podendo ser excluídos ou substituídos. Maracaju representa uma interseção entre os estratos, deste modo este município pode representar os demais. Os municípios de BV, TL e RL não pertencem a um estrato, sendo estes ambientalmente distintos. Conclui-se que esta região pode ser representada pelos municípios de MJ, BL, TL e RL. Deste modo, o programa de melhoramento será otimizado e maiores ganhos serão obtidos.

Apoio: Capes



### **Estratificação de ambientes na cultura da soja para avaliação de características bioquímicas e de produtividade na região Norte do estado do Paraná**

CAMARGO, L. D.<sup>1</sup>; LARA, L. M. <sup>1</sup>, MURANINI, M.O.B.<sup>1</sup>, SILVA, L. C. <sup>1</sup>, SANTOS, R. F.<sup>2</sup>, ROCHA, M.G.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Análises de Sementes, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá.

A maior fonte de óleos e proteínas vegetais mundialmente utilizada na alimentação humana e animal é advinda da soja, e essas características são responsáveis por determinar o valor comercial dessa cultura. A composição associada aos teores de proteína e óleo são em média de 40,3% e 21,0% respectivamente, e as variações estão associadas principalmente aos fatores genéticos e, também as mudanças ambientais, principalmente na fase de enchimento de grãos. Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi estratificar ambientes da região Norte do estado do Paraná quanto a características bioquímicas e à produtividade na cultura da soja. Para isso, foram utilizadas doze cultivares recomendadas para a região em estudo, com quatro repetições em delineamento de blocos casualizados na safra 2017/18. As análises foram realizadas no laboratório de sementes da Universidade Estadual de Maringá e as variáveis avaliadas foram: Teor de óleo, Teor de proteína e Produtividade. Foram utilizados quatro ambientes para avaliação dos ensaios, sendo eles: Apucarana (1); Maringá (2); Cambé (3) e Floresta (4), todos localizados na região Norte do estado do Paraná. Na análise de variância conjunta foi observado diferença significativa para o teor de óleo e o teor de proteína entre as cultivares e os ambientes, além disso, também foi observado interação significativa entre os dois fatores (Cultivar x Ambiente). Entretanto, para produtividade foi constatada diferença apenas entre os ambientes. Na estratificação os locais foram considerados semelhantes para as variáveis teor de óleo e produtividade, o que torna possível a escolha de apenas um dos ambientes para avaliação dessas variáveis. Para o teor de proteína foi contatado um agrupamento diferenciado, onde os ambientes 1 e 4 e os ambientes 2 e 4 não diferiram, e o ambiente 3 foi alojado em outro grupo, diferindo dos demais. Assim, concluímos que, para avaliar as três variáveis utilizadas no presente trabalho apenas os ambientes 4 e 3 são necessários, promovendo economia de recursos nas próximas avaliações.

Apoio: CNPq, Capes.



### **Estudo do índice meiótico de *Catasetum osculatum* K. G. Lacerda & V. P. Castro e *Oncidium baueri* Lindley (Orchidaceae)**

SANTOS, B. N. V.<sup>1</sup>; FARIAS, C. B. M.<sup>2</sup>; RAMOS, L. P. N.<sup>2</sup>; MACEDO, W. de A.<sup>2</sup>;  
LEITE, D. M.<sup>2</sup>; KARSBURG, I. V.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética e Citometria, Departamento de Biologia Geral,  
Universidade Federal de Viçosa

<sup>2</sup>Laboratório de Citogenética e Cultura de Tecidos Vegetais, Faculdade de Ciências  
Biológicas e Agrárias, Universidade do Estado de Mato Grosso

*Catasetum osculatum* K.G. Lacerda & V.P. Castro e *Oncidium baueri* Lindley (Orchidaceae) pertence à família das orquídeas (Orchidaceae). O gênero *Catasetum* é encontrado do México ao norte da Argentina, com grande número de espécies na Amazônia. *Catasetum* pode ser reconhecido dentre os gêneros desta tribo por possuir flores masculinas com coluna espessa e semi roliça, com antenas abaixo do estigma, com função de expelir o polinário à distância quando tocadas. As orquídeas *Oncidium* são encontradas desde o México até a região sul da América do Sul. Essa espécie também é muito bem vista por possuir cores vibrantes. O trabalho objetivou-se em estudar o comportamento meiótico das células de *Catasetum osculatum* e *Oncidium baueri*. Para o estudo foi utilizado duas espécies (*C. osculatum* e *O. baueri*). Para a estimativa do índice meiótico (IM), coletou-se botões florais no estágio de pré-antese. Para preparação das lâminas, os botões foram cortados transversalmente com um bisturi, em seguida retirou-se as anteras, macerando-as com bastão de vidro com uma gota de 0,5 mL deorceina acética 2%. Após esse processo o material foi coberto com uma lamínula e observado em microscópio óptico em objetiva de 40x, por meio do método de varredura, contabilizando 300 células e 10 lâminas, totalizando 3.000 células avaliadas para cada espécie. Após a contagem das células de *C. osculatum* e *O. baueri*, foi realizando análise ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott-Nott. Diante deste estudo apurou-se resultados que foram considerados satisfatórios, analisando as células de *C. osculatum* nas fases: monôde (92.43%), díade (6.73%), tríade (2.43%), tétrade (4.70%) e epolíade com (0.03%). Como também para a *O. baueri* observou-se células em fase: monôde (3.500%), díade (0.36%), tríade (39.70%), tétrade (50.06%) e epolíade com (0.00%). Com este estudo pode-se concluir que, para as duas espécies estudadas houve resultados médios nas células em tétrade (50.06%) para a *O. baueri*. Já para *C. osculatum* (4.70%), apurou-se irregularidades meióticas, estas que podem comprometer a fertilidade da espécie, resultando na baixa quantidade de formação de cápsulas com sementes viáveis.

Apoio: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) Código de Financiamento 001 e Laboratório de Citogenética e Cultura de Tecidos Vegetais - Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Campus de Alta Floresta - MT.



### **Exportação de nutrientes para a vagem em genótipos de soja em situação de deficit hídrico**

EVANGELISTA, P. S.<sup>1</sup>; MOURA, L. O.<sup>1</sup>; NOGUEIRA, H. S.<sup>1</sup>; PAIXÃO, D. F.<sup>1</sup>;  
CÔRTEZ, A. M.<sup>1</sup>; SILVA, F.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento Genético de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O estágio reprodutivo é um dos períodos em que o deficit hídrico é mais crítico na cultura da soja [*Glycine max* (L.) Merrill], podendo ocorrer diversos danos, como um desequilíbrio na exportação dos nutrientes para a vagem e grãos. Com o objetivo de avaliar a diferença de exportação de nutrientes para as vagens em genótipos de soja em condição de deficit hídrico, foi conduzido um experimento em casa de vegetação. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três blocos, em esquema fatorial 6 x 2. Sendo, seis genótipos de soja e dois sistemas de irrigação: deficit hídrico (irrigação mantida a 50% da capacidade de campo) e controle (próximo à capacidade de campo). Foram avaliadas 17 características em vagens secas, colhidas após a maturação, sendo elas: Matéria Seca (MS); Fibra Detergente Ácido (FDA); Fibra em Detergente Neutro (FDN); Lignina (LIG); Celulose (CEL); Hemicelulose (HEM); Nitrogênio (N); Fósforo (P); Potássio (K); Cálcio (Ca); Magnésio (Mg); Enxofre (S); Zinco (Zn); Ferro (Fe); Manganês (Mn); Cobre (Cu), e Boro (B) nas duas condições de irrigação. Foi realizada análise de variância (ANOVA) e teste de média com os dados obtidos. A interação “genótipo x sistema de irrigação” foi estatisticamente significativa pelo teste F, com 5% de significância para as variáveis MS e Ca. As médias foram testadas pelo teste Scott-Knott. Para a MS, o genótipo 2 apresentou uma média menor de exportação sob deficit hídrico, e no tratamento controle a média da exportação foi igual entre todos os genótipos. No sistema com deficit hídrico, os genótipos 1,5,4 e 6 apresentaram uma elevada média de exportação de MS, e o 3 e 2 uma média menor de exportação. Para a variável Ca, os genótipos 1,2,4,5 e 6 apresentaram médias maiores no controle em comparação ao deficit hídrico. Sob deficit hídrico, os genótipos 3,6 e 4 expressaram maior média de exportação de Ca e os genótipos 5,2 e 1 as menores médias de Ca na vagem. Concluiu-se estatisticamente que o sistema de irrigação com deficit hídrico afeta a exportação de MS e Ca nos diferentes genótipos. Para MS a média é maior no deficit hídrico e para o Ca o tratamento controle possui um maior valor médio.

Apoio: GDMSseeds, FAPEMIG, CAPES e CNPq pelo apoio financeiro.



### **Forma da vagem e do grão de genótipos de soja submetidos ao déficit hídrico**

CAMARGO, L. D.<sup>1</sup>; MOURA, L.<sup>1</sup>, LARA, L.M.<sup>1</sup>, RODRIGUES, F.C.<sup>1</sup>, PRIMO, R.A.S.<sup>1</sup>,  
SILVA, F.L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia,  
Universidade Federal de Viçosa

Com o advento das mudanças climáticas, diversos fatores que antes não eram limitantes para a produção hoje acabam por ser, dentre eles um dos mais importantes é o estresse hídrico. A água é a substância essencial aos nossos cultivos, e seu déficit prejudica e até impossibilita o plantio em diversas áreas. Esse estresse abiótico pode causar modificações na estrutura das plantas, bem como na formação dos frutos e das sementes. Nesse sentido, o objetivo desse trabalho foi identificar diferença entre genótipos de soja quanto a forma da vagem e do grão quando submetidos ao estresse causado por déficit hídrico. Foram analisados noventa e quatro genótipos avaliados em três repetições e delineamento em blocos casualizados de janeiro a maio de 2018. As análises foram realizadas do laboratório de genética e melhoramento de soja da Universidade Federal de Viçosa. As variáveis avaliadas foram: comprimento, largura e espessura de vagem, e volume de grãos, ambas feitas em vagens de três grãos. Os genótipos foram submetidos a irrigação em 50% da capacidade de campo (estresse hídrico), enquanto o controle ficou próximo da mesma. Na análise de variância fatorial (Genótipo x Irrigação), as variáveis comprimento de vagem e volume de grãos apresentaram diferença entre os genótipos e a irrigação utilizada, mas quando avaliada a interação entre os dois fatores não houve significância. Já para as variáveis largura e espessura de vagem foram encontradas diferenças significativas entre os genótipos e a interação (Genótipo x Irrigação), mas entre o controle e o estresse hídrico apenas não foi observada diferença estatística. Esses resultados implicam que há um comportamento diferenciado dos genótipos quando expostos ao estresse hídrico, uma vez que para a largura da vagem foi observada mudança no comportamento do genótipo com a irrigação de 12% dos utilizados, e para espessura da vagem foi observada essa alteração em 7,5% dos genótipos. Sendo assim, a exposição dos genótipos ao estresse hídrico altera características de forma da vagem.

Apoio: CNPq, Capes.



### **Germinação de sementes de diferentes gerações de autofecundação em maracujazeiro azedo**

MARQUES JUNIOR, E<sup>1</sup>.; SERAFINI, G. A. D<sup>1</sup>.; OLIVEIRA, A. B<sup>1</sup>.; MOSCHEN JUNIOR, C. J<sup>1</sup>.; Dos SANTOS, R. C.<sup>1</sup>; Dos SANTOS, C. E. M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento de Fruteiras, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O *Passiflora edulis* Sims, popularmente conhecido como maracujazeiro azedo, é uma fruteira tropical que encontra no Brasil condições ideais de desenvolvimento. O melhoramento é tido como o maior responsável pela expansão dos cultivos no país. O *P. edulis* é uma planta alógama por excelência, devido ao fenômeno da autoincompatibilidade que limita a autofecundação natural na espécie. Técnicas para autofecundação já foram desenvolvidas e são importantes, por permitir a fixação de alelos de interesse e explorar efeitos heteróticos na produção de híbridos. A autofecundação em plantas alógamas, tende a reduzir o vigor e o desenvolvimento da planta, sendo necessários estudos que visam entender os efeitos de depressão endogâmica em autofecundações. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da endogamia na germinação de sementes de maracujazeiro em três gerações de autofecundação. Foram semeadas sementes de maracujazeiro azedo em S0 (híbridas e de meios irmãos), sementes em S1, S3 e S4. As sementes híbridas foram obtidas por meio de cruzamento controlado e a progênie de meios irmãos obtida por polinização natural. As sementes endogâmicas foram obtidas a partir da autofecundação artificial do genitor UFV-M7. A autofecundação foi realizada a partir da proteção da flor no período da manhã e emasculando no início do período da tarde, com a realização da polinização, em seguida, com próprio pólen. As sementes foram mantidas em geladeira por dois meses, e então procedeu o semeio em bandejas plásticas contendo areia, em casa de vegetação. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com 4 repetições por tratamento e 20 sementes por repetição. Aos sete e 14 dias após o semeio foi realizada a contagem do número de plantas germinadas. Não foi verificada diferença significativa na porcentagem de plantas germinadas entre as progênies estudadas. Diferença na porcentagem de germinação entre sementes endogâmica e sementes S0 de maracujazeiro azedo foi observada em trabalhos anteriores. Estas diferenças podem estar relacionadas ao efeito do tempo de armazenamento, que pode levar essas sementes a perder viabilidade mais rapidamente que as outras.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG



### **Germinação de sementes de genótipos de soja submetidos ao déficit hídrico**

EVANGELISTA, P. S.<sup>1</sup>; GATELLI, P.<sup>2</sup>; SILVA, M. F.<sup>1</sup>; MOURA, L. O.<sup>1</sup>;  
DUARTE, A. B.<sup>1</sup>; SILVA, F. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento Genético de Soja, Departamento de Fitotecnia,  
Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>PUC, Toledo- PR.

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma planta que possui alta demanda hídrica. Casos de veranico tem sido frequentes no Brasil, e quando ocorrem no período reprodutivo da cultura, podem afetar a qualidade das sementes. Atualmente, programas de melhoramento genético da soja tem realizado várias pesquisas relacionadas a identificação e quantificação dos danos causados pelo deficit hídrico, com a finalidade de desenvolver variedades de soja tolerantes a este tipo de estresse. Portanto, o objetivo do trabalho foi identificar a influencia do deficit hídrico durante o período reprodutivo de genótipos de soja, sobre a porcentagem de germinação das sementes destas plantas. O experimento foi realizado em casa de vegetação do Departamento de Fitotecnia da UFV. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três blocos, em esquema fatorial 20 x 2. Sendo 20 genótipos de soja e dois sistemas de irrigação: controle (solo mantido próximo à capacidade de campo) e deficit hídrico (mantido a 50% da capacidade de campo). Foi avaliada a porcentagem de germinação das sementes obtidas nas duas condições de irrigação. Foi feito uma análise de variância (ANOVA) com os dados de germinação, em que a interação “genótipo x sistema de irrigação” foi estatisticamente significativa pelo teste F, com 5% de significância. As médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott. Os genótipos 3,5,11,19 e 20 apresentaram média de germinação do tratamento controle maior do que as do tratamento sob deficit hídrico. A média de germinação foi igual entre os genótipos submetidos à irrigação e o controle. Sob deficit hídrico, os genótipos 4,15,2,7,18,13,17,6,9,10,12,1,8,16,14 e 5 apresentaram maiores médias de germinação, os genótipos 3,19 e 2 tiveram valor de germinação intermediária e o genótipo 11 apresentou a menor porcentagem de germinação. Conclui-se que as plantas submetidas ao deficit hídrico têm a porcentagem de germinação das suas sementes diminuída.

Apoio: GDM Seeds, CAPES, FAPEMIG e CNPq.



### **Herdabilidade dos conteúdos de óleo, proteína total e de reserva em populações de RILs em soja [*Glycine max* (L.) Merrill]**

COSTA, B. J. C.<sup>1</sup>; LORENZONI, R. M.<sup>2</sup>; BERNARDELI, A. M. A.<sup>1</sup>; SILVA, J. N. B.<sup>1</sup>; DAL-BIANCO, M.<sup>1</sup>; SOARES, T.C.B.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Bioquímica Genética de Plantas, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal do Espírito Santo

A maioria das características agrônômicas são governadas por muitos genes. Para acessar o controle genético deve-se levar em conta a herdabilidade ( $h^2$ ) dos mesmos, pois as estimativas de  $h^2$  permitem inferir o grau de correspondência entre o fenótipo e o valor genético. Quanto maior for a herdabilidade de determinado gene, maior será a capacidade preditiva de selecionar os melhores indivíduos para os caracteres de interesse nos programas de melhoramento, pois maiores valores de  $h^2$  demonstram que o gene é menos influenciado por características ambientais. Objetivou-se com este estudo estimar a  $h^2$  para os conteúdos de óleo, proteína total e proteínas de reserva em 248 RILs de soja submetidas a ensaios de campo em blocos casualizados com duas repetições e em dois anos agrícolas consecutivos em Capinópolis-MG (ambiente 1: 2017/2018 e ambiente 2: 2018/2019). A fenotipagem foi realizada por espectroscopia NIR utilizando 20g de soja moída e então obtidos os valores em triplicata da porcentagem em base seca dos conteúdos de óleo, proteína total e proteína de reserva. Os resultados referentes a óleo demonstraram alta herdabilidade, sendo 0,8365 o valor obtido no ambiente 1 e 0,8345 no ambiente 2. Assim como para óleo, a  $h^2$  para o conteúdo de proteína total também foram altos,  $h^2=0.7865$  no ambiente 1 e  $h^2=0.7958$  em 2. Entretanto ao observar os resultados das análises para a proteína de reserva é verificado maior variação entre os valores ao avaliar os dois ambientes. Sendo encontrados valores baixos a medianos,  $h^2=0.3206$  para ambiente 1 e  $h^2=0.5592$  no ambiente 2. Portanto, os conteúdos de óleo e proteína total são menos influenciados pelo ambiente do que o conteúdo de proteína de reserva. Isso demonstra que o teor de proteínas de reserva é mais facilmente modificado por condições ambientais, o que dificulta a seleção de genótipos superiores para este caractere.

Apoio: Caramuru Alimentos, CAPES, FAPEMIG, CNPq



### **Herdabilidade para caracteres agronômicos em linhagens de amendoim forrageiro oriundas da cv. BRS Mandobi**

LIMA, G. W.<sup>1</sup>; CORDEIRO, J. M. V.<sup>1</sup>; ASSIS, G. M. L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Biológicas e da Natureza, Universidade Federal do Acre.

<sup>2</sup>Embrapa Acre, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

A pecuária brasileira é caracterizada, predominantemente, pelo sistema de criação a pasto, o que torna a atividade economicamente viável e vantajosa quando comparada a países que têm como base o sistema de confinamento. Com o intuito de promover a melhoria da dieta animal e da longevidade da pastagem, o uso de pastos consorciados com amendoim forrageiro (*Arachis pintoii*) é uma excelente alternativa, principalmente por esta espécie apresentar características favoráveis à sua persistência sob pastejo. Há demanda por novas cultivares de amendoim forrageiro, que vem sendo desenvolvidas por meio de programa de melhoramento genético na Embrapa Acre. Este trabalho objetivou estimar a herdabilidade média em sentido amplo para caracteres agronômicos avaliados em linhagens de amendoim forrageiro. O experimento foi implantado na Embrapa Acre em dezembro de 2016 e finalizado em maio de 2019, sendo realizados 11 cortes durante este período. Foram avaliadas 15 linhagens, além da cv. BRS Mandobi como testemunha, em blocos casualizados com quatro repetições. As variáveis avaliadas foram altura da planta (ALT, cm), vigor da planta (VIG, notas de 1 a 5), incidência de virose (IV, notas de 0 a 5), produção de matéria seca total (PMST, t.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>) e teor de proteína bruta (PB, % na matéria seca). Foram realizadas análises descritivas e de variância, com foco na estimação das herdabilidades médias no sentido amplo, através do programa GENES. Houve diferença significativa ( $p < 0,01$ ) para ALT, IV, PMST e PB e para vigor ( $p < 0,05$ ), o que indica a existência de variabilidade genética entre as linhagens. As médias obtidas foram: 8,73 cm (ALT); 3,92 (VIG); 1,59 (IV); 5,91 t.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup> (PMST); e 21,72% (PB), com amplitudes de 11,42 cm; 1,37; 1,36; 7,0 t.ha<sup>-1</sup>.ano<sup>-1</sup>; 6,89%, respectivamente. As herdabilidades foram de média a alta magnitudes: 0,49 (VIG), 0,79 (PMST), 0,81 (IV), 0,91 (PB) e 0,95 (ALT). A relação CVg/CVe foi favorável para ALT, IV e PB, com índices superiores a 1,00. Há possibilidade de ganhos com a seleção de linhagens, com destaque para proteína bruta e altura da planta, cujas variabilidades fenotípicas observadas neste estudo são devidas, principalmente, a causas genéticas.

Apoio: CNPq, Tesouro Nacional, Unipasto



### **Heterose de progênies parcialmente endogâmicas de milho-pipoca estimada por *testcrosses***

XAVIER, K. B.<sup>1</sup>; LIMA, V. J.<sup>1</sup>; KANPHORST, S. H.<sup>1</sup>; LAMÊGO, D. L.<sup>1</sup>; SANTOS, P. H. A. D.<sup>1</sup>; AMARAL JÚNIO, A. T.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF

Desenvolver híbridos é importante estratégia para obtenção de rendimentos superiores na cultura do milho-pipoca. Usar *testcross* possibilita avaliar inúmeras linhagens em cruzamentos com testadores, possibilitando eliminar as menos eficientes. A heterose varietal (HV) permite uma visão real do desempenho dos genótipos, comparando-os com cultivares de alto desempenho. Assim, objetivou-se estimar HV de caracteres agrônômicos de interesse para a cultura. Para tanto, utilizaram-se híbridos dos cruzamentos de 43 progênies S<sub>3</sub> da cultivar UENF-14, com os testadores BRS Angela, IAC-125, P2 e UENF-14. Avaliaram-se: rendimento de grãos (RG – Kg ha<sup>-1</sup>), capacidade de expansão (CE – mL.g<sup>-1</sup>) e volume de pipoca expandida por hectare (VP – m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>). Estimou-se HV baseada na média da testemunha L70XP8, híbrido simples do Programa de Melhoramento de Milho-pipoca da UENF, recomendado para as regiões Norte e Noroeste do Estado do Rio de Janeiro. A média geral dos híbridos para RG, CE e VP foram, respectivamente, 2.162,71 Kg ha<sup>-1</sup>, 29,96 mL.g<sup>-1</sup> e 65,40 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup> e a média da testemunha 2.325,7 Kg ha<sup>-1</sup>, 34,00 mL.g<sup>-1</sup> e 81,08 m<sup>3</sup>.ha<sup>-1</sup>. Para RG, observou-se estimativas promissoras de HV. Proveniente do testador BRS Angela, 33 híbridos se destacaram com percentuais da HV superiores à testemunha, sendo o melhor o BRS Angela vs Progênie S<sub>3</sub> 8. Para os testadores IAC125, P2 e UENF14 apenas 20, 28 e 23 combinações, respectivamente, superaram a HV da testemunha, sendo as melhores: IAC-125 vs Progênie S<sub>3</sub> 17, P2 vs Progênie S<sub>3</sub> 9 e UENF-14 vs Progênie S<sub>3</sub> 14. Isto ressalta baixa complementariedade do testador IAC-125 com as progênies S<sub>3</sub> para RG. Para CE, os testadores IAC-125 e UENF 14 apresentaram mais híbridos com HV positiva, 15 e 14, respectivamente, destacando-se: IAC-125 vs Progênie S<sub>3</sub> 16 e UENF-14 vs Progênie S<sub>3</sub> 5. O testador BRS Angela forneceu 8 híbridos com HV positiva, destacando-se BRS Angela vs Progênie S<sub>3</sub> 24. Os Testadores BRS Angela e P2 mostraram-se mais eficientes na discriminação das progênies S<sub>3</sub> para VP. Diante dos resultados, destaca-se o híbrido BRS Angela vs progênie S<sub>3</sub> 10, que se destacou para as condições do norte do Estado do Rio de Janeiro, para as três características.

Apoio: UENF, FAPERJ, CNPQ e CAPES.



### **Identificação de genótipos de abóbora (*Cucurbita moschata* D.) de alto potencial produtivo com auxílio de modelos mistos**

GOMES, R.S.<sup>1</sup>; LANA, M.G.<sup>1</sup>; MACHADO JÚNIOR, R.<sup>1</sup>; DE ALMEIDA, C. F.<sup>1</sup>; DA SILVA D.J.H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Manejo de Recursos Genéticos, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A abóbora (*Cucurbita moschata* D.) é uma hortaliça de elevada importância socioeconômica, sobretudo em função do elevado valor biológico de seus frutos e do óleo de suas sementes. Associado a isto, esta espécie expressa elevada variabilidade, especialmente no Brasil. O Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH-UFV), mantém uma das maiores coleções de germoplasma de *C.moschata* do País. Diante disto, a adoção de estratégias como a aplicação de modelos mistos nas análises relacionadas à caracterização de germoplasma é uma alternativa promissora para otimização desta etapa. Este trabalho teve o objetivo de identificar genótipos com alto potencial produtivo de frutos, sementes e óleo de sementes em germoplasma de *C. moschata* com o auxílio de modelos mistos. A avaliação do germoplasma foi realizada na Unidade Experimental “Horta Velha”, no período entre janeiro e abril de 2016. Ao realizar o ranqueamento dos valores genotípicos e das novas médias preditas, foi possível selecionar 15% dos acessos mais promissores. Para a característica produtividade de frutos, os acessos selecionados expressaram médias superiores à dos acessos (12,95 t ha<sup>-1</sup>) e à média das testemunhas (11,85 t ha<sup>-1</sup>). As novas média preditas para esta característica entre os acessos selecionados variaram entre 15,49 a 29,27 t ha<sup>-1</sup>. Para a característica produtividade de sementes, os acessos selecionados expressaram médias bem superiores à média geral dos acessos (0,27 t ha<sup>-1</sup>) e das testemunhas (0,24 t ha<sup>-1</sup>). Notavelmente, os acessos BGH-4610A, BGH-5485A e o BGH-6590 foram os mais promissores para a característica. Por fim, para a característica produtividade do óleo de sementes, os acesso selecionados expressaram médias superiores à média geral dos acessos (0,11 t ha<sup>-1</sup>) e à média das testemunhas (0,04 t ha<sup>-1</sup>). Notavelmente, os acessos BGH-5485A, BGH-4610A e o BGH-5472A foram os mais promissores para esta característica. Conclui-se que os acessos de *C. moschata* possuem elevado potencial produtivo para a produção de frutos, de sementes e óleo de sementes, constituindo genitores promissores para os programas visando o melhoramentos destas características.

Apoio: Capes, CNPq e Fapemig



### **Identificação de municípios ambientalmente discrepantes via GGE Biplot em análises com diferentes números de safras**

RODRIGUES, F. C.<sup>1</sup>; SILVA, F. C. S.<sup>2</sup>; SILVA, F. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Hidráulica, Departamento de Engenharia Agrícola, Universidade Federal de Viçosa.

No Brasil, a soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é cultivada em várias regiões do país, o que confere grandes diferenças nas condições de cultivo desta leguminosa. Estudos vem sendo realizados para que os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) sejam implantados em ambientes representativos da região alvo de cultivo. Para tanto, o método GGE Biplot vem sendo amplamente utilizado. Este é um método que leva em consideração a interação entre o genótipo e o ambiente (IGA) e agrupa os ambientes em estratos ambientais (EA) de acordo com a homogeneidade ambiental entre estes. Este método preconiza o uso de no mínimo três safras para que as informações geradas sejam conclusivas. No entanto, estudar as safras de forma individual e/ou em duplas pode ser útil, visto que estas análises podem relevar padrões e gerar hipóteses. Deste modo, objetivou-se com este estudo verificar se há um padrão na identificação de municípios ambientalmente diferentes analisando-se uma safra, duas safras, três safras e quatro safras simultaneamente. Foram utilizados dados de produção de 30 genótipos cultivados nas safras de 2011/12, 2012/13, 2013/14 e 2015/16. Analisando-se as safras individualmente os municípios que se demonstraram ambientalmente distintos dos demais foram: Bela Vista do Paraíso (BV) e Toledo (TL). Posteriormente, nas análises realizadas com as safras combinadas em duplas, os municípios de BV e TL também foram ambientalmente diferentes. Já nas análises realizadas com as safras agrupadas em trio, apenas em uma das análises (2011/12, 2012/13 e 2015/16) TL não foi diferente das demais. Na análise realizada com as quatro safras em conjunto, BV e TL também aparecem separados dos demais municípios, o que demonstra que estes são ambientalmente discrepantes e importantes para a implantação dos ensaios de VCUs nesta região. Conclui-se que, apesar de as análises individuais e em duplas não serem estatisticamente conclusivas, para este conjunto de dados, estas revelaram padrões de comportamento dos ambientes e podem ser muito úteis em programas de melhoramento que visem a estratificação ambiental.

Apoio: Capes



### **Incidência de *Aspergillus* spp., *Fusarium* spp. e *Penicillium* spp. em grãos de milho**

SILVA, K.J.<sup>1</sup>; GUIMARÃES, L.J.M.<sup>2</sup>; TRINDADE, R.S.<sup>2</sup>; SILVA, D.D.<sup>2</sup>;  
QUEIROZ, V.A.V.<sup>2</sup>; GUIMARÃES, P.E.O.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil.

No Brasil a produção de grãos de milho está em torno de 76,2 milhões de toneladas. Entretanto, apesar do grande volume deste cereal produzido no país, entre os principais problemas relacionados a esta cultura a baixa qualidade de grãos devido a diversos contaminantes como fungos e pragas de grãos armazenados. Neste trabalho, objetivou-se avaliar a contaminação por fungos fitopatogênicos na incidência de grãos ardidos em milho associados às podridões de espiga. Foram avaliados 60 híbridos em fase de desenvolvimento e 4 híbridos comerciais, como testemunhas. O experimento foi conduzido em látice simples 8 x 8 com 2 repetições, com parcelas de 4 m x 0,8 m, em Sete Lagoas, MG. Foram considerados como ardidos os grãos que apresentarem pelo menos um quarto da superfície com descolorações, variando de marrom-claro a roxo ou vermelho intenso. A identificação dos fungos associados aos grãos ardidos foi realizada de 15 dias após a incubação, sob microscópio estereoscópico e microscópio ótico. Os resultados revelaram efeitos significativos ( $p < 0,05$ ) para efeitos de híbridos para porcentagem de grãos ardidos e porcentagem de grãos ardidos com presença de fungos do gênero *Fusarium* spp., com média de 42,9% e 53,51%, respectivamente. Os efeitos para a presença de *Penicillium* spp. e *Aspergillus* spp. foram não significativos, cujas médias foram 1,45% e 0,54%, respectivamente. O *Fusarium* spp. foi o principal gênero encontrado nos grãos ardidos. Apesar da baixa contaminação por *Aspergillus* spp. e *Penicillium* spp. no campo, esses gêneros são considerados fungos que possuem capacidade de colonizar substratos com baixo teor de umidade. A capacidade de colonização e dispersão desses patógenos é alta e mesmo estando em baixa incidência, sua importância pode aumentar em condições de armazenamento inadequadas, com a qualidade dos grãos alterada por quebra e danos por insetos. Desta forma, novos estudos são necessários para verificar a influência da incidência de fungos presentes simultaneamente nas espigas, quanto à incidência de grãos ardidos.

Apoio: CNPq e Capes

## **Incidência de fumonisinas em híbridos de milho**

SILVA, K.J.<sup>1</sup>; GUIMARÃES, L.J.M.<sup>2</sup>; TRINDADE, R.S.<sup>2</sup>; SILVA, D.S.<sup>2</sup>;  
QUEIROZ, V.A.V.<sup>2</sup>; GUIMARÃES, P.E.O.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Viçosa, MG, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil.

O milho é um cereal de grande importância para a alimentação humana e animal. Espécies do gênero *Fusarium* spp. são frequentemente associadas a esse cereal, sendo o *Fusarium verticillioides*, o principal responsável pela produção de micotoxinas do grupo das fumonisinas em regiões de clima tropical. O trabalho teve como objetivo avaliar a incidência de fumonisinas totais em grãos de milho armazenados. Foram avaliados 60 híbridos em fase de desenvolvimento e 04 híbridos comerciais, como testemunhas. O experimento foi conduzido em látice simples 8 x 8 com 2 repetições, com parcelas de 4 m x 0,8 m, em Sete Lagoas, MG. Para detecção de fumonisinas seguiu-se o método por purificação em colunas de imunoafinidades FumoniTest, e os teores foram determinados em fluorímetro. Os resultados revelaram efeitos significativos ( $p < 0,01$ ) para efeitos de híbridos para fumonisinas. Foram detectadas fumonisinas em todas as amostras analisadas, com níveis variando de 120 a 7.000  $\mu\text{g kg}^{-1}$  com contaminação média de 3.036,80  $\mu\text{g kg}^{-1}$ . De acordo com Agência Nacional de Vigilância Sanitária, o limite dessas micotoxinas para consumo humano é de 5.000  $\mu\text{g kg}^{-1}$ , dessa forma, a ingestão de grãos contaminados com níveis acima deste pode causar riscos à saúde. Apesar da maior parte dos híbridos apresentarem teores abaixo do recomendado pela legislação brasileira vigente, 18,75% das amostras estavam acima do limite estabelecido, para consumo humano. Por esta razão é de grande importância a continuidade de estudos nessa área, para a obtenção de genótipos resistentes a produção de fumonisinas, visto ser essa micotoxina altamente tóxica e o milho, um cereal muito utilizado na alimentação humana e animal.

Apoio: CNPq e Capes



### **Influência dos genes dominantes na herdabilidade da tolerância ao alumínio em caracteres de raiz de milho-pipoca**

RIBEIRO, M. P.<sup>1</sup>; VIANA, J. M. S.<sup>1</sup>; ALMEIDA, V. C.<sup>1</sup>; RIBEIRO, A. F. S.<sup>1</sup>; RISSO, L. A.<sup>1</sup>; PEREIRA, H. D.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

Em solos ácidos, o efeito nocivo do alumínio (Al) reduz o crescimento radicular de plantas sensíveis, constituindo um fator limitante à produtividade das culturas. O objetivo do estudo foi avaliar o comportamento de genes de dominância para herança da tolerância ao Al por meio da caracterização radicular. Para isto, foi realizado um dialelo com oito linhagens advindas do Programa de Melhoramento Genético de Milho-Pipoca da UFV, sendo uma sensível, uma tolerante e seis intermediárias. Estas as linhagens e seus híbridos F1 foram avaliadas em conjunto com duas testemunhas tolerantes ao alumínio, em delineamento inteiramente casualizado, contendo duas repetições. As sementes foram preparadas e levadas à câmara de germinação em papel germitest por sete dias. Ao final deste período, as plântulas foram transferidas para uma casa de vegetação, onde foram fotografadas, para mensurar o comprimento inicial, e alocadas em um recipiente contendo oito litros de solução nutritiva por um período de sete dias. Após 24 horas, período de aclimação das plântulas, foi adicionado alumínio na solução nutritiva para indução do estresse. A aeração da solução se dava por meio de ar comprimido e a temperatura da casa de vegetação ficou controlada em 24 °C. Ao final dos setes dias sob estresse, as raízes das plântulas foram coletadas e levadas ao laboratório onde foram escaneadas para mensuração do comprimento final. A caracterização da tolerância ao Al foi relacionada ao comprimento líquido e relativo das raízes axiais, laterais e ao número de raízes. O coeficiente de determinação variou entre 66 e 92%. A análise de variância indicou efeito de dominância e variabilidade genética para todos os caracteres avaliados. Apenas o crescimento líquido da raiz axial apresentou dominância bidimensional, indicando que esta característica é influenciada por genes recessivos e dominantes favoráveis. A dominância foi negativa para o crescimento relativo total, lateral e axial, ou seja, possuem genes recessivos favoráveis, e positiva para as outras características. Em geral, houve evidência de dominância completa para a maioria dos caracteres.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG



### **Popcorn breeding for drought environments: superior open pollinated varieties selection**

SANTOS, T. O.<sup>1</sup>; BISPO, R. B.<sup>1</sup>; de LIMA, V. J.<sup>1</sup>; de OLIVEIRA, U.A.<sup>1</sup>; LAMÊGO, D. L.<sup>1</sup>; AMARAL JÚNIOR, A.T. do.<sup>1</sup>

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

Water limitation is a common abiotic stress in tropical and subtropical regions. This condition limits the growth and development of agricultural crops, mainly impacting grain yield. Acting through plant breeding is the viable alternative to obtain more tolerant genotypes for stress environments. Thus, this study aimed to select popcorn Open Pollinated Varieties (VPA) from Germplasm Bank of the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) for water stress environments. The experiment was conducted in a randomized complete block design with three replications in two water regimes: water stress (WS) and well-watered (WW). Variance and GT biplot analysis were performed for the following characters: grain yield (GY), popping expansion (PE), number of grains per row (NGR), one hundred grain mass (GM), length of the cob (LC) plant height (PH), dry matter (DM) and relative chlorophyll content (SPAD). Subsequently, the Agronomic Efficiency in Water Use (WUE) was calculated for the main characters of the crop: GY and PE. There is variability among the studied genotypes ( $p < 0.01$ ). The biplot graphs explained 71.3% of the variation observed in the first two main components in the WS environment and 61.6% in WW. In both conditions, genotypes 880POP and BOZM260 stood out as genotypes closest to the ideotype based on the overall performance of their averages for the traits evaluated. The 880POP genotype was the most stable in WS and WW. For the character of WUE for GY the varieties 880POP and PARA172 stood out in both environments. In the WS condition, values of 1,117 and 1,263 kg m<sup>-3</sup> were observed for the index, respectively, while in WW the values for each were 1,276 and 1,214 kg m<sup>-3</sup>. The superior varieties for the CE character were 574POP and 880POP. In WS, the values for each were 28.54 and 31.91 liters per m<sup>-3</sup> of applied water, respectively, while in WW 574POP it was 32.30 and 880POP of 31.53 liters per m<sup>-3</sup>. The 880POP is indicated as promising for conditions of water limitation, due to its stability and efficiency in water use for the two most important traits for the crop, and can also be used to obtain lines for the generation of superior hybrids.

Support: CAPES (Financial Code 001) e FAPERJ.



### **Potencial adaptativo de variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo frente ao estresse biótico**

OLIVEIRA, W. B. S.<sup>1</sup>; COUTO, D. P. C.<sup>1</sup>; OLIVEIRA, J. S.<sup>1</sup>; POSSE, S. P.<sup>2</sup>;  
FERREIRA, M. F. S.<sup>1</sup>; FERREIRA, A.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria Vegetal e Genética e Melhoramento, Departamento de Produção Vegetal, Universidade Federal do Espírito Santo.

<sup>2</sup>INCAPER, Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural.

O milho é uma das espécies mais cultivadas no mundo e está sujeita ao ataque de pragas e doenças, que podem trazer grandes perdas na produção. Neste cenário, as variedades crioulas de milho, possuem alta capacidade de tolerância ao ataque de pragas e doenças e apresentam ampla variabilidade genética, representando grande importância para o melhoramento genético. Por isso, objetivou-se neste estudo, avaliar a incidência da praga lagarta-do-cartucho (*Spodoptera frugiperda*) e três doenças fúngicas foliares, a ferrugem (*Puccinia sorghi*), mancha branca (*Pantoea ananatis*) e helmintosporiose (*Exserohilum turcicum*) em variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo. Foram avaliadas para a incidência de lagarta e de doenças fúngicas, respectivamente, 66 e 63 variedades crioulas de milho coletadas no estado do Espírito Santo, juntamente com 4 variedades comerciais de milho cultivados em todo Brasil. O experimento foi estabelecido no delineamento em blocos casualizados, com três repetições e parcelas contendo três fileiras de 2 m lineares de comprimento, espaçadas 1,0 m entre si. A fileira central constituiu a área útil da parcela. As avaliações de incidência da lagarta-do-cartucho foram realizadas no estágio fenológico vegetativo V3 a V4. Foram realizadas contagem das 10 plantas da parcela útil sintomáticas ao ataque da lagarta, posteriormente foram estabelecidas as médias e as diferenças foram calculadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade de erro, quando o teste de F a 5% foi significativo. Para as doenças fúngicas foliares as avaliações de severidade foram realizadas no estágio fenológico reprodutivo R1 a R2. Foram avaliadas oito plantas aleatórias da parcela útil, por meio de escala diagramática para *Exserohilum turcicum*. A partir da análise das folhas de cada planta com lesões, foi estimada a severidade média de cada doença para a planta inteira. Foi observado o potencial de resistência a praga e de tolerância as doenças foliares fúngicas, tendo destaque sete variedades crioulas que não apresentaram incidência de lagarta-do-cartucho e outras três variedades crioulas que não apresentaram sintomas de nenhuma das doenças fúngicas avaliadas.

Apoio: FAPES e CAPES



### **Potencial de famílias F<sub>2:6</sub> oriundas de um ciclo de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca**

CARNEIRO, A.L.N.<sup>1</sup>; PEREIRA, G.S.<sup>1</sup>; MOREIRA, J. V.C.<sup>1</sup>; DIAS, F.S.<sup>1</sup>; SOUZA, D.T.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J.E.S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório do Programa Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

No Brasil o consumo de feijão-comum é regionalizado sendo a preferência nacional pelo grão tipo carioca, que corresponde a 78 % da produção total. Durante o desenvolvimento das linhagens algumas características são consideradas, como por exemplo, a arquitetura de plantas, aspecto comercial de grãos, resistência a patógenos e produtividade. Neste contexto a Universidade Federal de Viçosa conta com um programa de seleção recorrente que tem como principal objetivo o desenvolvimento de linhagens que reúnam os fenótipos de interesse. Diante do exposto o objetivo específico com este trabalho foi avaliar o desempenho de famílias F<sub>2:6</sub> do Ciclo II (CII) do programa de seleção recorrente e identificar as de maior potencial para a extração de linhagens. Na safra da seca de 2019 foram avaliadas 50 famílias F<sub>2:6</sub> e quatro testemunhas (BRSMG Uai, VC25, Pérola e BRSMG Madrepérola) utilizando delineamento de blocos casualizados (DBC) com três repetições. As características arquitetura de planta e aspecto comercial de grãos foram avaliadas por meio de escala com notas variando de 1 a 5. A produtividade foi mensurada em gramas por parcela e posteriormente corrigida para quilos por hectare (kg.ha<sup>-1</sup>). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) utilizando-se o programa GENES. A seleção das melhores famílias foi feita a partir do índice genótipo ideótipo. Observou-se diferença significativa entre famílias para todas as características avaliadas (p<0,01). Utilizando-se o índice genótipo ideótipo foram selecionadas as 20 melhores famílias. A maioria das famílias apresentou produtividade média igual ou superior às testemunhas Pérola e BRSMG Madrepérola. Entre as famílias melhor classificadas pelo índice de seleção utilizado, 12 se destacaram em produtividade e aspecto comercial de grão, portanto promissoras para a extração de novas linhagens.

Apoio: CNPq, Capes e Fapemig.



### **Potencial de híbridos duplos de milho para produtividade de grãos e tolerância à ferrugem polissora**

MARTINS, J. B.<sup>1</sup>; SANTOS, F. P.<sup>1</sup>; ASSUNÇÃO, L. P.<sup>2</sup>; CRISPIM FILHO, A. J.<sup>1</sup>;  
MELO, P. G. S.<sup>1</sup>; RESENDE, M. P. M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética e Melhoramento de Plantas,  
Universidade Federal de Goiás.

<sup>2</sup>Departamento de Instituto de Ciências Biológicas,  
Universidade Federal de Goiás.

A utilização de híbridos duplos em milho (*Zea mays*) tem sido cada vez maior, em função do alto custo da semente de híbridos simples. Assim, faz-se necessário obter genótipos que combinem alto potencial produtivo e resistência às principais doenças que acometem a cultura, como a ferrugem polissora. O objetivo desse trabalho foi avaliar a produtividade de grãos e a tolerância à ferrugem polissora de híbridos duplos de milho. O experimento foi conduzido na segunda safra de 2019, na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO. Foi realizado cruzamento dialélico parcial entre seis híbridos simples com grão tipo dentado e cinco híbridos simples com grão tipo duro, sendo obtidos 23 híbridos duplos que foram avaliados, com mais três testemunhas (SHS 4080, SHS 4070 e BM 207), para peso de espiga ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ), peso de grãos ( $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ ) e tolerância à ferrugem polissora. Utilizou-se delineamento em blocos casualizados (DBC), com três repetições, sendo as parcelas constituídas de uma linha de 5 metros espaçadas 0,80 m entre linhas e de 0,20 m entre plantas. A tolerância dos híbridos à ferrugem polissora foi avaliada através de uma escala diagramática com notas que variaram de 1 a 9, respectivamente para 0; 1; 2,5; 5; 10; 25; 50; 75 e mais de 75% de área foliar afetada pela doença. Procedeu-se análise de variância e teste de Scott-Knott com o auxílio do programa estatístico R. Não foram encontradas diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) para peso de espigas, sendo obtida média de  $3174 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Para produtividade de grãos, os híbridos variaram de  $1246,87 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$  a  $3842,71 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ , e as notas para tolerância à ferrugem variaram de 3 a 8. Dezenove híbridos apresentaram menos que 10% de área foliar afetada pela doença (nota inferior à 5). Destes, cinco apresentaram produtividade significativamente superior aos demais e a todas as testemunhas, variando de  $3064,58 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$  a  $3842,71 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ . Assim, foi possível identificar cinco híbridos duplos com alta produtividade e relativa tolerância à ferrugem polissora, que tem potencial para se tornarem novas cultivares no mercado ou serem utilizados como genitores pelo programa de melhoramento de milho.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEG; UFG.



### **Potencial de linhagens de feijão vermelho oriundas de três ciclos de seleção recorrente**

PEREIRA, G. S.<sup>1</sup>; CARNEIRO, A. L. N.<sup>1</sup>; MOREIRA, J. V. C.<sup>1</sup>; BARROS, L. P.<sup>1</sup>; MELO, V. L.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J. E. S.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório do Programa Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

Na região da Zona da Mata Mineira o feijão vermelho é o de maior importância e, portanto, o mais cultivado. Entre as tecnologias de produção, o uso de cultivares melhoradas se destaca por ser uma tecnologia de baixo custo e de fácil adoção. Nesse sentido a Universidade Federal de Viçosa vem trabalhando em um programa de seleção recorrente voltado ao desenvolvimento de linhagens de feijão vermelho que atendam os anseios dos produtores da referida região. Duas cultivares foram recomendadas nos últimos anos, e a melhoria da população de melhoramento visando o aumento da frequência de alelos favoráveis para os principais caracteres de interesse é o principal objetivo do programa. O objetivo específico com este trabalho foi avaliar o potencial de linhagens derivadas de três ciclos de seleção recorrente. Foram avaliadas 600 linhagens derivadas de 20 famílias F<sub>2:6</sub> e quatro testemunhas (Ouro Vermelho, Vermelhinho, OVR e Ouro da Mata), nas safras das águas 2018 e seca 2019, em Coimbra, Minas Gerais. Foi utilizado o delineamento de blocos aumentados. Na primeira safra avaliou-se a produtividade de grãos. Já na segunda safra foram avaliados a produtividade de grãos, arquitetura de planta e aspecto comercial de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, utilizando os recursos computacionais do programa GENES. Para produtividade de grãos, observou-se diferença significativa entre linhagens somente na safra das águas. Vinte e três linhagens superaram o desempenho da cultivar Ouro Vermelho (2457 kg.ha<sup>-1</sup>), a mais cultivada na região. Com relação à arquitetura de planta e aspecto de grãos, avaliados somente na safra da seca, verificou-se efeito significativo de linhagens somente para arquitetura de plantas. Foram identificadas linhagens com potencial de produção superior às testemunhas Ouro Vermelho e Ouro da Mata, com porte ereto e bom aspecto de grãos, portanto promissoras para fazerem parte dos próximos Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) visando à recomendação de novas cultivares para o Estado de Minas Gerais.

Apoio: CNPq, FAPEMIG E CAPES



### **Potencial de melhoramento genético em populações segregantes de trigo quanto a caracteres de espiga**

BESSA, G. B.<sup>1</sup>; MEZZOMO, H. C.<sup>1</sup>; CASAGRANDE, C. R.<sup>1</sup>; GODINHO, N. de O.<sup>1</sup>; ROBERTO, G. F.<sup>1</sup>; NARDINO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Trigo, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A estatística descritiva visa descrever um conjunto amplo de dados, auxiliando na identificação de populações e/ou descritores que variam mais ou menos, a fim de trazer ao melhorista qual a população mais promissora para a seleção de genótipos superiores. Para tal, três populações segregantes de trigo foram avaliadas a campo, sendo a (1) BRS 264 x CD 196, (2) BRS 264 x CD 150 e (3) CD 150 x VI 98053. Após a obtenção das sementes F<sub>1</sub>, as populações segregantes foram conduzidas pelo método da população (*Bulk*), no campo experimental de São Gotardo – MG, até a geração F<sub>4</sub>. Nessa geração as plantas mais precoces de trigo de cada população foram selecionadas e avaliou-se os caracteres de espiga de cada planta, como tamanho de espiga, número de grãos de espiga, massa de espiga, massa de grãos por espiga. O conjunto de dados foi analisado por estatística descritiva, obtendo dados de média, valores máximos e mínimos, variância e coeficiente de variação de cada população para cada caráter. A análise descritiva propiciou a observação dos caracteres que variaram mais. Por meio do coeficiente de variação foi possível identificar que o caráter massa de grãos por espiga é o que possui maior variação (CV% = 19,82 a 21,84), em contrapartida, tamanho de espiga é o caráter com menor variação (CV% = 7,69 a 10,21), o que indica que a massa de grãos por espiga possui maior variação entre os genótipos, auxiliando na composição de grupos em análises de diversidade genética. A população 1 (BRS 264 x CD 196) possui os maiores valores médios e os maiores valores de limite superior para todos os caracteres de espiga avaliados, tal população deve ser escolhida quando interessa ao melhorista o ganho de seleção com base no desempenho *per se* dos genótipos. No entanto quando o melhorista adota a filosofia de seleção por meio da variância entre os genótipos para maximização do ganho de seleção opta pela população 2 (BRS 264 x CD 150), essa apresenta os maiores valores de variância para todos os caracteres, exceto o tamanho de espiga, em que a população 1 apresenta o maior valor. Assim é recomendado processos de avanço da homozigose nas populações 1 e 2 para futura seleção de linhagens superiores.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; COOPADAP



### **Potencial de populações segregantes de feijão carioca quanto à produtividade de grãos para extração de linhagens superiores**

PAULA, I.G.<sup>1</sup>; SILVA, M.B.P.<sup>1</sup>; CANGUÇÚ, J.F.<sup>2</sup>; BRONZONI, A.B.S.<sup>2</sup>;  
NETO, A.J.L.<sup>2</sup>; CARNEIRO, J.E.S.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento de Feijoeiro, Departamento de Biologia Vegetal,  
Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Melhoramento de Feijoeiro, Departamento de Fitotecnia,  
Universidade Federal de Viçosa.

Nos programas de melhoramento de feijão carioca a produtividade tem merecido grande atenção dos melhoristas, uma vez que os produtores buscam cultivares que superem o potencial produtivo das já disponíveis no mercado. Uma estratégia de destaque na cultura do feijoeiro para aumentar a frequência de alelos favoráveis que se encontram em genitores distintos é a seleção recorrente. Neste processo cíclico, uma população base é obtida a partir de múltiplas hibridações e utilizada para a extração, com subsequente avaliação e seleção das progênies de maior potencial que são intercruzados para obtenção da nova população segregante melhorada. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar o potencial de populações segregantes com base na produtividade de grãos, visando a extração de linhagens superiores de feijão carioca. Para tal, foram avaliadas 20 populações F<sub>2</sub> de feijão carioca provenientes do segundo ciclo de um programa de seleção recorrente que vem sendo conduzido na Universidade Federal de Viçosa. O experimento foi instalado na área experimental de Coimbra-MG na safra das águas 2018, sendo que cinco cultivares comerciais constituíram as testemunhas. O delineamento estatístico utilizado foi blocos casualizados com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros, espaçadas de 0,50 m. Duas dessas linhas foram utilizadas para obter os dados de produtividade de plantas individuais. Na quantificação do potencial das populações foi utilizada a metodologia de Jinks e Pooni e como padrão de produtividade foi utilizado a média da cultivar Pérola acrescida de 20%. As 20 populações apresentaram valores de Probabilidade de Superar o Padrão (PSP) entre 40,13% e 65,91%. As cinco populações com maior potencial para a extração de linhagens superiores quanto à produtividade de grãos foram: Campos Gerais / 506 (65,91%), BRS Uai / 507 (65,91%), CNFCMG 134M / 510 (65,54%), BRS Uai / 504 (65,54%), RPC VII-I / 520 (64,80%). De forma geral, as populações segregantes utilizadas no presente trabalho mostram-se promissoras para a extração de linhagens superiores quanto a produtividade de grãos.

Apoio: CNPq, FAPEMIG, CAPES



### **Potencial fenológico de variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo**

OLIVEIRA, W. B. S.<sup>1</sup>; OLIVEIRA, J. S.<sup>1</sup>; COUTO, D. P. C.<sup>1</sup>; POSSE, S. P.<sup>2</sup>;  
FERREIRA, M. F. S.<sup>1</sup>; FERREIRA, A.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria Vegetal e Genética e Melhoramento, Departamento de Produção Vegetal, Universidade Federal do Espírito Santo.

<sup>2</sup>INCAPER, Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural.

O ciclo de vida da planta de milho, pode ser dividido em uma série de estádios fenológicos. Esses estádios fenológicos, surgiram pela necessidade de detalhar de maneira clara e objetiva, as etapas de desenvolvimento das plantas, permitindo melhor descrição do ciclo. As variedades crioulas de milho, possuem grande variabilidade genética acumulada, ao longo do processo de domesticação e pela seleção efetuada pelos agricultores. Esse processo pode resultar em diferentes padrões fenológicos da cultura e podem ser explorados pelo melhoramento genético vegetal. Neste estudo, objetivou-se avaliar a fenologia de variedades crioulas de milho cultivadas no Espírito Santo e identificar variedades promissoras para o melhoramento genético vegetal. Foram avaliadas 73 variedades crioulas de milho cultivadas no estado do Espírito Santo, juntamente com quatro variedades comerciais de milho cultivadas em todo Brasil. O experimento foi conduzido em delineamento em blocos completos casualizados, com três repetições e parcelas contendo três fileiras de 2 m lineares de comprimento, espaçadas 1,0 m entre si. A fileira central constituiu a área útil da parcela. As variáveis fenológicas avaliadas foram florescimento masculino (FM) e florescimento feminino (FF). Para o FM, foi considerado o tempo (em dias) transcorrido da emergência até 50% + 1 de plantas da parcela útil, contendo anteras liberando pólen e para o FF, foi considerado o tempo (em dias) da emergência até 50% + 1 de espigas da parcela útil, contendo estigma e estiletos expostos. A diferença entre os tratamentos foi calculada pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade de erro, quando o teste de F foi significativo ao mesmo nível de significância. As variedades crioulas 10 e 56 foram as que apresentaram florescimento masculino e feminino mais tardio. As variedades 65, 17 e 34 são as mais precoces dentre as variedades avaliadas. A variedade crioula 65 apresentou FM e FF no mesmo dia, em torno dos 45 dias após emergência, fugindo à regra da protrandria da espécie. As variedades crioulas apresentaram alta variabilidade fenológica e podem ser usadas para futuros programas de melhoramento genético da espécie.

Apoio: FAPES e CAPES



### **Predição de híbridos triplos de milho**

FILHO, V. S. M.<sup>1</sup>; REZENDE, W. M.<sup>1</sup>; LUZ, L. S.<sup>1</sup>; Uberti, A.<sup>1</sup>; Simões, E. L.<sup>1</sup>;  
DeLIMA, R. O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Atualmente os híbridos triplos representam cerca de 10% de todo o milho plantado no país. Este tipo de cultivar é indicado para produtores que utilizam de média a alta tecnologia. Além de um bom custo benefício, ele tem também uma melhor adaptação às condições adversas do ambiente, devido a sua maior heterogeneidade, quando comparado ao híbrido simples. Dessa forma faz-se necessário desenvolver híbridos triplos que se sobressaíam nestas condições. Como o número de híbridos triplos possíveis de serem realizados é muito grande, logo, é inviável testar todas as combinações, fazendo jus o uso da predição do comportamento destes híbridos. Com essa predição, podemos direcionar os cruzamentos e realizar uma pré-seleção dos híbridos superiores. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi predizer híbridos triplos a partir de híbridos simples oriundo de um dialelo entre linhagens endogâmicas. Após a avaliação de 190 híbridos simples originados de um dialelo entre 20 linhagens endogâmicas, foi realizada a predição através do comportamento médio dos dois híbridos simples não parentais, segundo modelo B, proposto por Jenkins (1934). A predição foi realizada para todos os híbridos com base na produtividade de grãos (PG). Foram preditos 3420 híbridos triplos oriundos da combinação entre os 190 híbridos simples (genitor feminino) e as 20 linhagens parentais (genitor masculino), eliminando os retrocruzamentos. A seleção dos híbridos triplos a serem obtidos baseou-se na estimativa das capacidades específicas de combinação (CEC) dos híbridos simples, e na estimativa das capacidades gerais de combinação (CGC) das linhagens parentais do dialelo. Com a predição, a produtividade dos híbridos preditos variou de 5601 a 8979 kg ha<sup>-1</sup>, com uma média de 7506 kg ha<sup>-1</sup>, sendo esta, superior à média nacional de produtividade. Pode-se notar que os híbridos triplos superiores preditos foram aqueles cujas linhagens apresentaram estimativa de CGC maior que zero. Com o intuito de desenvolver populações base, cultivares e testar a eficiência da predição, serão selecionados cerca de 100 híbridos triplos superiores que, posteriormente, serão obtidos e avaliados.

Apoio: CNPq, Capes, FAPEMIG e FUNARBE



### **Proposta de modificação do índice Z para a seleção de progênies em populações e variedades de milho**

DESTRO, V.<sup>1</sup>; RIBEIRO, F. O.<sup>1</sup>; LUZ, L. S.<sup>1</sup>; ZUFFO, L. T.<sup>1</sup>; ALVES SILVA, R. C.<sup>1</sup>; DELIMA, R. O.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

No melhoramento, vários caracteres precisam ser considerados simultaneamente no momento da seleção. Os índices de seleção são úteis nesse processo. O índice baseado na soma de variáveis padronizadas é chamado índice Z, que quando calculado da maneira habitual, não é eficiente em obter, simultaneamente, ganhos positivos e negativos em diferentes caracteres positivamente correlacionados. Dito isso, o objetivo deste trabalho é propor modificações na obtenção do índice Z para ganhos negativos nos caracteres: florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e altura de espiga (AE, cm) e ganho positivo para produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), na população UFVM100(HS)C1. A UFVM100(HS)C1 é uma população composta de 110 progênies de meios-irmãos, das quais 20 serão selecionadas. As médias dos cinco caracteres de cada progênie foram padronizadas, obtendo-se os valores de  $Z_{FM}$ ,  $Z_{FF}$ ,  $Z_{AP}$ ,  $Z_{AE}$  e  $Z_{PG}$  para FM, FF, AP, AE e PG. A partir desses valores de Z serão obtidos os índices Z. Os valores de  $Z_{FM}$ ,  $Z_{FF}$ ,  $Z_{AP}$  e  $Z_{AE}$  foram multiplicados por -1, pois o objetivo da seleção é a redução dessas médias. O índice formado pela soma dos cinco valores de Z, denominou-se Z5. Dada a alta correlação (> 80%) entre FM e FF e entre AP e AE, apenas um caractere de cada par foi considerado na obtenção dos outros quatro índices: Z3 composto pela soma de  $Z_{FF}$ ,  $Z_{AP}$  e  $Z_{PG}$ ; Z1R de  $Z_{FF} > 0$ ,  $Z_{AP} > 0$  e  $Z_{PG} > 0$ ; Z2R de  $Z_{FF} > 0$ ,  $Z_{AP} > 0$  e  $Z_{PG} > 0$  e Z3R de  $Z_{FF} > 0$ ,  $Z_{AP} > 0$  e  $Z_{PG} > 0$ . Os ganhos de seleção para cada índice e respectivamente para FM, FF, AP, AE e PG foram: -1,66%, -1,51%, -2,07%, -3,52% e 0,71% em Z5; -1,16%, -1,21%, -1,86%, -1,64% e 3,80% em Z3; -0,96%, -0,98%, -1,10%, -0,38% e 5,51% em Z1R; -1,20%, -1,27%, -0,79%, -0,64% e 4,36% em Z2R e -1,27%, -1,22%, -1,48%, -1,68% e 2,86% em Z3R. A multiplicação por -1 em  $Z_{FM}$ ,  $Z_{FF}$ ,  $Z_{AP}$  e  $Z_{AE}$  foi eficiente na obtenção dos ganhos desejados. O uso de três caracteres nos índices favoreceu o equilíbrio dos ganhos desejados. As restrições de valores Z menores que zero melhoraram os ganhos quando foram aplicadas. O índice Z1R foi o escolhido para a seleção das 20 progênies, dado seu maior ganho em PG e redução dos demais caracteres.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG



### **Qualidade tecnológica de cultivares de feijão recomendadas no Brasil**

STECKLING, S. M.<sup>1,2</sup>; ALECRIM, I. G. <sup>1</sup>; SOUZA, D. T.<sup>1</sup>; PEREIRA JUNIOR, J. D.<sup>1</sup>;  
PAULA, I. G. <sup>1</sup>; CARNEIRO, P. C. S. <sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Programa de Melhoramento de Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa.

A qualidade tecnológica dos grãos de feijão é das uma das principais exigências atuais dos consumidores desta leguminosa. Assim, objetivou-se avaliar as cultivares de feijão lançadas nos últimos 60 anos no Brasil quanto à capacidade de embebição e tempo de cozimento. Para tanto, 105 cultivares de feijão, sendo 49 do tipo preto e 56 do tipo carioca, recomendadas nos últimos 60 anos no Brasil, foram multiplicadas no campo em área experimental pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, Coimbra - MG, na safra das águas de 2018. Amostrou-se 25 grãos de cada cultivar, os quais foram colocados para embeber em 50 ml de água destilada por oito horas, em temperatura ambiente. Posteriormente, por meio de avaliação visual, se deu a contagem dos grãos normais (NGN), ou seja, daqueles que absorveram água, e a capacidade de absorção de água (ABS) dos grãos, dada pela razão entre o peso dos grãos antes e após a embebição, em porcentagem. O tempo de cozimento (TCZ) dos grãos foi determinado por meio do cozedor de Mattson, o qual apresenta 25 hastes metálicas de 90 gramas e um mm de diâmetro na ponta da haste. O tempo médio de queda das 13 primeiras hastes (50% + 1) foi considerado como o tempo de cozimento de cada amostra. O experimento foi delineado em blocos ao acaso com duas repetições. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias das cultivares agrupadas pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ). Foi observado efeito significativo de cultivar sobre os três caracteres avaliados. Pelo teste de Scott-Knott foram obtidos quatro grupos para NGN, um para ABS e 10 para TCZ. A maioria das cultivares, exceto BRS Esteio, absorveram mais de 90% de seu peso de grãos secos em água. As cultivares IPR Saracura (tipo carioca) e Preto Uberabinha (tipo preto) se destacaram com os menores tempos de cozimento, 12 min e 24 s e 13 min e 53 s, respectivamente. Embora as cultivares tenham sido estratificadas em diferentes grupos para TCZ, todas apresentaram tempo de cozimento inferior a 30 min, atendendo a demanda do mercado consumidor. Assim, as cultivares recomendadas nos últimos 60 anos no Brasil apresentam alta qualidade tecnológica de grãos.

Apoio: CNPq, CAPES



### **Ranking de clones do gênero *Cynodon* resistentes à cigarrinha das pastagens**

ELIZEU, A. M.<sup>1</sup>; NASCIMENTO, E. F.<sup>1</sup>; PEIXOTO, M. A.<sup>1</sup>; BENITES, F. R. G.<sup>2</sup>;  
SOBRINHO, F. S.<sup>2</sup>; BHERING, L. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>EMBRAPA Gado de Leite, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

*Cynodon* é um gênero de gramíneas amplamente adaptado às regiões de clima tropical, exercendo grande representatividade no setor agropecuário em virtude da elevada produção de biomassa e qualidade nutricional da forragem. As espécies deste gênero são divididas em Gramas-Bermudas (*C. dactylon*) e Gramas-Estrelas (*C. nlemfuensis*, *C. aethiopicus* e *C. plectostachyus*). Perdas na produtividade, acarretando em prejuízos econômicos são observados na presença de cigarrinha das pastagens, insetos da ordem *Homoptera*, da família *Cercopidae*. Assim, a identificação de genótipos resistentes à cigarrinha é um ponto fundamental nos experimentos envolvendo esta cultura. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi identificar clones superiores visando à seleção dos melhores indivíduos quanto a resistência à cigarrinha. Foram avaliados 29 clones de *Cynodon* sp. quanto à sobrevivência de ninfas – resistência à cigarrinha. O delineamento utilizado foi blocos ao acaso contendo dez repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e o ranqueamento dos melhores indivíduos foi realizado a partir do agrupamento de médias de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. As análises foram realizadas utilizando os softwares GENES e RBio. Os parâmetros genéticos foram estimados e a ANOVA revelou diferença significativa ( $p < 0.05$ ) evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados. O agrupamento de Scott-Knott evidenciou que os cinco melhores clones apresentaram resistência à cigarrinha superior a 80%. Assim, foi possível identificar genótipos de *Cynodon* sp. resistentes a cigarrinha das pastagens. Como perspectiva futura, espera-se testar, a produtividade dos clones selecionados a fim de obter indivíduos que sejam produtivos e que não apresentem perdas devido à infestação de cigarrinha.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG



### **Relações fenotípicas e genotípicas entre caracteres em linhagens de trigo**

BUSATTE, W. A. B.<sup>1</sup>; CASAGRANDE, C. R.<sup>1</sup>; MEZZOMO, H. C.<sup>1</sup>; FERREIRA, A. A.<sup>1</sup>; SOUZA, T. F. C. de<sup>1</sup>; NARDINO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Trigo, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O conhecimento da relação entre caracteres é fundamental em todas as etapas de um programa de melhoramento de trigo, especialmente na seleção. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres dias para a floração, altura de planta e produtividade de grãos. Para tanto, um experimento foi conduzido na cidade de Rio Paranaíba na safra agrícola de 2018, em blocos casualizados com três repetições. Os genótipos de trigo avaliados foram 23 linhagens de VCU do Programa Trigo UFV e duas cultivares testemunhas. O número de dias para a floração foi avaliado pela contagem da emergência até o florescimento, a altura de planta foi determinada na colheita em cm e a produtividade de grãos foi estimada em kg.ha<sup>-1</sup> a 13% de umidade. Os dados foram submetidos a análise de variância e as correlações fenotípicas e genotípicas foram estimadas entre os caracteres e testadas pelo teste t (fenotípica) e *bootstrap* com 10 mil simulações (genotípica). A análise de variância indicou a presença de efeito significativo de genótipo para os três caracteres, sendo condizente a análise de correlações. Associação linear fenotípica de alta magnitude entre produtividade de grãos e altura de planta foi constada (0,90). De maneira similar, a correlação genotípica entre esses caracteres foi de 0,99, indicando que plantas de trigo mais altas são também mais produtivas. O caráter dias para a floração, indicativo de ciclo, apresentou correlação fenotípica significativa de magnitude intermediária com produtividade de grãos (0,42) e genotípica (0,47), indicando que plantas mais precoces apresentam menor produtividade de grãos. Menor número de dias para a floração, objetivo dos programas de melhoramento, não apresentou correlação fenotípica e genotípica significativa com altura de planta, 0,35 e 0,37, respectivamente. A seleção indireta de linhagens de trigo mais produtivas pode ser praticada por meio do caráter altura de planta, em virtude deste apresentar herdabilidade de 0,93 e correlação genotípica de 0,99.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; COOPADAP



### **Respostas de sementes de diversas cultivares da soja inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum***

CORTES, A. M.<sup>1</sup>; SOARES, B. A. <sup>1</sup>; MATOS, P. G.<sup>1</sup>; EVANGELISTA, P. S.<sup>1</sup>;  
SANTOS, A. L. <sup>1</sup>; SILVA, F. L. <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja, *Glycine max (L.) Merrill*, é uma das culturas mais importantes no mundo. Em 2018 a o complexo soja movimentou 31,7 bilhões de dólares. A podridão-branca-da-haste, causada pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, é uma doença importante dessa cultura que pode levar a severas perdas na produtividade. O fungo pode infectar sementes, que são as principais fontes de inóculo, fazendo com que percam vigor e aumente o inóculo em áreas de cultivo comercial. Não há estudos sobre a variabilidade de infecção da *S. sclerotiorum* em sementes de soja. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar sementes de 100 cultivares de soja inoculadas com *Sclerotinia sclerotiorum* quanto à quantidade de plantas anormais causadas pela infecção do fungo. O experimento foi conduzido em casa de vegetação e todas as sementes foram desinfestadas com hipoclorito a 1%. O estudo foi dividido entre sementes controle e sementes inoculadas. A inoculação foi feita em 20 sementes de cada cultivar deixando o micélio do fungo, cultivado em meio de cultura Batata Dextrose Ágar, em contato com as sementes por 24 horas. A semeadura foi realizada em bandejas contendo substrato comercial. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso, com 4 repetições avaliado em esquema fatorial 100 x 2 (100 cultivares e dois tratamentos). Foi avaliado o número de plantas anormais 14 dias após a semeadura. Por meio do software R Core Team (2018) obteve-se a análise de variância e o teste de médias Tukey a 5%. Houve significância para o tratamento ( $p = 0,012$ ), mas não para os genótipos avaliados ( $p = 0,064$ ). O tratamento inoculado apresentou média de plantas anormais superior à média de plantas anormais para o controle. Portanto, verificou-se que as sementes infectadas apresentam maiores números de plantas anormais em comparação com as não infectadas, mas não houve variabilidade em relação as sementes dos 100 genótipos infectadas com fungo quanto ao número de plantas anormais.

Apoio: CAPES e CNPq



### **Seleção de cultivares como padrão de resistência e susceptibilidade à podridão-branca-da-haste em soja**

MATOS, P. G.<sup>1</sup>; SOARES, B. A. <sup>1</sup>; CÔRTEZ, A. M.<sup>1</sup>; EVANGELISTA, P. S.<sup>1</sup>;  
SANTOS, A. L. <sup>1</sup>; SILVA, F. L. <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, detém significativa importância mundialmente. Uma das principais doenças que afeta a cultura é a podridão-branca-da-haste, causada pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*. Existem poucos padrões de resistência e susceptibilidade da soja à *S. sclerotiorum* para regiões tropicais. O objetivo foi avaliar e identificar novas cultivares com maior resistência parcial e cultivares susceptíveis para podridão-branca-da-haste. Dois ensaios foram conduzidos em casa de vegetação, com umidade mantida acima de 80% e temperatura entre 20 e 27°C. Foram avaliados 8 cultivares: BMX ATIVA, BMX VELOZ, NS 5959, Willians 82, BMX TURBO, BMX APOLO, DM 2333 e BMX ENERGIA. A cultivar Willians 82 foi inserida por ser reconhecida como padrão de susceptibilidade para podridão-branca-da-haste à nível internacional. Os experimentos foram conduzidos a partir do delineamento em blocos ao acaso, com 4 repetições. As plantas foram inoculadas quando atingiram o estágio vegetativo V4, com ponteiros contendo meio de cultura Batata Dextrose Ágar e micélio do fungo. Foi avaliado a severidade da doença aos 5, 7, 9, 11 e 13 dias após a inoculação com notas de 0 a 4. Obtemos a curva abaixo do progresso da doença para cada genótipo e realizamos a análise de variância e agrupamentos de média Scott Knott a 5 % via software R Core Team (2018). Houve interação entre genótipos e experimentos ( $p = 0.002$ ). Para ambos os experimentos, houve diferença entre as respostas dos genótipos ( $p < 0.001$ ). As cultivares BMX ATIVA e BMX VELOZ permaneceram no grupo mais suscetível. NS 5959, BMX APOLO e BMX TURBO tiveram alternâncias em relação aos resultados e, portanto, não foi possível concluir sobre a resposta de infecção dessas cultivares ao patógeno. A cultivar DM 2333 permaneceu no mesmo grupo que a Willians 82 em ambos os experimentos. A cultivar BMX ENERGIA permaneceu no grupo de maior resistência parcial nos dois ensaios. Portanto, o comportamento apresentado pela resposta à inoculação possibilita inferir que as cultivares que permaneceram no mesmo grupo podem ser utilizadas em programas de melhoramento para obter genótipos com maior resistência parcial à *Sclerotinia sclerotiorum*.

Apoio: CAPES e CNPq



### **Seleção de linhagens de trigo baseada em caracteres fenológicos, morfológicos e de produção**

SOUZA, T. F. C. de<sup>1</sup>; CASAGRANDE, C. R.<sup>1</sup>; MEZZOMO, H. C.<sup>1</sup>; FERREIRA, A. A.<sup>1</sup>; ROBERTO, G. F.<sup>1</sup>; NARDINO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Trigo, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O desenvolvimento de cultivares de trigo com alta produtividade de grãos, resistentes ao acamamento e de ciclo precoce atende à demanda do mercado produtor. Os objetivos deste trabalho foram avaliar se as linhagens de trigo diferem para os caracteres dias para a floração, altura de planta e produtividade de grãos e selecionar as de desempenho superior. Para tanto, foi conduzido um experimento no delineamento de blocos casualizados, com três repetições, na estação experimental da Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba na cidade de Rio Paranaíba, Minas Gerais. Os tratamentos consistiram em 23 linhagens desenvolvidas pelo Programa Trigo UFV juntamente com duas cultivares testemunhas (BRS 264 e CD 151) na safra agrícola de 2018. O número de dias para a floração foi avaliado pela contagem da emergência até o florescimento, a altura de planta foi determinada na colheita em cm e a produtividade de grãos foi estimada em kg.ha<sup>-1</sup> a 13% de umidade. Os dados foram submetidos a análise de variância e ao teste de agrupamento de médias Scott Knott. Na análise de variância verificou-se efeito significativo de linhagens para todos os caracteres avaliados, indicando a possibilidade de seleção de linhagens superiores. As linhagens VI131313, VI09004, VI09037, VI130758, VI131246 e VI131307 apresentaram o menor valor de dias para a floração (61,33 a 62 dias), sendo caracterizadas como mais precoces, atributo preconizado pelos programas de melhoramento. Já as linhagens VI131246, VI131307, VI130679, VI130729, VI130755, VI131177, VI131313 e VI131185 apresentaram altura de planta na colheita menor, variando de 75 a 80 cm, caracterizadas por serem mais resistentes ao acamamento. As linhagens mais produtivas foram a VI14022 (6547,14 kg.ha<sup>-1</sup>) e a VI09039 (6120,61 kg.ha<sup>-1</sup>), não diferindo estatisticamente de outras oito linhagens e das duas cultivares testemunhas. As linhagens VI131246, VI131307 e a VI131313 serão selecionadas pelo programa de melhoramento por apresentarem precocidade e porte baixo. Cruzamentos envolvendo essas linhagens com as linhagens VI14022 e VI09039 são preferíveis para o desenvolvimento de cultivares de ciclo precoce, porte baixo e alta produtividade de grãos.

Apoio: CNPq; CAPES; FAPEMIG; COOPADAP



### **Seleção de linhagens de trigo visando características de interesse agrônômico**

BUSATTE, W. A. B.<sup>1</sup>; MEZZOMO, H. C.<sup>1</sup>; CASAGRANDE, C. R.<sup>1</sup>; GODINHO, N. de O.<sup>1</sup>; ZAIDAN, L. C.<sup>1</sup>; NARDINO, M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Programa Trigo, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

O desenvolvimento de cultivares de trigo com ciclo precoce, porte baixo e com alto potencial produtivo representa vantagens tecnológicas aos produtores de trigo. Os objetivos deste trabalho consistiram em avaliar se há diferenças significativas entre linhagens de trigo para os caracteres precocidade, altura de planta e produtividade de grãos, e selecionar linhagens superiores. Para tal, foi conduzido um experimento de Valor de Cultivo e Uso do Programa Trigo da Universidade Federal de Viçosa na safra 2018 em delineamento blocos ao acaso com três repetições, em Rio Parnaíba – MG. Um total de 25 genótipos de trigo, 23 linhagens e duas testemunhas (CD 151 e BRS 264) foram avaliados para número de dias para a floração, altura de planta e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos a análise de variância individual e as médias das linhagens foram agrupadas pelo teste Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Efeito significativo de linhagens foi observado para todos os caracteres, o que possibilita a seleção de linhagens superiores. As linhagens VI 14050 (60 dias) e VI 14114 (61 dias) foram mais precoces, o florescimento precoce está correlacionado com menor ciclo em trigo. O teste de médias permitiu a criação de três distintos grupos de médias, sendo o grupo com as menores médias, formado por 10 linhagens, variando de 78,33 cm (VI 14018) a 86,67 cm (VI 14327). Preconiza-se menores alturas de plantas, uma vez que, conferem maior resistência ao acamamento. A produtividade de grãos variou de 69,83 (VI 14110) a 111,26 (VI 141045) sc.ha<sup>-1</sup>. O grupo de maiores médias foi composto por sete linhagens, sendo todas elas superiores às duas testemunhas, CD 151 e BRS 264, com produtividade de grãos média de 91,98 e 89,87 sc.ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Assim, recomenda-se o cruzamento entre a linhagem VI 14050, precoce e com baixa estatura de planta, com a linhagem VI 141045, pois apresenta alta produtividade de grãos, havendo complemento satisfatório entre as duas linhagens selecionadas.

Apoio: CNPq; CAPES, FAPEMIG; COOPADAP



### **Seleção de populações F<sub>1</sub> de soja via dialelo parcial e predição através de redes neurais de cruzamentos promissores não realizados**

SANTOS, A. L.<sup>1</sup>; DEL CONTE, M. V.<sup>1</sup>; CAVALLIN, I. C.<sup>1</sup>; FERREIRA, J. M.<sup>1</sup>;  
FREIRE, M.<sup>1</sup>; SILVA, F.L.<sup>1</sup>

Laboratório de genética e melhoramento de soja, Departamento de Fitotecnia  
Universidade Federal de Viçosa

A soja é uma das principais culturas oleaginosas cultivadas no mundo. Quanto à composição química, o grão destaca-se o alto teor proteico, o que proporciona múltiplas aplicações na alimentação humana e animal. A obtenção de cultivares superiores para caracteres como produtividade e teor de proteína se faz necessário. O presente trabalho teve como objetivo selecionar populações F<sub>1</sub> de soja, obtidas via sistema de dialelo parcial, para alta produtividade e prever através de redes neurais quais cruzamentos não realizados seriam mais promissores. Para isso sementes F<sub>1</sub> foram obtidas via combinações híbridas oriundas por meio de cruzamentos artificiais em sistema de dialelo parcial. Foram utilizados para os cruzamentos, 9 genótipos. O ensaio foi conduzido sob delineamento de blocos ao acaso com 5 repetições. O banco de dados utilizado para a realização da análise de redes neurais artificiais (RNAs) foi organizado de maneira que 11 caracteres vegetativos e reprodutivos dos genitores de cada cruzamentos foram interpretadas como variáveis e a massa de grãos por planta foi a variável alvo para a predição. A rede neural mais eficiente foi a com topologia de 18 neurônios na primeira camada oculta e nove neurônios apresentando a menor soma de quadrado do erro (0,11419). Foi realizada a predição da produtividade de grãos por planta normalizado dos cruzamentos. Foi encontrada a correlação de 99,30% entre os dados fenotípicos normalizados de massa de grãos por plantas, o que aponta que a topologia escolhida para a rede neural foi eficiente para fins de predição. As predições de massa de grãos por planta normalizados das populações não realizadas não apresentaram potencial produtivo superior ou inferior às realizadas. Sendo assim, as populações não realizadas podem permanecer no programa de acordo com a intensidade de seleção.

Apoio: CNPq e GDM Seeds



### **Seleção de progênes de feijão preto para recombinação e extração de linhagens em um Programa de Seleção Recorrente**

TRINDADE, T. F. H.<sup>1</sup>; BARROS, L. P.<sup>2</sup>; STECKLING, S. M.<sup>1</sup>; SILVA, M. B. P. <sup>1</sup>;  
SOUZA, M. L. <sup>2</sup>; CARNEIRO, J. E. S. <sup>2</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Melhoramento de Feijão, Departamento de Biologia Geral,  
Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Laboratório de Melhoramento de Feijão, Departamento de Fitotecnia,  
Universidade Federal de Viçosa.

O feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris*, L.) é um dos principais alimentos consumidos no Brasil e no mundo. Embora o feijão do tipo carioca seja o mais importante no Brasil, outros tipos comerciais têm relevância regional, como é o caso do feijão preto, consumido, principalmente na Região Sul do Brasil e no Estado do Rio de Janeiro. Assim, além do feijão carioca, muitos programas de melhoramento do Brasil, atuam no desenvolvimento de linhagens de feijão preto. Uma das instituições com atuação nessa área é a Universidade Federal de Viçosa e a principal estratégia utilizada é a seleção recorrente. Assim, o objetivo com este trabalho foi avaliar e selecionar progênes de feijão preto oriundas de 20 populações do ciclo C1 visando a recombinação e a extração de linhagens superiores. O experimento foi conduzido na safra da seca de 2019 na área experimental de Coimbra-MG. O delineamento estatístico utilizado foi em blocos aumentados. As parcelas foram constituídas por uma linha de dois metros. Na seleção das progênes foi utilizado o índice com base na distância genótipo-ideótipo para classificar os fenótipos em relação a um fenótipo ótimo. Observou-se efeito significativo de progênes para as quatro características avaliadas: produtividade de grãos, arquitetura de plantas, severidade de mancha angular e aspecto comercial dos grãos. A significância dessa fonte de variação indica a existência de variabilidade genética entre as progênes avaliadas e a possibilidade de sucesso com a seleção visando ao melhoramento dos referidos caracteres. Com base no índice foram identificadas 30 progênes, independente da população de origem, com alto potencial para a extração de linhagens. Estas progênes apresentaram porte ereto, baixa severidade de mancha angular, bom aspecto de grãos e produtividade superior às cultivares comerciais. Para a recombinação foram selecionadas 20 progênes, sendo a melhor de cada população. Doze dessas 20 progênes estão entre as 30 selecionadas para extração de linhagens. Entre estas, cinco se destacaram em produtividade (médias acima de 4.763 kg.ha<sup>-1</sup>), valores estes superiores às testemunhas BRS Esteio, BRS Valente, IPR Uirapuru e Ouro Negro.

Apoio: CNPq, Capes e Fapemig



### **Seleção recorrente em plantas autógamas: estratégias de avaliação do progresso genético**

DIAS, F. S. <sup>1</sup>; J, J. D. P. <sup>1</sup>; MOREIRA, J. V. C. <sup>1</sup>; SOUZA, D. T. <sup>1</sup>; TRINDADE, T. F. H.<sup>1</sup>; CARNEIRO, J. E. S<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Feijão, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

No melhoramento por meio da Seleção Recorrente (SR) é conveniente que de tempos em tempos se avalie o progresso genético (PG), afim de estimar os ganhos obtidos e assim direcionar as mudanças no programa quando necessário. As estratégias para avaliação do PG em autógamas compreendem avaliação de progênies ou linhagens, utilizando dados de experimentos conduzidos em cada ciclo ou avaliação simultânea em um único experimento. O objetivo com este trabalho foi comparar as diferentes estratégias de avaliação do progresso genético em programas de SR no melhoramento do feijoeiro. Os dados utilizados neste estudo foram provenientes de um ciclo de SR no melhoramento de feijão carioca da UFV. A população base (C0) foi obtida pelo cruzamento de 20 genitores, em esquema de dialelo circulante, gerando assim 20 cruzamentos biparentais. As progênies F2:3, F2:4 e F2:5, derivadas de cada população F2 foram avaliadas e a melhor progênie de cada população foi utilizada para recombinação dando origem as populações do ciclo C1. Neste ciclo (C1), de forma semelhante ao realizado no ciclo anterior, foram avaliadas progênies F2:3, F2:4 e F2:5. Nestes experimentos foram utilizadas testemunhas comuns de modo a realizar uma análise agrupada envolvendo os experimentos dos dois ciclos. Posteriormente, foram também conduzidos experimentos de avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo e das melhores linhagens derivadas de cada ciclo. Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental da UFV, em Coimbra-MG. O ganho genético obtido para produtividade de grãos com base na avaliação de progênies em cada ciclo, utilizando experimentos com testemunhas comuns, foi de 23,7% (F2:3), 14,2% (F2:4) e 16,6% (F2:5). Com avaliação simultânea das melhores famílias de cada ciclo, o ganho genético foi de 8,6%. Já o ganho genético com base na avaliação simultânea das melhores linhagens de cada ciclo foi de 1,83%. Podemos observar que o ganho genético para produtividade de grãos em programas de SR no feijoeiro varia de acordo com a estratégia utilizada para estimar o progresso genético, sugerindo que em estudos de estimativas de ganho genético isto deve ser levado em consideração.

Apoio: CNPq, Capes e Fapemig



### **Seleção via índice FAI-BLUP: aplicação no melhoramento da soja**

EVANGELISTA, J. S. P. C.<sup>1</sup>; ALVES, R. S.<sup>1</sup>; BHERING, L.L.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das oleaginosas mais cultivadas no mundo, onde o melhoramento genético foi e continua sendo um dos principais contribuintes para o progresso nessa cultura. Porém, a interação genótipos x ambientes (GE) influencia a expressão gênica e pode causar dificuldades na identificação de genótipos superiores de soja. Uma das principais formas de contornar os efeitos adversos da interação GE é a seleção de genótipos superiores que apresentam maior estabilidade e adaptabilidade. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi aplicar e estudar o índice ideótipos desejados (FAI-BLUP) para fins de seleção de genótipos superiores de soja. Dados referentes à avaliação de 80 genótipos em 10 locais, utilizando os ensaios conduzidos na safra 2013/2014, em relação à característica produtividade de grãos, foram utilizados. Os componentes de variância foram estimados via máxima verossimilhança restrita (REML), os valores genotípicos foram preditos via melhor predição linear não viesada (BLUP) e a seleção genética foi feita via índice FAI-BLUP. O teste da razão de verossimilhança (LRT) detectou efeitos significativos de genótipos e de interação GE. Portanto, há variabilidade genética entre os genótipos avaliados e interação GE. A correlação genotípica através dos locais apresentou baixa magnitude, reforçando a necessidade de métodos estatísticos eficientes para a identificação de genótipos superiores. Com a seleção dos seis melhores genótipos pelo índice FAI-BLUP, foram obtidos ganhos no sentido desejado para todos os ambientes avaliados e também um ganho considerável na média total dos ambientes. Em vista disso, no presente estudo, o índice FAI-BLUP mostrou-se útil na seleção dos genótipos de soja, que proporcionam ganhos consideráveis para a característica produtividade de grãos.

Apoio: Capes

## Severidade da cercosporiose em população resultante de cruzamentos entre *Coffea arabica* L. e *Coffea liberica* L.

MARIZ, B. L.<sup>1</sup>; FEITOSA, F. DE M.<sup>1</sup>; SILVA, A. C. A.<sup>1</sup>; CAIXETA, E. T.<sup>1,2</sup>; OLIVEIRA, A. C. B. DE<sup>2</sup>; PEREIRA, A. A.<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório Biotecnologia do cafeeiro, Bioagro, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Embrapa Café, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

<sup>3</sup>Epamig, Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais.

A cercosporiose (*Cercospora coffeicola*) é uma doença agressiva para o café arábica (*Coffea arabica* L.), pois ocasiona perdas na produção por induzir desfolha, queda de flores e frutos, além de comprometer a qualidade da bebida. Considerando estes desafios produtivos, objetivou-se avaliar o grau de severidade da *Cercospora coffeicola* em 21 famílias provenientes dos cruzamentos entre *C. arabica* e *C. liberica*, nos anos de 2010 a 2013. Os genótipos localizados em Três Pontas-MG pertencem ao Programa de Melhoramento Genético do Cafeeiro da Epamig, em parceria com a Embrapa Café, UFV e UFLA. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com três repetições de 6 plantas/parcela (3,5m entre fileiras e 0,80m entre plantas) e uso do cultivar Mundo Novo como testemunha. A avaliação se baseou em escala de severidade da cercosporiose nas folhas do cafeeiro, considerou nota 1 para plantas altamente resistentes com folhas sem cercosporiose; nota 2 para as resistentes com poucas pústulas e esporos; nota 3 as suscetíveis com poucas pústulas e alta produção de esporos; nota 4 quando muito suscetíveis com média quantidade de pústulas e alta produção de esporos; e nota 5 para as extremamente suscetíveis com altas quantidades de pústulas e produção de esporos. Nos quatro anos avaliados, 68,80% dos cafeeiros se comportaram como altamente resistentes a resistentes. No ano de 2010, foram identificadas plantas com notas 2 (76,12%) e 3 (17,42%), não sendo observado notas 4 e 5. Em 2011, as notas 1, 2, 3 e 4 foram de 16,76%, 50,27%, 32,70% e 0,27% respectivamente, e sem observações de plantas extremamente suscetíveis caracterizadas pela nota 5. A população em 2012 apresentou ataque mais severo, com 6,74% de plantas com nota 1, 46,09% com nota 2, 26,68% com nota 3, 17,25% com nota 4 e 3,23% com nota 5. Em 2013, as notas observadas variaram de 24,26%, 49,06%, 16,71%, 8,63% e 1,35% para as notas de 1 a 5, respectivamente. Ao longo dos anos avaliados, a população se manteve com a maioria dos indivíduos resistentes a infecção por *Cercospora coffeicola*, com indicativo de presença de fontes de resistência que poderão ser incorporadas no melhoramento genético do cafeeiro.

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



### Use of digital images to estimate leaf area in common bean

BRAGA, C. S.<sup>1</sup>; SANTOS, W.<sup>1</sup>; FRAZÃO, I. S. <sup>1</sup>; LIMA, J. A. <sup>2</sup>; LOPES, D. V. R. <sup>1</sup>;  
SOUZA, S. A. M. <sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética Vegetal, Departamento de Biologia, Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reys Maldonado.

<sup>2</sup>Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular, Departamento de Biologia, Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos Alberto Reys Maldonado.

Leaf area is an important parameter for genetic characterization of plants. It generates information for growth and productivity evaluation. Therefore, the fast and efficient methods are essential for obtaining this kind of data. Currently, traditional phenotypic characterization is simple and accessible. However, it takes time and depends on manpower. In this situation, the phenomics is useful to make the morphoagronomic measurements more accurate. Moreover, it requires little time and little workers to perform the analyzes. The objective of the present study was to compare the efficiency of two methods of leaf area estimation: leaf area integrator (LI-COR 3100) and ImageJ software, in four *Phaseolus vulgaris* L. genotypes. Thirty leaves (only the central leaflet was used) of each genotype were evaluated via integrator and in digital analysis via scanner. The same leaves were scanned at 300 DPI resolution, stored in TIFF format and processed in the ImageJ software. Data were subjected to Person ( $r$ ) regression and correlation analysis using the Genes statistical software. For genotypes PV1, PV2, PV3 and PV4 the coefficient of determination was  $R^2 = 0.9460$ ;  $R^2 = 0.9992$ ;  $R^2 = 0.9873$  and  $R^2 = 0.9958$ , respectively. It is evidence an excellent fit of the data to the linear regression model. The Person correlation showed that the degree of association between the methods is positive and high (PV1 = 0.9726, PV2 = 0.9992, PV3 = 0.9936 and PV4 = 0.9979). The high values obtained from the determination and correlation coefficients show a high association between the reference method (LI-COR 3100) and the proposed method (digital images-ImageJ). Both methods have high precision and accuracy to estimate the leaf area of common bean. Therefore, the results showed association between the two methods. And the use of digital images for phenotypic characterization generated accurate results and it can reduced costs in relation to the use of high cost equipment to estimate important agronomic characters for plant selection.

Apoio: CAPES (Código de financiamento 001).



### **Variabilidade genética de cultivares de soja avaliados sob estresse hídrico**

PIRES, A. L. J.<sup>1</sup>; MOURA, L. O.<sup>1</sup>; CAVALLIN, I. C.<sup>1</sup>; SILVA, D. B.<sup>1</sup>; ROSMANINHO, L. B. C.<sup>1</sup>; SILVA, F. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa.

A soja é uma cultura de grande importância econômica no Brasil, com a maior contribuição para o PIB do país dentre os demais grãos. Períodos de secas irregulares podem comprometer o desempenho da cultura, de forma que cultivares adaptadas à seca são necessários. Assim, o objetivo deste trabalho é verificar a existência de variabilidade genética e da interação genótipos x ambientes (GxA) na massa de 100 grãos em cultivares de soja sob condições de déficit hídrico e controle. Para isso, 94 cultivares de soja foram avaliadas em dois experimentos em casa de vegetação, na Universidade Federal de Viçosa, entre outubro de 2018 e fevereiro de 2019. Cada parcela foi constituída por um vaso com uma planta. Os experimentos foram conduzidos sob dois regimes de irrigação, nos quais um experimento foi irrigado até a capacidade de campo (controle) e o outro até 50% da capacidade de campo (estresse). O estresse foi aplicado nos estádios fenológicos R3 a R6. A massa de 100 grãos (M100) foi avaliada através da pesagem de 100 grãos escolhidos aleatoriamente dentre os grãos cheios de cada planta. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Realizou-se as análises de variância individuais e a análise conjunta na qual os efeitos dos genótipos foram considerados aleatórios e os dos ambientes foram considerados fixos. O coeficiente de variação (CV) no experimento controle foi 17,04%, enquanto no experimento estresse foi 14,18%. Na análise conjunta, o CV foi 15,81%. O resultado da análise conjunta indicou que não há efeito significativo da interação GxA, e que existe diferença significativa entre os genótipos ( $P < 0,01$ ). Foi observada ampla variação da característica dentre os cultivares avaliados. A M100 do experimento controle mostrou um valor médio de 13,22, com variação de 5,46 a 33,24. Já no experimento estresse, a M100 teve média de 12,18 e variou de 5,64 a 22,23. A herdabilidade estimada no experimento controle foi 0,63, enquanto que no experimento com estresse foi de 0,72. A herdabilidade na análise conjunta foi 0,81. Conclui-se que há variabilidade genética entre as cultivares e que não há efeito significativo da interação GxA para a característica.

Apoio: CNPq; CAPES; FUNARBE



### **Variação do número de grãos de cultivares de soja avaliados sob estresse hídrico**

MATOS, L. F. A.<sup>1</sup>; MOURA, L. O.<sup>1</sup>; SANTOS, A. L.<sup>1</sup>; SOARES, B. A.<sup>1</sup>; LIMA, N. L.<sup>1</sup>; SILVA, F. L.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Melhoramento de Soja, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, e com 70% da produção voltada para a exportação, a cultura ajuda a equilibrar a balança comercial do país. Porém, o déficit hídrico nos estádios reprodutivo da soja pode comprometer sua produtividade. O objetivo desse trabalho foi avaliar a variabilidade genética e a interação genótipos x ambientes (GxA) no número de grãos de cultivares de soja sob irrigação normal e déficit hídrico. Para isso, 94 cultivares de soja foram avaliados em dois experimentos sob diferentes regimes de irrigação. O primeiro experimento foi irrigado diariamente até a capacidade de campo do solo (controle) e o segundo foi irrigado até 50% da capacidade de campo do solo (estresse). O estresse foi aplicado quando as plantas estavam nos estádios fenológicos R3 a R6. O número de grãos (NG) foi avaliado através da contagem dos grãos cheios produzido em cada parcela. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, entre o período de outubro de 2018 e fevereiro de 2019. Foi adotado o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições em cada experimento. Após a coleta dos dados, foi realizada a análise de variância individual e a análise conjunta. Os efeitos dos genótipos foram considerados aleatórios e os dos ambientes foram considerados fixos. O coeficiente de variação (CV) nas análises individuais foram 13,29% e 15,20% nos experimentos controle e estresse, respectivamente. Na análise conjunta, o CV foi de 14,15%. O resultado da análise conjunta indicou que existe diferença significativa ( $P < 0,01$ ) entre os genótipos, e que existe interação GxA significativa ( $P < 0,01$ ). Os valores mínimo e máximo de NG no experimento controle foram 38 e 221, respectivamente, enquanto a média foi igual a 139. Já no experimento sob estresse, os valores mínimo e máximo foram 43 e 171, respectivamente, e a média foi igual a 103. As herdabilidades foram estimadas em 0,69 no experimento controle e 0,72 no experimento estresse. A herdabilidade na análise conjunta foi igual a 0,78. Conclui-se que existe variabilidade genética e interação GxA significativa nos cultivares de soja sob diferentes regimes de irrigação.

Apoio: CNPq; CAPES; FUNARBE