

10º CBMP

CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ÁGUAS DE LINDÓIA/SP | 2019

28 A 31 JULHO 2019

TEMA:

PESQUISA E INOVAÇÃO PARA O DESENVOLVIMENTO DA SOCIEDADE

Resumos dos Trabalhos

BIOTECNOLOGIA E GENÔMICA..... 40

A GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY REVEALS SNPS ASSOCIATED WITH DIPLODIA EAR ROT RESISTANCE IN A TROPICAL MAIZE CORE DIVERSITY PANEL..... 41

ANÁLISE COMPARATIVA DE MÉTODOS BAYESIANOS E FREQUENTISTAS NA SELEÇÃO RECORRENTE GENÔMICA EM MILHO-PIPOCA..... 42

ANÁLISE DE RNASEQ DE GENES RESPONSIVOS AO DÉFICIT HÍDRICO NA FASE REPRODUTIVA DA SOJA..... 43

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA O FLORESCIMENTO DE AVEIA EM CONDIÇÕES SUBTROPICAIS..... 44

AVALIAÇÃO IN SILICO DAS INTERAÇÕES ENTRE A TOXINA CRY1AC1 E O RECEPTOR CADERINA DE POPULAÇÕES DE HELICOVERPA ARMIGERA SUSCETÍVEIS E RESISTENTES ENCONTRADAS EM CAMPO..... 45

CONSTRUÇÃO DE BIBLIOTECA GENÔMICA ENRIQUECIDA COM MARCADORES MICROSSATÉLITES DE VITIS SP..... 46

DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE OF MODERN AND OLD CARIOCA CULTIVARS AFTER 48 YEARS OF COMMON BEAN GENETIC BREEDING..... 47

EARLY RESPONSES OF EUCALYPTUS GRANDIS GENOTYPES TO RUST INFECTION USING PROTEOMIC APPROACHES..... 48

ESTIMATIVA DE VIABILIDADE POLÍNICA E ÍNDICE MEIÓTICO DE OCHROMA PYRAMIDALE.... 49

GENES CANDIDATOS PARA COR DO TEGUMENTO DO GRÃO CARIOCA DE FEIJÃO COMUM UTILIZANDO ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA..... 50

GENOME ASSEMBLY OF CONTRASTING SOYBEAN CULTIVARS FOR THE TOLERANCE TO THE STINK BUG COMPLEX..... 51

GENOME WIDE ASSOCIATION STUDY OF QUANTITATIVE RESISTANCE CHARACTERS IN SOYBEAN BREEDING MATERIALS TO ASIAN RUST..... 52

GENOME-WIDE ASSOCIATION MAPPING OF FIBRE AND SUGAR TRAITS IN SUGARCANE..... 53

GENOMIC SELECTION IN RUBBER TREE BREEDING: A COMPARISON OF MODELS AND METHODS..... 54

GENOMICLAND: SOFTWARE FOR GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES AND GENOMIC PREDICTION..... 55

GENÓTIPO DE CANA-DE-AÇÚCAR TRANSGÊNICA RESISTENTE AO HERBICIDA GLIFOSATO.... 56

GWAS FOR RESISTANCE TO COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM RACE 2 IN COMMON BEAN..... 57

IDENTIFICAÇÃO DE MECANISMOS RELACIONADOS À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO PROLONGADO EM CULTIVARES DE CANA-DE-AÇÚCAR COM RESPOSTAS CONTRASTANTES À SECA..... 58

IDENTIFICATION OF GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH MATURITY GROUPS IN SOYBEAN..... 59

IDENTIFICATION OF SNP MARKERS TIGHTLY LINKED TO RPP5 ALLELE FROM PI 200487..... 60

MAPEAMENTO DE HERDABILIDADES REGIONAIS APLICADA A CULTURA DO ARROZ..... 61

PERFIL TRANSCRICIONAL DO GENE OSATG8A EM RESPOSTA AO EXCESSO DE FE EM ARROZ 62

POTENTIAL OF SNP AND INDEL FOR GENETIC MAPPING IN PAPAYA..... 63

REFERENCE GRADE GENOME SEQUENCE ASSEMBLY FOR A BRAZILIAN SOYBEAN GERMPLASM..... 64

RNA-SEQ ANALYSES OF COLD-STRESS IN SUGARCANE WITH A REFERENCE GENOME AND A TRANSCRIPTOME-BASED PIPELINES..... 65

SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES ASSOCIADOS AO GENESH3 DE RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA EM GENÓTIPOS DE CAFÉ DERIVADOS DA SÉRIE BA..... 66

SELEÇÃO GENÔMICA PARA RESISTÊNCIA À MANCHA MARROM DA ALTERNARIA EM CITRUS..... 67

SELECTION OF MOLECULAR MARKERS TO IMPROVE SOYBEAN LINES AT PMQS/DBB/BIOAGRO/UFV BREEDING PROGRAM..... 68

SNP DISCOVERY AND POPULATION STRUCTURE IN WILD AND CULTIVATED GENOTYPES OF COFFEA ARABICA..... 69

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES ASSOCIADOS A RESISTÊNCIA A DOENÇAS EMERGENTES DE ARROZ..... 70

VALIDAÇÃO DE SNPS PARA SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES DO LOCUS RPP6 DE RESISTÊNCIA À FERRUGEM ASIÁTICA DA SOJA..... 71

VALIDATION OF REFERENCE GENES UNDER PHOTOPERIOD ARTIFICIAL FLOWERING INDUCTION IN SUGARCANE BY RT-QPCR..... 72

BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO DE PLANTAS 73

A PHENOTYPING TOOL FOR WATER STATUS DETERMINATION IN SOYBEAN BY VEGETATION INDEXES AND NIR-SWIR SPECTRAL BANDS..... 74

ABD: DESIGNING REPLICATES OF TRAINING AND TESTING SETS IN ORDER TO INCREASE THE QUALITY OF THE ESTIMATOR IN VALIDATION SCHEMES..... 75

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA TIPO ALIMENTO VIA AMMI BAYESIANO..... 76

ADAPTABILITY AND STABILITY OF CORN GENOTYPES IN FIVE ENVIRONMENTALS IN THE MATO GROSSO STATE..... 77

ADDITIVE-DOMINANT GENETIC MODELS FOR PROGENITORS AND CLONE SELECTION TO INCREASE ROOT YIELD IN CASSAVA..... 78

AMMI BAYESIANO NO ESTUDO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO CARIOCA EM AMBIENTES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO..... 79

ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE MANDIOCA DE MESA..... 80

AVALIÇÃO DE COMPOSIÇÃO BROMATOLÓGICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR..... 81

BIOMETRIA APLICADA AO ZONEAMENTO AGRÍCOLA E RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO GUANDU EM MOÇAMBIQUE..... 82

DETERMINAÇÃO DOS PADRÕES DE HERANÇA DA EFICIÊNCIA E RESPONSIVIDADE NO USO DO FÓSFORO QUANTO ÀS CAPACIDADES GERAIS E ESPECÍFICAS DE COMBINAÇÃO..... 83

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ÁRVORES MATRIZES DE HANDROANTHUS IMPETIGINOSUS (MART. EX DC) MATTOS A PARTIR DE CARACTERES BIOMÉTRICOS DE FRUTOS E SEMENTES..... 84

EFFICIENCY OF SPATIAL ANALYSIS IN POTATO BREEDING TRIALS..... 85

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL PARA HÍBRIDOS DE MILHO..... 86

EVALUATION OF SPATIAL MODELING IN AN ADVANCED FIELD TRIAL OF BIOMASS SORGHUM UNDER EXTRA SYSTEMATIC ENVIRONMENTAL VARIATION..... 87

MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA MÚLTIPLOS CARACTERES EM HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO.. 88

MODELOS FIXO, ALEATÓRIO E MISTOS NA ANÁLISE DE GENÓTIPOS X AMBIENTES DE MAMONA..... 89

MODELOS GENÔMICOS APLICADOS À SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES NA SOJA..... 90

PLANT BREEDING FOR SOYBEAN RESISTANCE TO STINK BUG COMPLEX: A STRATEGIE TO FIT THE MODELS..... 91

PROPOSTA DE ABORDAGEM DE AGRUPAMENTO FUZZY PARA AUXILIAR NA RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES..... 92

REPETIBILIDADE PARA SEVERIDADE DE PINTA PRETA EM GENÓTIPOS DE MAMOEIRO..... 93

SUGARCANE CLONES SELECTION AT RIBEIRÃO PRETO AREA..... 94

MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS 95

AGRESSIVIDADE E ESPORULAÇÃO DE ISOLADOS DE PSEUDOCERCOSPORA GRISEOLA DO FEIJOEIRO..... 96

ALTERNÂNCIA DA TEMPERATURA E FOTOPERÍODO NO CRESCIMENTO E ESPORULAÇÃO DE LINHAGENS DE COLLETOTRICHUM SPP. ORIUNDAS DE LESÕES DE SARNA E ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO..... 97

ANÁLISE DE LINHAGENS PARA IDENTIFICAÇÃO DE SOJA HORTALIÇA COM TOLERÂNCIA A FERRUGEM ASIÁTICA..... 98

ANÁLISE DE TRILHA ENTRE CARACTERES DE RENDIMENTO DE GRÃOS EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI..... 99

ANÁLISE DE TRILHA PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE ECONÔMICO EM HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO..... 100

ANÁLISES DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO POR MÉTODOS MULTIVARIADOS..... 101

ASSOCIAÇÃO ENTRE O ESCURECIMENTO DOS GRÃOS E REAÇÃO À MURCHA-DE-FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA..... 102

AVALIAÇÃO DA RESPOSTA À BRUSONE EM GERMOPLASMA JAPÔNICA TROPICAL DE ARROZ..... 103

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI EM CONDIÇÕES DE ESTRESSE SALINO..... 104

AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO BRANCO DESTINADOS À ALIMENTAÇÃO HUMANA..... 105

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI EM MANAUS – AM..... 106

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO PARA TOLERÂNCIA À SECA..... 107

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS ELITE DE SOJA DA ESALQ/USP VISANDO DETERMINAÇÃO DO VALOR DE CULTIVO E USO EM DIFERENTES MANEJOS..... 108

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO QUANTO AO PESO DE ESPIGAS DESPALHADAS..... 109

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DA GERAÇÃO F2 DE FEIJÃO-FAVA..... 110

AVALIAÇÃO E ÍNDICES DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO EM SANTA CATARINA..... 111

AVALIAÇÃO TEMPORAL DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA CERVEJEIRA NO CERRADO..... 112

BRSMG ALTEROSA: CULTIVAR DE ARROZ PARA PLANTIO EM VÁRZEAS MINEIRAS..... 113

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS..... 114

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S3 DE MILHO EM CRUZAMENTOS TOPCROSSES..... 115

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S3 DE MILHO EM TOPCROSSES..... 116

CAPACIDADE COMBINATÓRIA E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS TOPCROSSES DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA..... 117

CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO UTILIZANDO ESQUEMA DE DIALELO CIRCULANTE..... 118

CAPACIDADES COMBINATÓRIAS DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIAS A FERRUGEM POLISSORA E HELMINTOSPORIOSE EM MILHO-PIPOCA ESTIMADAS VIA TESTCROSSES..... 119

CARACTERES DA ARQUITETURA DE PLANTA ERETA E SUA RELAÇÃO COM A PRODUTIVIDADE EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO..... 120

CARACTERES DA ESPIGA NA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES NA GERAÇÃO F5 EM TRIGO..... 121

CARACTERES DA QUALIDADE TECNOLÓGICA E MINERAIS E SUA RELAÇÃO COM COMPOSTOS FENÓLICOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO ANDINO..... 122

CARACTERES DA QUALIDADE TECNOLÓGICA E NUTRICIONAL E SUA RELAÇÃO COM FITATOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO..... 123

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO TIPO CARIOCA QUANTO À EFICIÊNCIA DO USO DO FÓSFORO EM LATOSSOLO VERMELHO EUTRÓFICO..... 124

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO UTILIZANDO MEDIDAS REPETIDAS NO TEMPO DE CARACTERES FISIOLÓGICOS E FENOLÓGICOS..... 125

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA EM EXPERIMENTOS DE VALOR DE CULTIVO E USO NO ESTADO DE SÃO PAULO..... 126

CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM POR MEIO DE ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS..... 127

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA PARA RESISTENCIA A PERCEVEJOS VISANDO O REGISTRO E PROTEÇÃO DE CULTIVARES..... 128

CARACTERIZAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO E FENOLÓGICO DE CULTIVARES COMERCIAIS DE SOJA DE DIFERENTES GRUPOS DE MATURIDADE..... 129

COMBINING ABILITY FOR AGROMORPHOLOGICAL AND PHYSIOLOGICAL TRAITS IN DIFFERENT GENE POOLS OF COMMON BEAN SUBJECTED TO WATER DEFICIT..... 130

COMBINING RUST RESISTANCE AND HIGH-YIELD IN SOYBEAN ELITE LINES..... 131

COMPOSIÇÃO MINERAL E TEOR DE PROTEÍNA EM GRÃOS DE FEIJÃO PERTENCENTES A DIFERENTES GRUPOS COMERCIAIS..... 132

COMPRIMENTO DE CÉLULAS-GUARDA E DENSIDADE DE ESTÔMATOS NA IDENTIFICAÇÃO DE HAPLOIDES MATERNOS INDUZIDOS IN VIVO EM MILHO..... 133

CONTRIBUIÇÃO GENÉTICA DOS PROGENITORES DAS CULTIVARES DE TRIGO DO RIO GRANDE DO SUL..... 134

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS..... 135

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS EM SORGO SACARINO EM DIFERENTES CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE..... 136

CORRELATION NETWORKS AMOUNG SOYBEAN SEED QUALITY, CANOPY COVERAGE, AND GRAIN YIELD..... 137

CO-SEGREGATION OF F2:3 FAMILIES FROM CROSS JALO VERMELHO × CRIOULO 159 TO RACES 55 AND 1545 OF COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM..... 138

CURVA DE EMBEBIÇÃO DE SEMENTES DE FEIJÃO-CAUPI SUBMETIDAS AO ESTRESSE SALINO..... 139

DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA E HETEROSE EM GENÓTIPOS DE MILHO DA VARIEDADE UFG-SAMAMBAIA..... 140

DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO GENETICAMENTE MODIFICADOS COMPARADOS A HÍBRIDOS DE MILHO CONVENCIONAIS NO BRASIL..... 141

DESEMPENHO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA EM ENSAIOS PRELIMINARES VISANDO A RECOMENDAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES..... 142

DESEMPENHO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO DIFERINDO NO CICLO ORIUNDAS DE UM MESMO POOL GÊNICO..... 143

DIMENSÃO IN VITRO E IN VIVO DE ASCÓSPOROS DE LINHAGENS DE GLOMERELLA SPP. DO FEIJOEIRO..... 144

DISCRIMINAÇÃO DE HAPLOIDES E DIPLOIDES MATERNOS EM MILHO POR MEIO DE CARACTERÍSTICAS DE PLÂNTULA..... 145

DIVERSIDADE FENOTÍPICA E CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE SOJA..... 146

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS ELITES DE FEIJÃO-COMUM ESTIMADA COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES..... 147

DIVERSIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES BIOQUÍMICOS EM ACESSOS DE FEIJÃO DO INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ..... 148

DOMINANCE EFFECTS CAN INFLUENCE GENETIC CONTROL OF POPPING EXPANSION IN POPCORN UNDER DIFFERENT WATER CONDITIONS?..... 149

DUPLO-HAPLÓIDES DE MILHO SUPERDOCE OBTIDOS EM CASA DE VEGETAÇÃO..... 150

É POSSÍVEL AUMENTAR A PRODUTIVIDADE DA SILAGEM DE MILHO SEM PREJUDICAR SUA QUALIDADE?..... 151

ECOPHYSIOLOGICAL MODELS IMPROVE PREDICTION ACCURACY IN GENOMICS-ASSISTED MAIZE BREEDING..... 152

EFEITO DA DENSIDADE POPULACIONAL SOBRE O CRESCIMENTO E DESENVOLVIMENTO DE GENÓTIPOS DE SALVIA HISPANICA L..... 153

EFEITO DA INCLUSÃO DO PARENTESCO GENÔMICO EM ANÁLISES DIALELICAS DE MILHO TROPICAL..... 154

EFEITO DO ESTRESSE SALINO NA GERMINAÇÃO E EMERGÊNCIA DE SORGO BIOMASSA..... 155

EFEITO DO PACLOBUTRAZOL SOBRE CRESCIMENTO E DESENVOLVIMENTO DE CHIA..... 156

EFEITOS GÊNICOS DA RESISTÊNCIA A BIPOLARIS MAYDIS EM MILHO-PIPOCA SOB NÍVEIS CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO NO SOLO..... 157

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES EM RELAÇÃO A EFICIÊNCIA FENOTÍPICA..... 158

ESTABELECIMENTO DE PROTOCOLO REGENERATIVO PARA CHIA (SALVIA HISPANICA L.)..... 159

ESTIMATIVA DO POTENCIAL DE POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS..... 160

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES RELACIONADOS À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO EM CRAMBE..... 161

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA..... 162

ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE LINHAGENS DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS, RESISTÊNCIA E TOLERÂNCIA À FERRUGEM ASIÁTICA..... 163

EXPRESSÃO DA HETEROSE PARA O CRESCIMENTO, STATUS HÍDRICO E O DESENVOLVIMENTO RADICULAR DE PLANTAS DE MILHO-PIPOCA..... 164

GANHOS ESTIMADOS DE SELEÇÃO NO RENDIMENTO DE GRÃOS COM E SEM TESTE DE PROGÊNIE EM MILHO VARIEDADE..... 165

GENETIC CORRELATIONS AMONG MORPHOPHYSIOLOGICAL ATTRIBUTES IN POPCORN INBRED LINES UNDER DIFFERENT WATER CONDITIONS..... 166

GENETIC PARAMETERS RELATED TO GAS EXCHANGE AND PRODUCTION COMPONENTS IN COWPEA POPULATIONS UNDER DROUGHT..... 167

GENOMIC REGIONS AND CANDIDATE GENES ASSOCIATED WITH THE COMMON BEAN RESPONSE TO MELOIDOGYNE INCOGNITA..... 168

GRUPOS HETERÓTICOS NO GERMOPLASMA DE MILHO-PIPOCA UFCA..... 169

HERANÇA DO COMPRIMENTO DO PRIMEIRO INTERNÓDIO EM SOJA..... 170

HETEROSE EM HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS..... 171

IAC 1849 POLACO: CULTIVAR CARIOCA DE FEIJOEIRO COM CICLO PRECOCE E TOLERANTE AO ESCURECIMENTO DO GRÃO..... 172

IAC 1850: cultivar carioca de feijoeiro para alta produtividade..... 173

IAC NUANCE E IAC TIGRE: CULTIVARES DE FEIJOEIRO PARA MERCADOS ESPECIAIS 174

IDENTIFICAÇÃO DE FONTES E OBTENÇÃO DE FAMÍLIAS S1 DE MELOEIRO RESISTENTES À RIZOCTONIOSE..... 175

IMPLICAÇÕES DAS PROPORÇÕES ALÉLICAS DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES PARA A SELEÇÃO DE PLANTA ERETA E COM COR DOS GRÃOS CLARA PERSISTENTE NO FEIJÃO CARIOCA..... 176

INDUÇÃO DE HAPLOIDIA EM HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO DE REGIÃO SUBTROPICAL..... 177

INFLUÊNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS ENTRE GENITORES TIPO ALIMENTO X TIPO GRÃO..... 178

INTERACTION SOYBEAN GENOTYPES BY SOWING TIMES: SELECTING FOR DIFFERENT BRAZILIAN LATITUDES..... 179

LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO COM ALTOS TEORES DE FERRO E ZINCO AVALIADAS EM VÁRIOS AMBIENTES..... 180

MACHINE LEARNING ALGORITHMS MAY AUTOMATE THE MAIZE DOUBLED HAPLOID SELECTION..... 181

MELHORAMENTO GENÉTICO PREVENTIVO DO FEIJOEIRO-COMUM PARA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO AUREOLADO..... 182

MODELO MISTO NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA ORIUNDOS DE POPULAÇÕES OBTIDAS ENTRE GENITORES COM DIFERENTES GRUPOS DE MATURIDADE..... 183

MONITORAMENTO DA AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS DE PSEUDOCERCOSPORA GRISEOLA COLETADOS EM ANOS DIFERENTES NO ESTADO DE MINAS GERAIS..... 184

NOVAS LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA PRECOCE PARA ALTO RENDIMENTO DE GRÃOS EM PERNAMBUCO..... 185

NOVAS LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO PARA ALTO RENDIMENTO DE GRÃOS EM PERNAMBUCO..... 186

O CRESCIMENTO, STATUS HÍDRICO E O DESENVOLVIMENTO RADICULAR DE PLANTAS DE MILHO-PIPOCA APRESENTAM EFEITOS RECÍPROCOS EM CRUZAMENTOS?..... 187

OBTENÇÃO DE DUPLO-HAPLOIDES DE MILHO VIA ASSOCIAÇÃO DE PROTOCOLOS DE DUPLICAÇÃO CROMOSSÔMICA..... 188

OBTENÇÃO DE PROGÊNIES PRODUTIVAS DE CÁRTAMO DESENVOLVIDAS PELA FCA/UNESP..... 189

OPTIMIZING UAV-BASED PHENOMIC PREDICTION OF PLANT HEALTH AND GRAIN YIELD IN SORGHUM HYBRIDS..... 190

PARÂMETROS GENÉTICOS ASSOCIADOS À QUALIDADE DA FIBRA DO ALGODOEIRO (GOSSYPIUM HIRSUTUM)..... 191

PARÂMETROS GENÉTICOS ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA AO HETERODERA GLYCINES EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS TIPO ALIMENTO X TIPO GRÃO..... 192

PARÂMETROS GENÉTICOS DE GENÓTIPOS DE CEVADA NUA (HORDEUM VULGARE L. VAR. NUDUM HOOK. F.) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO DO BRASIL CENTRAL..... 193

PARÂMETROS GENÉTICOS E DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE GRÃOS..... 194

PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM PROGÊNIES PRECOCES E TARDIAS DE SOJA..... 195

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO PARA O NORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO..... 196

PARÂMETROS GENÉTICOS EM SELEÇÃO RECORRENTE PARA TEORES DE FERRO E ZINCO EM FEIJÃO PRETO..... 197

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DRY DOWN, COMPONENTES DE RENDIMENTO E O ESCORE DE IDENTAÇÃO EM GRÃOS DE MILHO..... 198

POTENCIAL AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO..... 199

POTENCIAL PRODUTIVO DE HÍBRIDOS SIMPLES EXPERIMENTAIS DE MILHO EM GUARAPUAVA-PR..... 200

PRECOCIDADE E PRODUTIVIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO GRANÍFERO PARA SAFRINHA..... 201

PREDIÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA (PHASEOLUS LUNATUS L.)..... 202

PREDICTION OF GENETIC GAIN IN COMMON BEAN LINES..... 203

PRODUTIVIDADE DE FEIJÃO PRETO PRECOCE EM DIFERENTES AMBIENTES NO ANO AGRÍCOLA DE 2016..... 204

PRODUTIVIDADE E RESISTÊNCIA À FERRUGEM DE HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO..... 205

PROGRESSO DA SEVERIDADE DE DOENÇAS FOLIARES EM HÍBRIDOS TOPCROSES DE MILHO..... 206

PROGRESSO GENÉTICO APÓS 18 CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA RESISTÊNCIA À MANCHA ANGULAR NO FEIJOEIRO..... 207

REAÇÃO DE ISOLADOS DE PSEUDOCERCOSPORA GRISEOLA A DIFERENTES FUNGICIDAS: IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO..... 208

REDUÇÃO DO CRESCIMENTO VEGETATIVO E ANTECIPAÇÃO DO FLORESCIMENTO EM CHIA..... 209

RESISTÊNCIA DE LINHAGENS EXPERIMENTAIS DE MILHO À SPODOPTERA FRUGIPERDA..... 210

RESPOSTAS MORFOLÓGICAS IN VITRO DE PLANTAS DE BATATA EXPOSTAS AO ARSENIO..... 211

SELEÇÃO COMBINADA PARA ARQUITETURA DE PLANTA ERETA E PRODUTIVIDADE EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO..... 212

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DO SEGUNDO CICLO DO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DE MILHO PIPOCA..... 213

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS..... 214

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE GIRASSOL NO CERRADO..... 215

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO BASEADO EM MÚLTIPLOS CARACTERES USANDO GGE BIPLOT..... 216

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE CÁRTAMO PARA ALTA PRODUTIVIDADE E TEOR DE ÓLEO..... 217

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO..... 218

SELEÇÃO DE HIBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM UTILIZANDO PROJEÇÃO GT BIPLOT..... 219

SELEÇÃO DE LINHAS PURAS RECOMBINANTES SUPERIORES DE ARROZ VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO..... 220

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO UTILIZANDO ÍNDICE Z..... 221

SIMILARIDADE ENTRE HÍBRIDOS DE MILHO TRANSGÊNICO COM DIFERENTES NÚMEROS DE ALELOS TC1507 X MON89034 X NK603..... 222

SOMA DE RANKINGS NA SELEÇÃO DE CULTIVARES DE MARMELEIROS..... 223

STRESS-DRIVEN RESPONSES TO ASIAN RUST IN SOYBEAN GENOTYPES: DEPICTING THE CONCEPTS OF STATIC AND DYNAMIC TOLERANCE..... 224

TAXAS DE INDUÇÃO À HAPLOIDIA E OBTENÇÃO DE DUPLO-HAPLÓIDES EM MILHO SUPERDOCE..... 225

TOLERÂNCIA À SECA EM HÍBRIDOS INTERVARIETAIS DE MILHO EM AMBIENTES COM IRRIGAÇÃO E SOB DEFICIÊNCIA HÍDRICA..... 226

TOLERÂNCIA DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO À DOENÇAS FOLIARES COM BASE NA AACPD..... 227

TOLERÂNCIA DE LINHAGENS DE SOJA À FERRUGEM-ASIÁTICA..... 228

UNCOVERING THE GENETIC ARCHITECTURE OF STINK BUG COMPLEX RESISTANCE IN SOYBEAN THROUGH QTL MAPPING..... 229

USO DA SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DE INDUTOR DE HAPLOIDES EM MILHO TROPICAL..... 230

USO DE ANÁLISE MULTIVARIADA EM GENÓTIPOS DE MILHO SUBMETIDOS A ADUBAÇÃO NITROGENADA E A INOCULAÇÃO COM AZOSPIRILLUM BRASILENSE..... 231

MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES..... 232

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA A SEPTORIOSE EM CONDIÇÕES DE CAMPO 233

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA A VERRUGOSE EM CONDIÇÕES DE CAMPO..... 234

AVALIAÇÃO DO NÚMERO DE SEMENTES EM DIFERENTES CRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR NO INÍCIO DO PROCESSO DE MELHORAMENTO..... 235

AVALIAÇÃO DO SUCESSO REPRODUTIVO DE CRUZAMENTOS DIRIGIDOS E AUTOFECUNDAÇÕES EM MACAÚBA (ACROCOMIA ACULEATA)..... 236

AVALIAÇÕES FISIOLÓGICAS E CAPACIDADE DE SOBREVIVÊNCIA DE CLONES COMERCIAIS DE EUCALYPTUS SUBMETIDOS A DÉFICIT HÍDRICO PROGRESSIVO EM CASA DE VEGETAÇÃO..... 237

CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM CAPIM-ELEFANTE POR MEIO DE DIALELO CIRCULANTE PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA-ENERGÉTICA..... 238

CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO DE LINHAGENS F4 DE CARICA PAPAYA L. PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A QUALIDADE DOS FRUTOS..... 239

CONTROLE GENÉTICO DOS CARACTERES DE CRESCIMENTO E QUALIDADE DA MADEIRA DE PINUS TECUNUMANII..... 240

CORRELAÇÃO GENÉTICA E HERDABILIDADE PARA VOLUME E RESISTÊNCIA DA MADEIRA À PERFURAÇÃO COM RESISTÓGRAFO EM PINUS TAEDA..... 241

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM MUDAS DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE MACAÚBA (ACROCOMIA ACULEATA JACQ. LODD EX MART.)..... 242

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE MARACUJAZEIRO NO NORDESTE DE GOIÁS..... 243

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS RC2 DE MARACUJAZEIRO COM BASE EM DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS DOS FRUTOS E NA RESISTÊNCIA AO CABMV..... 244

DIVERSIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO-AZEDO VIA MARCADORES SSR..... 245

EFEITO DA COMPETIÇÃO INTRAGENOTÍPICA EM TESTE DE PROGÊNIE E PROCEDÊNCIA DE EUCALYPTUS PELLITA..... 246

EFEITO DO INIBIDOR DE FLORAÇÃO NA QUALIDADE DA ANÁLISE TECNOLÓGIA EM CONDIÇÕES NATURAIS DE INDUÇÃO FOTOPERIÓDICA EM CANA-DE-AÇÚCAR..... 247

EFICIÊNCIA NO USO DA ÁGUA EM CLONES DE EUCALYPTUS COMO FERRAMENTA AO AUXÍLIO ÀS ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO..... 248

EMPREGO DE ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CATUAÍ (COFFEA ARABICA)..... 249

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DENSIDADE DA MADEIRA EM POPULAÇÃO DE HÍBRIDOS CONTROLADOS DE EUCALIPTOS..... 250

EXPLORANDO O POTENCIAL DA FLORESTA OMBRÓFILA MISTA: AVALIAÇÕES INICIAIS DE VARIABILIDADE GENÉTICA EM ROUPALA MONTANA VAR. BRASILIENSIS..... 251

FENOTIPAGEM DE EUCALIPTO EM ESTUDOS DE TOLERÂNCIA À SECA EM CASA-DE-VEGETAÇÃO..... 252

GANHOS GENÉTICOS PARA CARACTERES TECNOLÓGICOS DA MADEIRA EM FAMÍLIAS DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE EUCALYPTUS TERETICORNIS SMITH..... 253

HETEROSIS ANALYSIS IN CROSSES AMONG PAPAYA LINES ORIGINATED FROM A SEXUAL CONVERSION BACKCROSS POPULATION..... 254

IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA AO BICHO-MINEIRO EM PROGÊNIES DE COFFEA ARABICA..... 255

IDENTIFICAÇÃO E ANÁLISE FILOGENÉTICA DE MEMBROS DA FAMÍLIA HSP70 EM SERINGUEIRA..... 256

INDIRECT SELECTION IN PSIDIUM GUAJAVA..... 257

INFERÊNCIA BAYESIANA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PLANTAS PERENES..... 258

INFLUENCE OF GERMPLASM SOURCES FOR TURF QUALITY IN MULTI-ENVIRONMENT TRIALS ACROSS THE SOUTHEASTERN UNITED STATES..... 259

INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTES NA SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS DE CAFÉ ROBUSTA NO ESTADO DE SÃO PAULO..... 260

MAPEAMENTO ASSOCIATIVO PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE ECONÔMICO EM SERINGUEIRA..... 261

MODELAGEM DE ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA-COVARIÂNCIA EM GENÓTIPOS DE MUNDO NOVO (COFFEA ARABICA)..... 262

MONITORAMENTO MOLECULAR DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS ELITE DE MAMOEIRO (CARICA PAPAYA L.)..... 263

NOVA VARIEDADE CLONAL DE CAFEEIRO CONILON COM ALTA QUALIDADE DE BEBIDA E APTDÃO PARA CULTIVO SOLTEIRO E CONSORCIADO EM SISTEMA DE SEQUEIRO..... 264

NÚMERO DE QTLS DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS EM CAFÉ ARÁBICA..... 265

NÚMERO DE QTLS DE CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS EM COFFEA CANEPHORA..... 266

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FICUS CARICA L..... 267

PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE ASTRONIUM FRAXINIFOLIUM IMPLANTADO NO CERRADO..... 268

PERFORMANCE INICIAL DE HÍBRIDOS DE CAFÉ ARÁBICA COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA..... 269

PLASTICIDADE FENOTIPICA DE COMBINAÇÕES DA CULTIVAR COPA ‘NIAGARA ROSADA’ ENXERTADAS EM DIFERENTES PORTA-ENXERTOS..... 270

PRECISÃO NA ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS COM DIFERENTES TIPOS DE PARCELAS EXPERIMENTAIS EM EUCALYPTUS SPP..... 271

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DA PALMEIRA MACAÚBA (ACROCOMIA ACULEATA JACQ. LODD EX MART)..... 272

PRÉ-MELHORAMENTO DE PERESKIA ACULEATA MILL..... 273

PRODUTIVIDADE E PARÂMETROS GENÉTICOS DE POPULAÇÕES PARA MELHORAMENTO DE CORYMBIA SPP..... 274

PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES EUCALIPTO EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS DE PLANTIO..... 275

PROPORÇÃO SEXUAL EM POMAR DE SEMENTES DE MYRACRODRUON URUNDEUVA..... 276

QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE DIFERENTES ÁRVORES MATRIZES DE HANDROANTHUS SERRATIFOLIUS (VAHL) S. O. GROSE..... 277

REDE DE CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM CLONES DE SERINGUEIRA..... 278

REDES NEURAIS ARTIFICIAIS PARA PREDIÇÃO DE VALOR GENOTÍPICO DE CLONES DE EUCALIPTO..... 279

RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA EM LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA COM INTROGRESSÃO DE ACESSO DA ETIÓPIA SILVESTRE..... 280

RESISTÊNCIA DA VIDEIRA À ANTRACNOSE..... 281

RESISTÊNCIA SIMULTÂNEA À FERRUGEM ALARANJADA E MANCHA AUREOLADA EM LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA..... 282

SELEÇÃO DE CLONES JUVENIS DE CACAUEIRO EM ENSAIO-PILOTO, COMO BASE PARA FUTURO CULTIVO NO NORTE MINEIRO..... 283

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMÃO VIA GT BIPLOT..... 284

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA DERIVADAS DA SÉRIE BA COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA..... 285

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA DERIVADAS DE ICATU IAC 925 X SARCHIMOR IAC 1669-33 COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA E DE CICLO PRECOCE..... 286

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE COFFEA ARABICA COM INTROGRESSÃO DE C. LIBERICA E C. CANEPHORA COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA E CICLO PRECOCE..... 287

SELEÇÃO DE OCHROMA PYRAMIDALE VISANDO PROPAGAÇÃO VEGETATIVA..... 288

SELEÇÃO SIMULTÂNEA EM EUCALIPTO PARA IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES..289

STOMATAL CONDUCTANCE IN COFFEE PROGENIES WITH LARGE BEANS..... 290

TESTE DE GERMINAÇÃO EM SEMENTES DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO CRUZAMENTOS RECÍPROCOS..... 291

TESTE DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO LIVRE E AUTOFECUNDADAS DE EUCALIPTO EM CARACTERES TECNOLÓGICOS DE SEMENTES E FRUTOS..... 292

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES SILVICULTURAIS EM TESTE DE PROGÊNIES DE PARKIA PLATYCEPHALA BENTH..... 293

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA PESO SECO DA MADEIRA E IDADE ÓTIMA DE SELEÇÃO EM EUCALYPTUS BENTHAMII MAIDEN ET CAMBAGE..... 294

YIELD BIENNIALITY EFFECT ON THE GENOMIC PREDICTION OF ARABICA COFFEE..... 296

IAC VELOZ: NOVA CULTIVAR DE FEIJÃO DE TEGUMENTO PRETO COM CICLO PRECOCE 297

PARÂMETROS GENÉTICOS E VALORES GENOTÍPICOS EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUTRALIANA QUANTO AO RENDIMENTO DE PALMITO 298

RECURSOS GENETICOS 299

ASSOCIATION MAPPING AND USEFULNESS OF LANDRACES TO IMPROVE MAIZE FOR DROUGHT TOLERANCE..... 300

AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE AMOSTRAGEM PARA A OBTENÇÃO DE COLEÇÃO NUCLEAR DE FEIJÃO-FAVA..... 301

CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA COM FLORAÇÃO PRECOCE..... 302

CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO EM PROGÊNIES DE DIPTERYX ALATA VOGEL NA REGIÃO DO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE..... 303

CONSERVAÇÃO GENÉTICA EX SITU DE HYMENAEA STIGONOCARPA UMA OPÇÃO PARA A REGIÃO DO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE..... 304

CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE CATTLEYA WARNERI, UMA ORQUÍDEA BRASILEIRA AMEAÇADA DE EXTINÇÃO..... 305

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-COMUM PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS..... 306

ESTABELECIMENTO E MULTIPLICAÇÃO IN VITRO DE ABACAXIZEIRO VAR. PÉROLA (ANANAS COMOSUS VAR. COMOSUS)..... 307

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF ACESSIONS OF ASTRONIUM FRAXINIFOLIUM SCHOTT..... 308

ESTUDO DA EROSÃO GENÉTICA DO FEIJÃO-FAVA (PHASEOLUS LUNATUS) NO NORDESTE DO BRASIL..... 309

ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE 11 GERMOPLASMA DE FEIJÃO CAUPI DO PARAGUAI..... 310

GENE DE REFERÊNCIA 18S EM SEMENTES DE ERYTHRINA VELUTINA SUBMETIDAS AO ESTRESSE HÍDRICO..... 311

GENETIC CONSERVATION AND SELECTIVE MANAGEMENT OF ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA (BERTOL) KTZE.: A PUBLIC POLICIES PROPOSAL FOR SUSTAINABLE MANAGEMENT FOR NATURAL POPULATION..... 312

IMAGENS TERMOGRÁFICAS NA AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM FEIJOEIRO (PHASEOLUS VULGARIS L.)..... 313

NITRATO DE PRATA NA CONSERVAÇÃO IN VITRO DE SEGMENTOS NODAIS DO MARACUJAZEIRO-AZEDO 'UENF RIO DOURADO'..... 314

PRECOCIDADE E FIXAÇÃO DE FRUTOS DE MELOEIRO EM CRUZAMENTOS ARTIFICIAIS..... 315

USO DE APRENDIZADO DE MÁQUINA PARA CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA..... 316

VARIABILIDADE GENÉTICA EM UMA POPULAÇÃO NATURAL DE HANCORNIA SPECIOSA GOMES..... 317

VARIEDADES LOCAIS DE FEIJOEIRO DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO RESISTENTES AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM..... 318

OUTRAS ÁREAS 319

AGRONOMIC AND PHYSICAL-CHEMICAL PERFORMANCE OF STRAWBERRIES CULTIVARS UNDER CONVENTIONAL AND SEMI-HYDROPONIC CULTIVATION SYSTEM..... 320

ANÁLISE DIALÉLICA DE PIMENTAS DEDO DE MOÇA PARA CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS E BIOQUÍMICAS..... 321

ANÁLISE DO MÉTODO STRAW TEST PARA FENOTIPAGEM DA REAÇÃO DO TABACO AO MOFO BRANCO POR INFERÊNCIA DO AJUSTE DO PROGRESSO DOS SINTOMAS A MODELOS NÃO LINEARES..... 322

ASSINCRONIA DE RITMO MEIÓTICO EM HÍBRIDOS SEXUAIS DE UROCHLOA..... 323

AVALIAÇÃO DA ESPORULAÇÃO DE DIFERENTES ISOLADOS DE PSEUDOCERCOSPORA GRISEOLA 324

AVALIAÇÃO DA INTENSIDADE DE MOSAICO E MANCHA FOLIAR EM PROGÊNIES DE PANICUM MAXIMUM JACQ..... 325

AVALIAÇÃO DE RESISTÊNCIA À MUCHA-BACTERIANA EM LINHAGENS DE TOMATEIRO..... 326

CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE CULTIVARES DE CAPIM FORRAGEIRO DA ESPÉCIE MEGATHYRSUS MAXIMUM..... 327

CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES DE QUIABO VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO COM FOCO NA ALIMENTAÇÃO HUMANA..... 328

CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E BIOQUÍMICA DE CULTIVARES DE ALFACE CRESPA CROCANTE.... 329

CARIÓTIPO E BANDEAMENTO CMA/DAPI EM PIPER HISPIDINERVUM, P. ADUCUM E P. AFFINIS HISPIDINERVUM..... 330

CHARACTERIZATION OF TOMATO GENOTYPES FOR BACTERIAL SPOT RESISTANCE..... 331

COMPARAÇÃO DE EFICIÊNCIA DE ESCALAS DE NOTAS PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS RESISTENTES À MANCHA-BACTERIANA EM TOMATEIRO..... 332

DIFERENCIAÇÃO DE PLANTULAS HAPLOIDES E DIPLOIDES DE MILHO POR PARAMETROS DE VIGOR..... 333

DIFFERENTIAL GENE EXPRESSION ANALYSIS IN ROOTS OF COMMERCIAL SUGARCANE GENOTYPES UNDER DROUGHT STRESS..... 334

DIGITAL PHENOTYPING AND QUALITATIVE TRAITS APPLIED TO FRUITS DESCRIPTION OF CAPSICUM BACCATUM VAR. PENDULUM..... 335

DISCRIMINAÇÃO FISIOLÓGICA DE LINHAGENS DE TOMATEIRO PARA TOLERÂNCIA A CALOR E LUZ..... 336

DISSIMILARIDADE GENÉTICA E IMPORTÂNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MAXIXE..... 337

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE DE GENÓTIPOS DE CEBOLA..... 338

DISTRIBUIÇÃO ESPAÇO-TEMPORAL DO AMARELECIMENTO FATAL EM DIFERENTES MATERIAIS GENÉTICOS DE PALMA-DE-ÓLEO, NA AMAZÔNIA ORIENTAL..... 339

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E IMPORTÂNCIA DE CARACTERES ENTRE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO..... 340

EFICIÊNCIA DO BLUP MULTI-TRAIT NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE UROCHLOA RUZIZIENSIS..... 341

ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE E SIMULAÇÃO DE GANHO COM SELEÇÃO EM ACESSOS DE MILHO CRIOULO..... 342

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM ACESSOS DE BATATA-DOCE..... 343

EXPRESSÃO DOS GENES B- GLUC, PVPR1 E PGL EM FEIJOEIRO INOCULADO POR COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM, RAÇA 65..... 344

GERAÇÃO E DETECÇÃO DE CLONES DE BATATA RESISTENTES AO VÍRUS DO ENROLAMENTO DA FOLHA DA BATATA (PLRV) POR MEIO DE MARCADOR MOLECULAR..... 345

HERANÇA DO PORTE EM ABÓBORA (CUCURBITA MOSCHATA DUCH.)..... 346

IDENTIFICAÇÃO DE HIBRIDAÇÃO EM CRUZAMENTOS CONTROLADOS ENTRE PASPALUM REGNELLII E OUTRAS ESPÉCIES DO GÊNERO PASPALUM..... 347

INDUÇÃO DE ENRAIZAMENTO IN VITRO DE ABACAXIZEIRO CULTIVAR ‘PÉROLA’..... 348

INTERAÇÃO NA INOCULAÇÃO COM BACILLUS SPP. E GERAÇÕES DE SEMENTES DE PINUS TAEDA L..... 349

MÉRITO RELATIVO DE PROGÊNIES S3 DE MILHO COM APTIDÃO FORRAGEIRA EM TOPCROSSES 350

MICROSPOROGÊNESE ASSOCIADA A PRODUÇÃO DE SEMENTES EM HÍBRIDOS SEXUAIS DE UROCHLOA..... 351

NÚMERO DE CROMOSSOMOS E COMPORTAMENTO MEIÓTICO EM PLANTAS DO GÊNERO PASPALUM..... 352

POTENCIAL BIOCIDA DE EXTRATOS DE DIFERENTES ACESSOS DE JATROPHA CURCAS L. SOBRE HEIMLEIA VASTATRIX E CERCOSPORA COFFEICOLA..... 353

PRÉ-SELEÇÃO DE CULTIVARES DE PIMENTÃO EM SIMULAÇÃO DE ESTRESSE SALINO..... 354

PRODUÇÃO DE MINIESTACAS DE EUCALYPTUS BENTHAMII EM FUNÇÃO DE SUPLEMENTAÇÃO DE LUZ ARTIFICIAL EM MINIJARDIM CLONAL..... 355

QUALIDADE TECNOLÓGICA E ESCURECIMENTO DE FEIJÕES CARIOCAS DURANTE O ARMAZENAMENTO..... 356

RESISTENCIA DE DIFERENTES GENOTIPOS DE TOMATEIRO À MOSCA BRANCA (BEMISIA SP.)..... 357

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COM ALTOS TEORES DE BETACAROTENO NA REGIÃO DA ALTA PAULISTA..... 358

SELEÇÃO DE PRIMERS MICROSSATELITES PARA MAPEAMENTO DE QTLS RELACIONADOS À FACILIDADE DE ABSCISÃO DE FRUTOS DE CAPSICUM CHINENSE..... 359

SELEÇÃO INICIAL DE HÍBRIDOS DE BRACHIARIA SPP. PARA RESISTÊNCIA ÀS CIGARRINHAS-DAS-PASTAGENS..... 360

SERINE THREONINE-PROTEIN KINASE PHYLOGENY, A SMALL PIECE OF PAPAYA RESISTANCE EVOLUTIVE HISTORY TO PRSV-P..... 361

SUPERVISED NEURAL NETWORKS AND PHENOTYPIC PREDICTION APPLIED IN THE SELECTION OF POTATO CLONES FOR PROCESSING..... 362

TEMPERATURE EFFECT IN SOYBEAN FATTY ACIDS ACCUMULATION 363

VARIAÇÃO GENOTÍPICA E BIOFORTIFICAÇÃO AGRONÔMICA DE FEIJÃO-CAUPI COM SELÊNIO 364

RESUMOS DAS PALESTRAS

Exploration of the Impact of Genetic Architecture on the Performance of GWAS Models Quantifying Epistasis and Genomic Selection Models that Include Peak-Associated Markers as Fixed-Effect Covariates

Statistical approaches for genome-wide association studies (GWASs) and genomic selection (GS) have facilitated the identification of genomic loci associated with agronomically important traits while controlling for false positives and the use of genome-wide marker data to accurately predict trait values. Nevertheless, statistical models that reflect the multifaceted contributions of loci throughout the genome have a potential to facilitate unprecedented quantification of the genetic architecture underlying various traits and increase prediction accuracies. Here, the performance of two statistical models are evaluated for traits with contrasting genetic architectures simulated using marker data in maize, sorghum, and humans. The results suggest that the first model, designed to quantify the simultaneous contribution of additive and two-way epistatic loci, is capable of identifying and distinguishing between simulated additive and epistatic quantitative trait nucleotides (QTNs). These simulation studies also reveal that the second model, which includes peak-associated markers from a GWAS of a training set as fixed-effect covariates in an RR-BLUP GS model, typically decreases prediction accuracy, increases the variability of prediction accuracy across replicate traits, and is capable of increasing the bias of predictions compared to a standard RR-BLUP GS model.

Agricultural Research Data & Informatics Platforms at ICRISAT & Future Strategies

Abhishek Rathore*, Praveen Reddy T, Sravani Mana, Chaitanya Sarma MNSVK, Chukka Srinivas Rao, Sivasubramani Selvanayagam, Anil Kumar Vemula and Roma Rani Das

International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), Hyderabad, Telangana, India

a.rathore@cgiar.org

Abstract

Agricultural research is getting more & more data driven and data intensive. Data generation technologies are continuously evolving, on one end high-throughput genotyping, phenotyping, GIS/RS platforms are generating petabytes of data and on the other socio-economic scientists are producing hundreds of thousands of data points over years with temporal and spatial stamping.

ICRISAT recognized importance of data science and started to implement and provide various data solutions to facilitate researchers in making data driven research decisions. In this line Breeding Management System (BMS) of Integrated Breeding Platform (IBP) for field experiment data, Genomic Open-source Breeding Informatics initiative (GOBii) for high-throughput genotypic data, CMAP for genetic maps, GBrowse for Genomes, VDSA for part of socio-economic data and various other platforms were implemented. However, for GIS/RS, Weather, Soil and range of socio-economic data we are still using flat files and using dataverse platform as a solution.

Availability of information in queryable databases from multiple disciplines has provided an opportunity for agricultural scientists to develop research question based on cross analyses, query and visualization. The major challenge is that there do not exist any such comprehensive platform to assist in decision making. Developing tools to do that are a major big data analytic challenge including ontologies standardization and protocols for data storage, retrieval, analytics, and visualization and also sharing with other researchers and collaborators.

At ICRISAT we started to modernize our data management infrastructure by developing and adopting BrAPI compliant tools and databases and also strengthening international collaboration to develop and deploy big data analytic platforms.

R TOOLS APPLIED TO PLANT BREEDING

Alexandre Siqueira Guedes Coelho

Escola de Agronomia
Universidade Federal de Goiás

ABSTRACT

The R software is a powerful tool to data analysis. Since its initial conception in 1992, by Ross Ihaka and Robert Gentleman, the R platform has grown vigorously. Today, more than 10 thousand packages are available in CRAN (The Comprehensive R Archive Network) and can be used to apply a great variety of methods to an even greater variety of knowledge areas. This arsenal includes tools of great interest to the plant breeding practice. Using examples, some cases will be presented along the course to illustrate the R potential to be used in genetic data analysis. Some of the main R resources developed to carry out the analysis of experimental data using mixed linear models will be presented, using both frequentist and Bayesian approaches. The application of R tools to the problem of estimation of genetic parameters, such as components of variance and heritability coefficients, as also to obtain eBLUEs and eBLUPs values – of primer importance in genetic evaluation – will be discussed. The application of R tools to the problem of construction and evaluation of genomic selection models and its use to select superior genotypes in breeding programs will also be presented. All scripts will be built in a way to illustrate the huge versatility of analysis tools available in R, both in terms of computation, use of randomization-based methods (MCMC) and graphical representation of results.

Técnicas Inovadoras de Melhoramento de Precisão (TIMP)

Alexandre Nepomuceno, Ph.D. (EMBRAPA)

A atual Lei Brasileira de Biossegurança entrou em vigor em março de 2005. Entre suas prerrogativas, a lei dá mandato à Comissão Técnica Nacional de Biossegurança (CTNBio) para avaliar de que forma as novas tecnologias podem impactar o meio ambiente e a saúde humana/animal no País e, em seguida, se necessário, autoriza a comissão a propor legislação sobre essas novas tecnologias que assegurem a biossegurança, mas também que permitam o avanço tecnológico do Brasil. Quando a lei foi criada, a maioria das Técnicas Inovadoras de Melhoramento de Precisão (TIMP), também conhecidas de *New Breeding Technologies* (NBTs), estavam em sua infância e, à época, não foram realmente considerados na lei. Assim, em 2014, a CTNBio criou um grupo de trabalho de especialistas que estudou, por três anos, essas novas técnicas de melhoramento, como a edição genética, com o objetivo de propor legislação mais atualizada. A Resolução Normativa nº16 (RN16) da CTNBio, que contempla essa atualização, foi aprovada por unanimidade entre os membros da CTNBio e pela Consultoria Jurídica (CONJUR) junto ao Ministério da Ciência, Tecnologia, Inovação e Comunicação, no âmbito da Lei Brasileira de Biossegurança tendo sido publicada em 15 de janeiro de 2018. Todos os 27 doutores da CTNBio, com experiência em avaliação de riscos, biossegurança, engenharia genética, biologia molecular e outras áreas relacionadas à agricultura, meio ambiente, saúde humana e animal, entenderam que essa nova normativa fornece um arcabouço legal que possibilita avanços científicos assegurando padrões elevados de biossegurança. A normativa, que também é baseada em experiências de outros países, avalia, em um sistema de consulta caso a caso, se um produto gerado pelas TIMPs será considerado um organismo convencional ou transgênico. Sob consulta com base na RN16, as instituições desenvolvedoras fornecem informações sobre o produto, incluindo os métodos usados para gerá-lo. A ausência de DNA/RNA recombinante de outra espécie na progênie, a presença de elementos genéticos que poderiam ser obtidos pelo melhoramento convencional; a presença de mutações induzidas que também poderiam ser obtidas por técnicas mais antigas, como mutagênese por radiação ou química, ou mesmo a presença de mutações que poderiam ocorrer naturalmente, são, em uma análise caso a caso, consideradas organismos/produtos convencionais em muitas situações. O uso das TIMPs poderá acelerar a introdução de características de interesse em genótipos elite em programas de melhoramento, onde em muitas situações o produto final poderá não ser considerado OGM. A RN16 permite a consulta à CTNBio, mesmo para produtos em fase de pesquisa. Em dezembro de 2018 a CTNBio avaliou, no âmbito da RN16, a primeira consulta sobre plantas editadas no Brasil. Um milho cuja rota metabólica de produção de amilose foi inativada pelo uso da ferramenta CRISPRs/CAS9 foi considerado como milho convencional, não GM tendo em vista que a mutação introduzida poderia ter sido obtida por cruzamento tradicional, ou induzida por formas de indução de mutações mais antigas (e.g. radiações ionizantes, EMS, etc.). No caso deste milho a redução na produção de amilose causou um aumento de quase 100% no teor amilopectina, o que é interessante para alguns usos industriais de amido de milho. Numa outra consulta à CTNBio, ocorrida ainda em 2018, uma cepa de *Saccharomyces cerevisiae* recebeu mutações presentes em quatro genes de outra cepa de *S. cerevisiae* pelo uso de uma estratégia CRISPR/Cas9, onde apenas as mutações permanecem presentes no produto final. O organismo editado aumenta a produção de álcool a partir da cana-de-açúcar e foi considerado uma levedura convencional, uma vez que essas mutações poderiam ser introduzidas por técnicas clássicas de reprodução, ou outras técnicas mais antigas de mutagênese, mas com menor precisão. As TIMPs, junto com uma legislação moderna, que preserva a biossegurança na saúde humana/animal e no meio ambiente, permitirão uma democratização do uso da biotecnologia no agronegócio brasileiro. Com isto, mais instituições pequenas, médias e grandes nacionais/internacionais irão participar do mercado brasileiro com novas soluções e produtos de base biotecnológica.

QTLome studies in wheat: where the genotype meets the phenotype

Antonio Costa de Oliveira, Professor Titular Doutor, PQ1A

Plant Genomics and Breeding Center, Federal University of Pelotas, Av. Eliseu Maciel s/n, Capão do Leão-RS, 96160-000.

Integrating genetic, genomic and transcriptomic data to generate a framework for a better use of the available genes for breeders and contributing for better understanding of the genetic architecture underlying traits is thought to be a way to accelerate genetic progress. Fusarium Head Blight (FHB) is a worldwide devastating disease of bread wheat. Genetic resistance is the most effective way to control FHB and many QTL related to this trait have been mapped on wheat genetic map. However, the refinement of data is necessary in order to be more efficiently used in breeding programs and for the advance of the basic research. The in-depth analysis of the QTLome of FHB resistance in bread wheat, revealed a dense genetic consensus map with 572,862 loci that was generated for QTL projection. Meta-analysis could be performed on 323 QTL. A total of 556 QTL were found in the literature, distributed on all sub-genomes and chromosomes of wheat. Meta-analysis generated 65 meta-QTL, which refinement allows one to find markers more tightly linked to these regions. Candidate gene mining within the most refined meta-QTL harvested 324 genes and transcriptional data cross-validated 138 of these genes, as responsive to FHB. From the two more highlighted genes, one is coding for a Cytochrome P450 protein, which has been already known as responsible for *Fusarium* resistance, and the other gene brings evidence on three proteins and still is not well characterized as conferring resistance against FHB, being a candidate gene for future studies. The results obtained through this integrative study is an example on how these tools can be applied and will help breeders to better use the available information from genetic mapping studies

Breeding Grasses In Brazil – An Overview

Fabiana Siva Mota (Pós-Doutoranda), Antonio Pizolato Neto (Doutorando), Lucas Berger Munaro (Doutorando), Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro. Depto. Produção Vegetal, UNESP-FCA-Jaboticabal

Approximately 15% of the Earth's vegetation is covered by grasses, if we consider the natural fields, gardens, arenas of football, golf, tennis, polo, cricket, American football, rugby and other sports fields. It is in gardens and sports fields that grasses make man's life more pleasant and relaxing. In Brazil the main varieties of grasses commercialized are: Esmeralda (Zoyisia), São Carlos, Bermuda (Celebration and TifWay 419), Saint Augustine and Imperial. They can reproduce themselves sexually or asexually, considering that they can be allopolyploids (amphidiploids) and autotetraploids. Thus, breeding by hybridization can be applied to those which reproduce sexually, while other processes, such as induction of mutations or recognition of naturally mutations in the field and visually recognized by the breeder, can be employed in those which reproduce asexually.

For a good grass variety, either for gardens or sports fields, is expected resistance to trampling, resistance to diseases and pests common in the planting area, resistance to shading, reduced demand for the number of mows. For some regions, tolerance to abiotic stresses may also be required. In a breeding program there are criteria for selecting the variety to be improved as well as the parentals. The Zoysia genus has aroused the curiosity of American breeders due to its intrinsic characteristics and high demand for the market. It was recently introduced in Brazil and has been used in gardens, highways and parks. A biparental crosses program involving *Zoyisia japonica*, *Zoysia matrella* and *Zoysia tenuifolia* was started under a greenhouse at UNESP-FCA in 2013, which resulted in 281 selected hybrids with excellent characteristics, which were already properly evaluated and approved, and are already being registered in the Government Competent Departments.

Desafios do melhoramento genético do Eucalipto

Aurélio Aguiar

Nos últimos anos as mudanças climáticas e a pressão de pragas e doenças acarretaram em perdas significativas na produção florestal no Brasil. Com isso, o melhoramento genético teve que rever suas estratégias de melhoramento e adotar novas ferramentas para geração e seleção de clones superiores. Dentre as inovações estão mudanças na estratégia de formação de populações de melhoramento, idade de seleção, experimentação de campo, uso da Seleção Genômica Ampla e plantio operacional de Compostos Clonais, visando redução da vulnerabilidade genética.

Breeding Insect Resistant Crops

Ben Vosman

Wageningen UR Plant Breeding, POB 16, 6700AA Wageningen, NL. Tel: +31 317 480838 Fax: +31 317 483457

ben.vosman@wur.nl

Insects are causing large crop losses each year. This may be direct damage by feeding but more often the real damage is caused indirectly by the viruses that are transmitted by the insects. Until now chemical crop protection is seen as the major way to deal with these problems. However, insects develop resistance to the insecticides very quickly and insecticides are causing environmental concerns. Therefor new options are exploited, of which host plant resistance is a very promising one. In our research group we are evaluating germplasm of several crops for novel resistances towards insects. Resistant material is further characterized with respect to the resistance mechanism and the inheritance of the resistance. In the presentation I will focus on characterization of thrips and aphid resistance in pepper and whitefly resistance in tomato. Thrips (*F. occidentalis*) resistance was identified in *C. annuum* and shown to be based on inhibition of larval development. A single QTL for larval development and thrips damage was found. Aphid (*M. persicae*) resistance was identified in *C. baccatum* and shown to severely reduce phloem uptake compared to susceptible accessions. In addition, the resistant plants induced a much stronger ROS response. Resistance against aphids and thrips was also identified in the tomato wild relative *S. galapagense* and shown to be dependent on type IV trichomes. This resistance appears to be broad spectrum. Different resistance mechanisms against insects seem to have evolved in *Solanaceae*. The QTLs identified may be the starting point for the development of resistant varieties.

DOMESTICANDO A MACAÚBA: EM BUSCA DE OPORTUNIDADE AGRÍCOLA SUSTENTÁVEL PARA O PAÍS

Carlos Colombo

O grau de domesticação das cerca de 3 mil espécies de plantas manipuladas pelo homem é bastante desigual e as economicamente mais importantes são as que detêm maior conhecimento tecnológico. Espécies que um dia foram relativamente importantes poderiam alcançar maior expressão comercial, caso houvesse apelo para isso. E esse é o caso da macaúba (Acrocomia aculeata). Neotropical, arbórea e nativa, é a espécie de palmeira de maior dispersão no território nacional, sobretudo no bioma cerrado. Apresenta valor estimado de produção de óleo semelhante ao dendê, da ordem de 3-4 mil kg de óleo.ha^{-1}. O fruto gera um óleo com alto conteúdo oleico (polpa) e outro com alto conteúdo láurico (amêndoa), além de endocarpo altamente lignificado e as tortas residuais da extração de ambos os óleos com franca aplicação para alimentação animal e ou humana, sem qualquer fator antinutricional. Embora o interesse comercial seja crescente, não se dispõe de cultivares para plantio. Nesse contexto, o IAC iniciou atividades de pesquisa visando ao aumento do grau de domesticação da espécie e ao fortalecimento de sua cadeia de produção. A primeira ação realizada, e ainda em andamento, visou a detectar o grau de variação de características agronômicas consideradas relevantes para seu cultivo comercial, além da caracterização de co-produtos do fruto em busca de aplicações tecnológicas diversas. Foram identificadas plantas com ideotipo considerado ideal para a espécie e delas obtidas progênies que se encontram implantadas em três áreas experimentais para obtenção de parâmetros genéticos e subsídios par formação de pomar de sementes. Progênies de cruzamentos dirigidos também vêm sendo obtidas para avaliação em campo. Na área biotecnológica, caracterizamos a diversidade genética do gênero por meio de marcadores microssatélites e realizamos o transcriptoma da espécie. Estudos sobre ecologia da reprodução também fazem parte de ações de pesquisa que desenvolvemos em busca de uma nova oportunidade agrícola para o país.

Crop growth models (CGM): Instruments of translational biology for prediction in crop improvement

Messina, C[1]., Cooper, M[2]., Gho, C[1].

[1]Corteva Agriscience. [2]University of Queensland. Australia

Crop Science underpins technological developments that are instrumental for the improvement of the life of the world's poor and society. Crop growth models (CGM), the quantitative synthesis of scientific understanding of plant growth and development, are instruments of translational plant biology. Because CGM are structured on principles of resource capture, allocation, competition, and use efficiencies, it is possible to transparently map genotypic variation in adaptive traits, environmental change and agronomic management into crop phenotypes of social interest and economic value. CGM were successfully applied to evaluate the merit of breeding strategies, enhance genomic prediction, assess adaptive traits at regional scale, and optimize agronomic management at field and farm scales. Provided the availability of a suitable CGM, it is proposed that a quantitative framework can be used to examine the relative merits of crop improvement strategies based on simultaneously exploring combinations of genetic gain from plant breeding (G), improved agronomy (M) and targeting optimal GxM technology combinations. In this study, an extension of the classical gap analysis framework is proposed and demonstrated for maize cropping systems of the Central Corn-Belt. A simulation experiment was designed to introduce the concept and demonstrate features of the proposed theoretical framework. Long-term genetic gain studies were projected onto the predicted theoretical space.

Integrando genômica e metabolômica para melhorar o sabor de frutas e vegetais.

Marcio F. R. Resende Jr.

University of Florida

Embora frutas e vegetais fazem parte da culinária global, as variedades comerciais em diferentes partes do mundo perderam significativamente o sabor em prol do melhoramento genético focado em maior produtividade. A seleção e o melhoramento para criar um produto mais agradável ao consumidor é complexo e a fenotipagem usando painéis sensoriais é cara e demorada. Neste trabalho, nós combinamos metabolômica do fruto com sequenciamento de DNA para predizer as variedades com melhor sabor. Nós avaliamos diferentes modelos estatísticos para estimar a acurácia na predição de sabor utilizando dados de metabolômica obtidos das diferentes variedades. Um estudo de associação foi então utilizado para identificar os genes que estão envolvidos na biossíntese destes compostos identificados como importantes para um amento de sabor em frutas e vegetais. Os resultados tem aplicação no melhoramento convencional bem como na definição de genes alvo de edição gênica.

Gerente de Desenvolvimento de Negócios - Trimble Latino América

Danilo Marques da Silva - Engº Agrônomo

Cada vez mais se vê um aumento pela busca de ferramentas que consigam adicionar processos e padronizações nas operações de campo, além de informações que identifiquem variabilidade no ambiente produtivo para que seja possível uma tomada de decisão mais rápidas e assertiva assim como o registro das atividades e informações em uma única plataforma mitigando a complexidade de lidar com diversas soluções para maior gestão de variáveis no ambiente de melhoramento de plantas. O Trimble Ag Software possibilita adicionar registros de campo, gestão operacional e trabalho agronômico em uma única plataforma que trabalha no ambiente de nuvem onde através do uso compartilhado do App no campo possibilita análises de informações e estar cada vez mais próximos das atividades para que possam ser tomadas decisões mais assertivas e inteligentes em um tempo mais reduzido.

Improvement of soybean for resistance to biotic stresses at Michigan State University

Soybean is the second most important crop in Michigan. Its major biotic stresses in Michigan include soybean cyst nematodes, phytophthora root rot, Sclerotinia stem rot, Pythium root rot, sudden death syndrome, and soybean aphids. An important objective of the soybean breeding and genetic program at Michigan State University is to study and improve soybean for resistance to these biotic stresses. A review of the results from the studies and breeding efforts at Michigan State University will be presented.

Resistências a doenças em espécies florestais.

Edson Luiz Furtado

Patologia Florestal – FCA/UNESP, Botucatu-SP.

E-mail:edson.furtado@unesp.br

Palavras-chave: *Eucalyptus*, ferrugem das mirtáceas, fenologia, morfologia, terpenóides, ciências ômicas.

O uso de variedades resistentes constitui um dos mais importantes meios de controle de doenças de plantas cultivadas. Desde que haja fontes satisfatórias que possibilitem a sua obtenção. O emprego desta medida não gera impactos ambientais e afeta pouco o custo de produção, principalmente nas espécies arbóreas cultivadas. Diversos fitopatologistas e melhoristas têm buscado contribuir para o entendimento da resistência de espécies arbóreas a fitopatógenos, mas, no geral, estes estudos restringem-se ao cruzamento e seleção de espécies e procedências resistentes. No presente trabalho, iremos descrever a nossa experiência ao longo destes anos, no estudo dos mecanismos da resistência do *Eucalyptus* a ferrugem causada por *Austropuccinia psidii*, iniciando pelo estrutural, pré-formado ou constitutivo, comparando com outras espécies de mirtáceas. Passando pelos mecanismos bioquímicos que, por meio do metabolismo, produzem substâncias tóxicas ao patógeno ou criam condições adversas que dificultam o seu desenvolvimento no interior do hospedeiro, a exemplo dos terpenóides que constituem uma ampla classe de produtos secundários, conhecidos como óleos essenciais, ativos contra vários fitopatógenos. Procurando marcadores morfológicos e bioquímicos para acelerar a seleção em programas de melhoramento genético de eucalipto onde a ferrugem represente fator limitante para o plantio. Por último, apresentar os resultados de estudos genômicos mais recentes e as possibilidades para uso desta ferramenta no melhoramento assistido.

On the road to Breeding 4.0: How do we cost-effectively identify deleterious mutations in order to engineer heterosis

Edward Buckler

USDA-ARS, Ithaca, NY

As global population continues to grow and standards of living rise, the world food supply needs to almost double protein production. This needs to be accomplished on less land and with a more variable climate. One of the key tools to address this challenge is the quantitative genetics of our crops, where the removal of deleterious mutations and design of heterosis are key routes for improving crop productivity. Maize, sorghum, and cassava surveys of deleterious mutations in both coding and non-coding regions of the genome indicate that they are prevalent and these mutations reduce productivity. Using a combination of evolutionary data and machine learning models, we are now beginning to catalog deleterious genetic variants in all portions of the genome. This identification of deleterious genetic variants provides a powerful route to improve productivity through purging of deleterious variants through either genomic selection, design of heterosis, or by high-throughput genome editing.

"ESTRATÉGIA DE PROSPECÇÃO, INTRODUÇÃO E SELEÇÃO DE PLANTAS AROMÁTICAS E MEDICINAIS PARA O MERCADO NO BRASIL".

Dra. Eliane Gomes Fabri Pesquisadora Científica V Diretora do Centro de Horticultura IAC/APTA/SAA-SP.

A utilização de plantas aromáticas e medicinais faz parte da rotina da maioria dos povos, desde a antiguidade. A domesticação de espécies de plantas com fins aromáticos, medicinais e alimentares, bem como, o manejo de populações naturais são importantes na preservação das espécies e na apropriação do conhecimento associado, que vem sendo realizado pelo homem desde o início dos tempos. As plantas são fontes naturais de uma infinidade de substâncias químicas, dentre elas os metabólitos secundários, que tem como função a defesa contra herbívoros e micro- organismos, a proteção contra os raios ultravioletas, à atração de polinizadores ou animais dispersores de sementes, bem como, a produção de substâncias alelopáticas, dependendo de cada caso específico. Essas substâncias são de interesse das indústrias químicas, farmacêuticas (humana e animal), de cosméticos, alimentares e também das indústrias de insumos e defensivos na área vegetal. A flora brasileira é diversificada, com diferentes biomas e vegetações, cujos princípios ativos são desconhecidos. Estima-se que no Brasil, temos cerca de 100 mil espécies vegetais catalogadas e que apenas 8% foram estudadas. A importância aromática, medicinal, econômica, social e ecológica das espécies nativas brasileiras, bem como, o risco de extinção pelas ações antropológicas, tem motivado estudos dessas plantas, visando sua preservação e exploração econômica de forma sustentável. Temos no Brasil, uma grande quantidade de plantas exóticas de aromáticas e medicinais, que foram introduzidas e que são amplamente utilizadas, mas que ainda requerem estudos fitotécnicos e de melhoramento vegetal para as condições edafoclimáticas das diversas regiões brasileiras. As plantas aromáticas e medicinais são espécies que apresentam particularidades em diversos parâmetros, da produção ao mercado. Há uma demanda potencial crescente por produtos naturais, neste sentido, englobam-se os produtos oriundos de plantas aromáticas e medicinais. Principalmente, pela mudança nos hábitos alimentares, vida saudável e consciência de uma vida mais sustentável. O mercado de plantas aromáticas e medicinais no Brasil está em expansão, apoiado por essa demanda por produtos naturais de boa qualidade e principalmente pela rica biodiversidade do nosso país. O valor comercial das plantas aromáticas e medicinais é determinado pela qualidade da matéria-prima. A qualidade desta matéria-prima é decorrente do uso de boas práticas agrícolas, em plantas aromáticas e medicinais durante todo o processo produtivo. A identificação botânica da espécie é fundamental para garantir a qualidade da matéria-prima a ser fornecida. As características que buscamos em plantas aromáticas e medicinais, normalmente vão de encontra a demandas por princípios ativos, corantes, aromas e outras substâncias de interesse das diversas indústrias aqui já referendadas. Para atender essas demandas o melhoramento visa selecionar plantas com alta produtividade, estabilidade da matéria-prima, homogeneidade da matéria-prima, ausência de compostos tóxicos, altos teores de compostos químicos de interesse, resistência a fatores bióticos e abióticos. Outros aspectos importantes da seleção são: germinação das sementes uniforme, multiplicação por propagação vegetativa viável (capacidade de enraizamento) quando a multiplicação sexuada não for a melhor opção, resistência a pragas e doenças, arquitetura das plantas (característica importante para possibilitar o estudo de mecanização da colheita), floração homogênea entre os indivíduos, que possa ser cultivada nos mais variados ambientes, precocidade, capacidade de rebrotar para as espécies que se colhe a parte aérea e que sejam semi-perenes ou perenes. A importância econômica da espécie também deve ser considerada no método de melhoramento, pois os investimentos financeiros de um programa de melhoramento podem ser altos. Uma espécie de pouco valor comercial dificilmente justifica a escolha de um método complexo. Sendo assim, a seleção massal e a seleção clonal são adequadas para iniciar o processo de domesticação de uma espécie. A seleção massal é um bom método para plantas selvagens de aromáticas e medicinais, por ser simples e eficiente, tanto para plantas autógamas como alógamas. O cultivo de plantas aromáticas e medicinais garante a produção de matéria-prima, com qualidade e padronizada, permitindo assim, melhor planejamento de produção do produto acabado pelas indústrias. A prospecção de novas moléculas para os mais variados fins é cada vez mais presente nos laboratórios dos institutos de pesquisas, universidades e iniciativa privada, seja de plantas não domesticadas, nativas do Brasil ou plantas exóticas introduzidas, plantas já consagradas na agricultura para alimentação e que hoje desponta com novas aplicações pelas indústrias de fármacos e cosmético, como por exemplo, café e urucum.

Developing Resilient Forage Cultivars for Sub-tropical Climates in an Academic Environment

Corresponding author: Esteban Rios, PhD
E. Rios[1], K. Quesenberry[1], K. Kenworthy[1], Ali. Babar[1], and A. Blount[2]

[1]Agronomy Department, and [2]North Florida Research & Education Center, University of Florida.

estebanrios@ufl.edu

Food production must increase 70% by 2050, including 200M more tons of beef and other livestock products, to feed the world's growing population. Utilizing pastures as a feed source for livestock is re-gaining interests due to economic incentives, followed by environmental and social interests. This challenge is aggravated by competing demands for arable land and the negative impacts of climate change, climate variability and declines in natural resources. These challenges triggered interest to build resilience into agricultural systems. Subtropical agroecosystems such as the lower southeastern US offer unique climatic (temperate winters and tropical summers) and edaphic (low-fertility soils) conditions for breeding resilient forage crops. These challenges include identifying pest/disease resistant cool-season species that thrive in warmer climates, and warm-season species that extend the production season during transition periods. For perennial species, persistence across years is a key trait to promote their use. In Florida, the low-fertile sandy soils add another layer of complexity into forage production. Identifying plants that use resources (water, nutrients, etc.) more efficiently is crucial in the route towards developing resilient forage crops. Resilient forage cultivars will be the result of investments in the areas of germplasm enhancement and in the development of novel breeding methodologies, and both will result in higher genetic gains. The UF-IFAS Forage Breeding Program is the oldest breeding program at the University of Florida and several success stories in developing resilient forage varieties will be presented.

Melhoramento de feijão para altos teores de ferro e zinco nos grãos.

O ferro e o zinco são minerais essenciais para a manutenção da saúde humana e ainda hoje, a deficiência desses minerais acomete uma grande parte da população mundial. Uma das alternativas para contornar esse problema é a biofortificação, que consiste no aumento dos teores de nutrientes nos alimentos via melhoramento genético. Nesse contexto, o feijão possui grande potencial para ser biofortificado para teor de ferro e teor de zinco nos grãos, porque é a leguminosa mais importante no consumo humano direto e apresenta teores relativamente altos desses minerais.

O programa de melhoramento de feijão da Embrapa vem atuando nesse tema a alguns anos. Assim, serão apresentadas as estratégias e os principais resultados dos esforços do programa de melhoramento de feijão da Embrapa, no que se refere ao melhoramento visando o aumento dos teores de ferro e zinco nos grãos de feijão. Esses resultados são compostos por: avaliação de cultivares existentes em múltiplos ambientes, para identificação das que apresentam maiores teores de minerais; estudos de interação entre genótipos e ambientes; geração e seleção de populações segregantes e linhagens promissoras a partir de cruzamentos realizados no Brasil e também a partir de germoplasma introduzido, visando a obtenção de novas cultivares.

Speed breeding to accelerate crop improvement

Lee Hickey, Amy Watson, Sreya Ghosh, Ben Hayes, Kai Voss-Fels, Brande Wulff

1 Queensland Alliance for Agriculture and Food Innovation, The University of Queensland, St Lucia, QLD, 4072, Brisbane, Australia. 2 John Innes Centre, Norwich Research Park, Norwich, UK

The growing human population and a changing environment have raised significant concern for global food security, with the current improvement rate of several important crops inadequate to meet future demand. This slow improvement rate is attributed in part to the long generation times of crop plants. 'Speed breeding' greatly shortens generation time, thereby accelerating crop breeding and research programmes. Speed breeding can be used to achieve up to 6 generations per year for major crops such as spring wheat, durum wheat, barley, chickpea, lentil and pea, instead of 2-3 under normal glasshouse conditions. In 2018, we published the first multi-crop speed breeding protocols in Nature Plants (Watson et al. 2018) and Nature Protocols (Ghosh et al. 2018), which sparked much interest among the global plant science and breeding community. In this seminar, we showcase the very latest advances in speed breeding technology at the University of Queensland and John Innes Centre, and highlight how we are combining the tool with other leading-edge breeding technologies, such as genomic selection.

References:
Watson et al. (2018) https://www.nature.com/articles/s41477-017-0083-8
Ghosh et al. (2018) https://www.nature.com/articles/s41596-018-0072-z

RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS 4.0

Luciano Lourenço Nass

Os recursos genéticos vegetais (RGV) são a base para o melhoramento de plantas. No mundo estima-se que existam mais de 7,5 milhões de acessos, dos quais 2 milhões são distintos, sendo mantidos em quase 2 mil bancos de germoplasma. A duplicação de coleções é desejável e, muitas vezes necessária, em função de ameaças por intempéries ou conflitos armados. A Svalbard Global Seed Vault, na Noruega, mantém atualmente cerca de 1 milhão de acessos das espécies de importância econômica (especialmente do CGIAR) e é uma alternativa para evitar perdas irreparáveis de coleções. Entretanto, é fato que ainda necessitamos de melhor conhecimento em termos de caracterização/avaliação para explorar o potencial dos acessos mantidos nos bancos de germoplasma. As novas tecnologias, denominadas de indústria 4.0, têm impactado o mundo nas diversas áreas do conhecimento. Nesse evento serão discutidos aspectos de como essas tecnologias, tais como: internet das coisas, big data, robótica e automação, blockchain, inteligência artificial, etc., podem auxiliar nas diversas etapas dos trabalhos com RVG. Outros aspectos interessantes a serem considerados na exploração dos RGV são: os avanços nos estudos do microbioma e suas interações com as plantas e a oportunidade para estabelecer novos programas de pré-melhoramento envolvendo parcerias público-privadas, os quais podem contribuir para o desenvolvimento de genótipos superiores e mais adaptados, especialmente devido às alterações climáticas em curso.

Informatização em programas de melhoramento genético

Manfred Schmid

Engenheiro Agrônomo
Comercial

AGROTIS AGROINFORMÁTICA

Serão apresentadas as vantagens auferidas quando, em um programa de melhoramento genético, opta-se pela utilização de um software especialista em substituição às planilhas eletrônicas e pranchetas de campo.

Um software para melhoramento de plantas traz governança para as empresas obtentoras de cultivares. A informação fica armazenada de maneira segura, centralizada, com acesso controlado, não dependendo de um único pesquisador. Em instituições com grande corpo técnico, garante compliance para a equipe, padronizando procedimentos e atributos utilizados.

A informática permite que linhagens e materiais intermediários possam ser controlados mantendo automaticamente todas as inter-relações e rastreabilidade, mesmo entre diferentes ensaios, protocolos e gerações. Para materiais controlados ou com regras de biossegurança e stewardship, o software controla eventos e audita os recursos envolvidos. Os acessos em Bancos de Germoplasma são controlados, com localização e aviso quando da necessidade de renovação.

Armazenando a informação de forma lógica e estruturada nos modernos bancos de dados e BigDatas, e com a evolução da inteligência artificial, permitir-se-á utilizar um número maior de análises estatísticas simultâneas, encontrando correlações e tendências entre eventos, atributos, linhagens e progênies, que dificilmente seriam da percepção humana.

Com a evolução dos smartphones e etiquetas de leitura eletrônica, tem-se excelentes coletores eletrônicos de campo, integráveis aos softwares. Aposenta-se a prancheta, evita-se retrabalho e erros de digitação; a identificação de parcelas e as leituras são rápidas e automaticamente auditadas, permitindo-se lançar observações avulsas e fotos, que já ficam armazenadas de forma organizada, identificando para cada parcela ou linhagem.

A obtenção de cultivares de feijão nas universidades

Magno Antonio Patto Ramalho - Professor voluntário UFLA

Os programas de melhoramento do feijoeiro no Brasil concentram-se principalmente em Instituições públicas: algumas universidades, a Embrapa e poucas Institutos ou empresas estaduais de pesquisa. Sobretudo devido ao ciclo curto e facilidade de cultivo, normalmente as pesquisas nas universidades visam a obtenção de informações científicas ou tecnológicas que possam ser úteis aos melhoristas, principalmente de espécies autógamas. Poucas têm programas direcionados a obtenção de novas cultivares. A grande vantagem de se ter nas universidades todas as fases de um programa de melhoramento é a possibilidade dos graduandos e pós-graduandos vivenciarem todo o processo: das hibridações até a produção das sementes genéticas. Inúmeros problemas, contudo, ocorrem com certa frequência na condução dos programas de produção de novas cultivares, tais como: descontinuidades de recursos orçamentários e alguns entraves burocráticos. No caso de Minas Gerais há uma parceria entre a Embrapa, Epamig, UFV e UFLA que tem possibilitado a condução dos VCU's em inúmeros ambientes, o que não seria possível para qualquer uma das instituições isoladamente. As linhagens testadas, no VCU, são obtidas pelos programas dos diferentes parceiros. No final de cada biênio de avaliação, com os resultados dos experimentos é escolhida uma ou mais linhagens para ser recomendada aos agricultores. O registro/Proteção da(s) nova(s) cultivar(es) é realizado em nome das quatro Instituições independente da origem da linhagem ou linhagens escolhidas. A produção de sementes em escala para atender toda a demanda ainda tem alguns entraves que necessitam ser superados para que a parceria atinja a eficiência almejada. Entre as sugestões para atenuar esses entraves estão: Maior flexibilidade na utilização das novas cultivares obtidas pelas empresas privadas,utilizar algumas alternativas de divulgação e procurar disponibilizar para os agricultores não só a nova cultivar mas um conjunto de tecnologias associadas a genética da semente.

EFICIÊNCIA NA UTILIZAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

Manoel Abilio de Queiróz; Graziela da Silva Barbosa; Francisco Pinheiro de Araújo; Patrícia Gomes de Oliveira; Barbara Laís Ramos; Clisneide Coelho de Amorim

O Brasil tem um grande destaque na agricultura tropical, porém, ainda se indaga sobre o uso dos recursos genéticos vegetais no desenvolvimento de cultivares comerciais. Para tanto se deve considerar os biomas brasileiros e suas variações, com grande diversidade de clima e solo e de sistemas de produção existentes. Para efeito didático na exposição se considerou os quatro ramos da Fitotecnia, compreendendo grandes culturas, silvicultura, forragicultura e horticultura e seus subramos. Para o primeiro grupo as coleções dos melhoristas parecem suficientes, assim como para a silvicultura as espécies de *Eucalyptus* e de *Pinus* representam quase todo o reflorestamento. Para a forragicultura as braquiárias são destaque nos Cerrados, mas para o Semiárido, espécies de *Stylosanthes* e *Manihot*, tolerantes à seca, são importantes, embora muita pesquisa precisa ser desenvolvida. A horticultura tem o maior apelo para o Semiárido, mostrando-se exemplos do meloeiro da agricultura tradicional, do maracujazeiro, do umbuzeiro e da goiabeira, também necessitando de pesquisa. A SBRG adotou uma estratégia de formar Redes Regionais nas cinco regiões do país. Assim, o germoplasma brasileiro poderá ser estudado em detalhe e, essa estratégia poderá permitir a integração da SBRG com a SBMP e, dessa forma, desenvolver as cultivares para o amanhã da agricultura brasileira. Mas, para isso precisaremos de melhoristas, uma espécie em extinção.

AVANÇOS EM GENÔMICA APLICADA AO MELHORAMENTO DE GRAMÍNEAS FORRAGEIRAS TROPICAIS

Marco Pessoa-Filho1

[1]Embrapa Cerrados.

*E-mail do autor para correspondência: marco.pessoa@embrapa.br

Palavras-chave: braquiária, sequenciamento, pastagem

O desenvolvimento de uma nova cultivar forrageira pode levar de 10 a 15 anos. Há espaço para aumento nas taxas de ganho genético, com o uso de métodos de melhoramento mais eficientes, e pela redução na duração dos ciclos de seleção. A seleção assistida por marcadores e a predição genômica poderiam ser ferramentas úteis nesse processo. Entretanto, o uso de informação genômica no melhoramento de gramíneas forrageiras tropicais ainda é limitado. Poucos estudos de mapeamento de QTLs, seleção assistida por marcadores, e de sequenciamento e montagem de genomas foram realizados. Nosso grupo tem focado na obtenção de informação genômica em *Urochloa ruziziensis* diploide, com o objetivo de fornecer ferramentas úteis para genética e melhoramento de forrageiras do gênero *Urochloa*. Estudos anteriores com sequenciamento Illumina de baixa cobertura permitiram o desenvolvimento dos primeiros marcadores microssatélites para *U. ruziziensis*, a avaliação da diversidade genética do germoplasma da espécie, e montagem e anotação de genomas completos de cloroplastos de quatro espécies de *Urochloa*. Em seguida, o uso de sequenciamento PacBio e de bibliotecas Hi-C permitiu a montagem do genoma do clone C69 em escala de cromossomos. A montagem contém 9 scaffolds cromossômicos com N50 de 66 Mpb, com tamanho total de 566 Mpb (92% do tamanho de genoma estimado para a espécie). O espaço gênico foi anotado com o uso integrado de informação de expressão gênica, capturada por RNAseq, e predição baseada em homologia. Dados preliminares indicam aproximadamente 55.000 modelos gênicos. Uma montagem de alta qualidade contribuirá para o desenvolvimento e aplicação de ferramentas genômicas em genética e melhoramento de braquiárias. Projetos em andamento pretendem utilizar essa informação para estabelecer as bases necessárias para seleção genômica em *U. ruziziensis*.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa, instituições de ensino etc (opcional).

Prediction methods to accelerate delivery of increased crop productivity

Mark Cooper

QAAFI, University of Queensland, St Lucia, Qld 4072, Australia

The concept and motivations for developing prediction-based methods to accelerate crop improvement have been around for a long time. Plant breeding has sought guidance from the "Breeder's Equation" and the prediction capabilities of quantitative genetics. The availability of large numbers of polymorphic markers distributed across the genomes of crop species and the reduction in cost per genotyping data point have enabled affordable genomic selection methods. However, familiar challenges remain. Genotype-by-environment interactions (GEIs) have always been a challenge for empirical breeding and they equally impact prediction-based breeding methods. Crop Growth Models (CGMs) provide a bridge between the gene-based models of quantitative genetics and the biophysical dimensions of traits and environments that contribute to GEIs within the context of the Target Population of Environments of a breeding program. Recent applications of CGMs to help define repeatable GEIs and to account for their effects in genomic prediction will be reviewed and new opportunities to accelerate delivery of on-farm genetic gains will be discussed.

Grapevine Breeding in Germany

Oliver Trapp and Reinhard Töpfer

Julius Kühn-Institute, Institute for Grapevine Breeding, Geilweilerhof, 76833 Siebeldingen, Germany

Viticulture around the world is challanged by different kinds of pests and other harmful organisms. The biggest threats are Powdery Mildew (*Erysiphe necator*) and Downy Mildew (*Plasmopara viticola*), which are usually managed with extensive plant protection. However, consumers are more and more concerned about the impact of plant protection on the environment. New fungus tolerant cultivars, results of a long breeding process lasting for decades, are an option for a more sustainable and environment-friendly viticulture. In Germany, grapevine breeding has a long history: Almost one hundred years ago, breeders were starting to try to combine resistance against Powdery and Downy Mildew from wild Vitis species with high wine quality known from European *Vitis vinifera*. In the 1990s the first resistant variety was allowed for quality wine production and got variety protection in Germany: "Regent". Since then, 35 other resistant varieties were registered. Nowadays, due to a better understanding of grapevine genetics and the resistances, breeding is strongly focusing on combining resistances to create highly resistant new varieties with high wine quality and durable resistance. In order to achieve this, Marker Assisted Selection is extensively used on grapevine seedlings early after germination for several resistance loci. Here we want to present an overview on the breeding program at the Institute for Grapevine Breeding Geilweilerhof in Germany and have a look at current developments in grapevine breeding and the future generations of resistant varieties.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Recent advances in improving genetic adaptation of common bean to abiotic stress factors in the tropics

Idupulapati M. Rao* **and Stephen E. Beebe**

Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), A. A. 6713, Cali, Colombia

Email of the corresponding author: i.rao@cgiar.org

Keywords: aluminum toxicity; drought; heat; phenotyping; phosphorus deficiency; plant traits

Abstract

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is the most important food legume in the tropics where it is exposed to unfavorable abiotic stress conditions such as drought, heat and low soil fertility. These stresses cause significant yield loss. The development of bean varieties resistant to abiotic stress conditions through breeding is a useful strategy to ensure food security in marginal areas. Identification of plant traits associated with tolerance to abiotic stress factors helps to improve genetic adaptation to these stresses. The purpose of this review is to report on recent advances in characterizing phenotypic differences in abiotic stress tolerance in common bean genotypes. We used germplasm accessions and bred lines developed from two gene pools (Andean and Mesoamerican) and also from intraspecific and interspecific crosses. Based on some recent studies, bean lines resistant to drought stress are classified into two groups, water savers and water spenders. Interspecific lines developed using tepary bean (*P. acutifolius*) as one of the parents improved tolerance to heat stress. Interspecific lines also showed improved adaptation to both low phosphorus and aluminum-toxic acid soils by combining shallow and thicker root systems from scarlet runner bean (*Phaseolus coccineus*) with deeper and fine root systems of *P. vulgaris* and *P. acutifolius*. In general, abiotic stress tolerant lines showed greater ability to mobilize photosynthates to pod and grain production combined with an enhanced sink strength as reflected by superior number of pods and seeds per area. These studies indicate that pod harvest index (seed dry weight/pod dry weight x 100), pod number per area and seed number per area could be considered as useful selection criteria for breeding programs aimed at improving abiotic stress tolerance in common bean.

Proteção de Cultivares

Ricardo Zanatta Machado

Instituição: Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento

E-mail: ricardo.machado@agricultura.gov.br

Palavras chaves: Propriedade intelectual; Cultivares; Proteção de Cultivares

Uma cultivar é um conjunto de plantas obtida por técnicas de melhoramento genético. Para se obter uma nova cultivar consome-se tempo, recursos financeiros e conhecimento; sem embargo, após esse período de longo investimento a cultivar pode ser facilmente reproduzida. Um dos mecanismos para se estimular a pesquisa e o desenvolvimento de novas cultivares é o estabelecimento de direitos de propriedade intelectual que concedem ao inventor (obtentor vegetal) direitos exclusivos sobre o seu invento (cultivar). As consequências para os países que adotam um sistema de proteção intelectual de cultivares são, em geral, o aumento no número de cultivares disponibilizadas - tanto por um aumento nas atividades de melhoramento genético no país (principalmente por privados), quanto por um acréscimo de cultivares importadas -, com consequente aumento de produtividade e agregação de valor. Além disso, como esses direitos de propriedade intelectual são parte de Acordos Internacionais, que possuem princípios de reciprocidade, abre-se a possiblidade dos obtentores brasileiros protegerem suas cultivares no exterior, oportunizando novos negócios. No Brasil, a primeira Lei de Proteção de Cultivares (LPC) efetivamente implantada data de 1997, e já foram protegidas mais de 3700 cultivares de mais de uma centena de espécies vegetais. Sem embargo, após 20 anos de aplicação da LPC nota-se a necessidade de ajustes para uma melhor eficiência da Lei, tais como: atualização dos conceitos técnicos vigentes, implementação dos conceitos de Proteção Provisória, além de reforços no escopo dos direitos dos obtentores.

Normas para introdução de germoplasma importado em programas de melhoramento

Dra. Roberta Pierry Uzzo

A defesa fitossanitária assume importância primordial na produção agrícola, num país como o Brasil, onde a agricultura responde por aproximadamente 20% do PIB. Pragas e doenças têm potencial de causar perdas econômicas catastróficas, principalmente quando introduzidas de outros países, em regiões favoráveis à sua disseminação e adaptação. Por este motivo, a necessidade e obrigação do material importado passar por uma Estação Quarentenária que, juntamente com o MAPA (Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento) atua na defesa fitossanitária, com objetivo de avaliar a sanidade de materiais genéticos vegetais introduzidos no Brasil, para fins de pesquisa científica em programas de melhoramento. Antes da importação deve-se solicitar permissão de importação (PI) ao MAPA e aceite de um Quarentenário. No momento que chega na estação, o material deve estar acompanhado dos seguintes documentos: Declaração Agropecuária de Trânsito Internacional, Prescrição de Quarentena, Requerimento para Importação de Material – Pesquisa Científica, Permissão de Importação, Certificado Fitossanitário e Lista de Acessos. O material permanecerá em quarentena durante um período médio de 60 dias, este suficiente para realização dos testes de sanidade em laboratório e casa de vegetação nas áreas de: entomologia, nematologia, plantas daninhas, virologia, bacteriologia, patologia de sementes. Quando chega na forma de cultura de tecido deve ser avaliado por especialista dessa área. Após as análises de todos os especialistas, não havendo presença de nenhuma praga quarentenária, é elaborado o laudo final e encaminhado ao MAPA, para a liberação do material. Caso contrário, imediatamente, é comunicado ao MAPA a presença da praga e seu potencial destrutivo, que irá definir a destruição ou não do material importado.

Melhoramento genético do cafeeiro, com ênfase em *Coffea canephora*, grupo conilon.

Das 124 espécies de café no mundo, as *Coffea arabica e Coffea canephora* são responsáveis por todo o café produzido e consumido no mundo. A primeira é responsável por 60% e segunda por 40% da produção mundial está na ordem de 160 milhões de sacas. As demais, têm importância para fins de melhoramento genético. Pela crescente demanda mundial de *coffea canephora* no mundo, nossa abordagem será com essa espécie, com enfoque para um trabalho de melhoramento com café conilon. Serão apresentados os seguintes conteúdos: principais características que diferem as duas espécies; sistemas de reprodução e propagação; principais problemas e linhas de pesquisa no melhoramento; objetivos, estratégias e os passos para obtenção, lançamento de cultivares clonais e propagadas por sementes; Banco Ativo de Germoplasma; cultivares lançadas e utilizadas pelos produtores no Brasil e; um caso de sucesso de um trabalho contínuo de mais de trinta anos com melhoramento genético que resultou no desenvolvimento e lançamento de onze cultivares de café conilon.

Melhoramento de milho doce na Universidade da Flórida

Marcio F. R. Resende Jr.

University of Florida

O milho doce é uma das hortaliças mais importantes nos Estados Unidos, e seu consumo vem também crescendo em vários outros países. O milho-doce diferencia-se do milho convencional pela maior concentração de açúcares no grão, obtido via mutações em genes que bloqueiam a biossíntese de amido. A Universidade da Flórida (UF) tem um histórico importante no melhoramento de variedades de milho-doce, incluindo o lançamento, na década de 70, de híbridos mutantes para o gene *shunken 2*, o que revolucionou a indústria de milho-doce. Hoje, o programa de melhoramento da Universidade da Flórida foca no desenvolvimento de linhagens selecionadas para o mercado *in-natura.* Em paralelo a um programa tradicional de melhoramento genético, o grupo de pesquisa também avalia o uso de tecnologias genômicas e moleculares para aumentar os ganhos de seleção. Nesta palestra, diferentes aspectos detalhando o programa de melhoramento da UF serão apresentados.

FERRAMENTAS DO R APLICADAS AO MELHORAMENTO DE PLANTAS

Alexandre Siqueira Guedes Coelho

Escola de Agronomia
Universidade Federal de Goiás

O software R é uma ferramenta poderosa de análise de dados. Desde a sua concepção inicial em 1992, por Ross Ihaka e Robert Gentleman, esta plataforma tem crescido vigorosamente. Atualmente estão disponíveis mais de 10 mil pacotes no CRAN (*The Comprehensive R Archive Network*) voltados para a aplicação dos mais variados métodos de análise às mais variadas áreas do conhecimento. Este arsenal inclui ferramentas de grande interesse para a prática do melhoramento de plantas. Por meio de exemplos, ao longo do curso serão apresentadas algumas situações que ilustram o potencial de uso do R para a análise de dados genéticos. Serão utilizados alguns dos principais recursos do R para a análise de dados experimentais pela construção de modelos lineares mistos, tanto pela abordagem frequentista, quanto pela abordagem Bayesiana. Serão discutidas aplicações voltadas para a estimação de parâmetros genéticos, como componentes de variância e coeficientes de herdabilidade, para obtenção de eBLUEs e eBLUPs – importantes na avaliação genética. Serão ainda apresentadas aplicações voltadas para a construção e avaliação de modelos de seleção genômica e sua aplicação na seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento. Todos os *scripts* serão construídos de modo a ilustrar a enorme versatilidade de ferramentas de análise disponíveis no R, tanto em termos de cálculo, de uso de métodos baseados em randomização (MCMC) e de representação de resultados em termos gráficos.

PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE AVEIA DA UFRGS

O programa de genética de aveia começou em 1974 com a introdução de germoplasma dos USA. O Brasil plantava menos de 10 mil hectares de aveia e era um importador de grãos de aveia de qualidade. O programa lançou comercialmente os primeiros cultivares em 1982 (UFRGS 1, UFRGS 2 e UFRGS 3) e desde então tem regularmente disponibilizados novos cultivares aos agricultores. Cultivares que tiveram destaque com grandes áreas de cultivo foram UFRGS 7 (1985) , UFRGS 14 (1993), UFRGS 15 e UFRGS 16 (1994) , UFRGS 17 (1996), UFRGS 21 (2000), URS GUAPA (2004), URS TAURA e URS TARIMBA (2009), URS GURIA e URS CHARRUA (2011), URS CORONA e URS GUARA (2012) , URS BRAVA (2014) e URS ALTIVA e URS F FLETE (2015). A completa substituição das variedades antigas por variedades modernas, com melhor tipo agronômico e melhor rendimento e qualidade de grãos, permitiu que o País deixasse de ser um importador de grãos de aveia de qualidade, poupando divisas. Graças às novas cultivares, e a disponibilidade no mercado nacional de aveia com boa qualidade, foi possível o surgimento de um grande numero de indústrias de pequeno porte para a transformação e processamento de grãos de aveia, assim como para a elaboração de produtos mais saudáveis à dieta humana. Em 2018, foi colhida uma área de aproximadamente 375.600 ha e foram produzidas 794.000 toneladas de grãos (Conab, 2019) e mais de 90% da semente oficial era de cultivares da UFRGS.

Agricultura de Precisão (Drones)

Prof. Dr. Cristiano Zerbato

A palestra abordará a evolução da agricultura, desde a forma convencional que havia sendo realizada até a era atual da agricultura 4.0, também chamada de agricultura digital. Nesta abordagem discutiremos alguns termos que surgiram no ambiente agrícola nos últimos tempos (Era Pós-digital), tais como IoT, Big data, Conectividade, Machine learning e Inteligência Artificial, sendo que todas essas transformações tem relação com a Quarta Revolução Industrial. Uma das técnicas de digitalização e tomada de dados de culturas agrícolas é por meio do sensoriamento remoto via imagens aéreas captadas por drones. Neste sentido, será exposto as características deste equipamento tanto quanto os sensores que podem ser embarcados em drones, e as informações que podem ser geradas com este tipo de tecnologia, até mesmo informações de tomada de decisão que podem ser utilizadas no melhoramento genético de plantas, a exemplo de seleção indireta de cultivares superiores. Ainda será abordado algumas tendências e inovações que podem ser incorporadas ao manejo agrícola, como: Monitoramento de pragas agrícolas via sensoriamento remoto; Monitoramento da fertilização de lavouras por vants. Ao final, o objetivo é mostrar ao público como todo o avanço e digitalização dos processos agrícolas ajudam o agronegócio brasileiro a conectar e criar relações comerciais ou colaborações entre agricultores, produtores, empresários e especialistas de diferentes áreas.

Metaômicas aplicadas ao Melhoramento de Plantas

Haja vista a importância da compreensão das variações genéticas em um programa de melhoramento, o entendimento das estruturas e dinâmicas gênicas e suas respectivas influências em diferentes fenótipos pode permitir uma melhoria na eficiência de seleção, fornecendo subsídios genômicos para caracterização de plantas. Devido à natureza poligênica de caracteres vegetais de interesse econômico, a identificação de regiões genômicas associadas a características alvo representa uma tarefa desafiadora, porém necessária à compreensão das respostas das plantas ao ambiente. Além disso, a predição acurada de fenótipos com arquitetura genética de grande complexidade é tarefa chave na seleção de candidatos superiores em programas de melhoramento. A utilização de ômicas (Genômica, Transcriptômica, Proteômica, Metabolômica e Metagenômica) torna-se uma ferramenta valiosa que pode auxiliar na obtenção de novas cultivares. Dados de diferentes ômicas podem fornecer evidências diretas sobre regiões de interesse agronômico, e a integração dessas vias moleculares pode proporcionar um maior ganho genético e melhores taxas na predição de combinações de híbridos ainda não testados. Com tal enfoque, a palestra tem como objetivo apresentar de que forma a combinação de diferentes ômicas e metodologias biocomputacionais podem contribuir para o melhoramento vegetal, auxiliando no entendimento e predição de diferentes caracteres fenotípicos e permitindo o desenvolvimento de abordagens eficientes.

Marcelo Lüders

IBRAFE – Instituto Brasileiro do Feijão

O mercado de Pulses ganha um novo horizonte com a tendencia mundial de optar por proteínas de origem vegetal. Com tecnologia disponível e pesquisas que vem entregando, para o setor evolução constante em cultivares consumidas no exterior, estamos passando a ter relevância do ponto de vista de tradicionais países importadores. Pulses o alimento do futuro é a palavra de ordem para sustentar o planeta e 10 bilhões de pessoas em 2050. Temos desafios que precisam ser vencidos. Rastreabilidade, logistíca, promoção comercial são alguns deles.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MODELO DE MANEJO PARA MITIGAÇÃO DO DÉFICIT HÍDRICO EM CANA-DE-AÇÚCAR

Marcos G. A. Landell[1]; Hélio do Prado[1], Dilermando Perecin[2], Daniel Nunes da Silva[1], Maximiliano Scarpari[1], Ivan A. dos Anjos[1], Mauro A. Xavier[1], Orivaldo Brunini[1], Thiago Nogueira da Silva[3], Márcio A. P. Bidóia[1], Marcelo F. de Campos[1], Victor H. Pavelqueires da Silva[3], José R. Thomazinho[3], Mário P. Campana[1], Pery Figueiredo[1],

[1]Instituto Agronômico (IAC)/SAA. [2]UNESP-Jaboticabal. [3]Fundação de Apoio a Pesquisa Agrícola/Programa Cana IAC.

*E-mail: mlandell@iac.sp.gov.br.

Palavras-chave: seleção; ambientes; déficit hídrico

O programa de melhoramento de cana-de-açúcar do IAC teve o seu início em 1933. Em 1991-92, as ações de pesquisa com essa cultura foram reorganizadas criando-se o Programa Cana IAC. Em 1995 iniciamos o estabelecimento de ampla rede experimental que chamamos de PROCANA IAC, que tinha como principal finalidade avaliar o potencial e a estabilidade dos genótipos em fase final de seleção. Nesta década, regionalizamos os locais de seleção, usando como critérios peculiaridades edafoclimáticas numa área de representação aproximada de cinco milhões de hectares da cultura. No processo de seleção visando obtenção de variedades, priorizamos características como elevada produtividade agroindustrial, uniformidade biométrica dos colmos e hábito ereto das touceiras, prevendo a transformação radical pela qual a cultura passaria com a ampliação da mecanização dos processos de plantio e colheita. Em 1998, previmos a grande expansão que ocorreria nas próximas décadas para áreas com déficit hídrico mais pronunciado do que as tradicionais do Estado de São Paulo. Desta forma, ampliamos a rede experimental, incluindo 36 novas áreas no Centro Oeste e Sudeste do Brasil, instalando os ensaios com colheitas em três períodos da safra do Centro Sul, que chamamos de Precoce (Outono), Média (Inverno) e Tardia (Primavera). Caracterizamos todos os ambientes de produção desses ensaios, por critérios pedológicos, outorgando a cada ponto, a caracterização estabelecida no projeto AMBICANA IAC, dividindo-os em ambientes Favoráveis, Médios e Desfavoráveis, todos colhidos nas três épocas já citadas. Desta maneira, estabelecemos no primeiro momento uma matriz bidimensional com dois fatores e três níveis. Na sequência, introduzimos um terceiro fator ("Terceiro Eixo") que denominamos "CICLO DA CULTURA" fazendo referência ao "corte", considerando a hipótese, que há uma dinâmica no crescimento do sistema radicular da cana-de-açúcar, que a cada ciclo amplia o aprofundamento no perfil do solo, promovendo maiores valores de água disponível. Com isso estabelecemos a "Matriz Tridimensional" com a inclusão do terceiro fator, dividindo-o também, em três níveis: (a) Ciclos Jovens (1º-3º ciclo), (b) Ciclos Intermediários (4º-6º ciclo), e (c) Avançados (> 6º ciclo). A combinação dos níveis desses três fatores passou a ser adotado como um modelo de Manejo Varietal aplicado em diversas empresas sob a supervisão dos pesquisadores e técnicos do Programa Cana IAC, que tem como um dos objetivos a mitigação do déficit hídrico no ciclo da cultura. Hoje, essas áreas que adotam a Matriz Tridimensional, já totalizam algo próximo de 1,2 milhão de hectares. Os acréscimos de produtividade em relação ao manejo convencional, aquele que se apoia nas curvas de maturação para atender os períodos da safra, superam 30% de ganhos agroindustriais pois associam a estratégia de mitigação de déficit hídrico com a utilização de novas variedades identificadas na rede experimental como de potencial para cada uma das regiões de estudo.

Agradecimentos: as empresas que compõe a rede experimental do Programa Cana IAC e a FAPESP.

Promoção do uso do Banco de Germoplasma do ICRISAT: genotipagem e fenotipagem em larga escala

Vânia C R Azevedo, Mani Vetriventhan, Senthil Ramachandran, Abhishek Rathore, Santosh Desphande, Rajeev Gupta and Eng Hwa Ng

O banco de germoplasma do ICRISAT mantém 126.831 acessos de germoplasma de onze produtos (sorgo, milheto, amendoim, grão-de-bico e feijão-guandu, e os *millets*: *finger*, *foxtail*, *proso*, *barnyard*, *small* e *kodo*) oriundos de 144 países. Dados de caracterização são fundamentais de modo a identificar acessos potenciais para uso no melhoramento. Os avanços nas tecnologias de sequenciamento permitem genotipar grande número amostras a baixo custo, o que tornou possível genotipar coleções de germoplasma inteiras. Um projeto piloto foi desenvolvido visando a caracterização genômica e nutricional do Genebank do ICRISAT, inicialmente para sorgo e guandu. Foram genotipadas 10.000 amostras (1260 acessos, 8 plantas/acessos) com DArTseq. Composição nutricional foi estimada para 3000 acessos. O teor de proteína variou de 33 a 35,66% em 25 acessos de guandu. Em sorgo, um total de 64 acessos possuem mais de 13% de proteína e 49 acessos apresentaram de 6% até 8,09% de gordura. Um total de 18176 SNPs foram gerados para guandu e 35190 SNPs para sorgo. Para o guandu, a distância genética entre pares dentro de cada acesso variou de 0 a 0,393. Distância genética entre pares dentro de cada acesso em sorgo variou de 0 a 0,273. A distância genética entre os acessos foi de 0,10 até 0,273 em 14 acessos. A distância genética entre acessos silvestres de sorgo mostrou-se baixa (entre 0 a 0,01), com exceção de um acesso (até 0,145). Estes dados mostram significativa diversidade entre e dentro dos acessos de ambas as culturas assim como materiais com altos índices de compostos nutricionais.

RESUMOS DOS TRABALHOS DE BIOTECNOLOGIA E GENÔMICA

A Genome-Wide Association Study reveals SNPs associated with diplodia ear rot resistance in a tropical maize core diversity panel

Rodrigo Iván Contreras-Soto[1*]; Mauricio Carlos Kuki[2]; Marlon Coan[2]; Carlos Alberto Scapim[2]

[1]Universidad de O'Higgins, Rancagua-Chile. [2]Universidade Estadual de Maringá, Paraná-Brasil.

*rodrigo.contreras@uoh.cl

Keywords: quantitative traits; genotype-by-environment interaction; disease resistance

Stenocarpella maydis (Berk.) is considered the major pathogen throughout the most corn producing regions in the US, Africa, China and South America. This fungus causes diplodia ear rot (DER) disease in maize, a monocyclic disease responsible for rot in ears and kernels of corn, especially in warm and humid environments. The infection by *S. maydis* can results in decreased grain yields, poor grain quality and contamination by the mycotoxin diplodiatoxin. The large number of markers available on the tropical maize diversity panel has enabled genome-wide association (GWAS) studies for several complex diseases, including ear rot, southern corn rust and gray leaf spot. All of these GWAS studies identified SNPs associated with genomic pathways. In this study, we used GWAS to identify SNPs associated with diplodia ear rot resistance in the tropical maize core diversity panel across three growing season or environments of southern brazil. For that, 162 tropical inbred lines consisting of 91 field corns and 71 popcorn inbred lines were inoculated with *S. maydis* and field evaluated for DER across three season (main growing season 2014-2015 and second growing season 2015). A Genotyping by Sequencing was implemented in the tropical inbred lines, resulting in 270K high-quality polymorphic SNPs markers. A mixed linear model was implemented to evaluated the GWAS between DER and SNPs markers in tropical corn. The present study reported two genetically structured groups separated in field and popcorn subgroups. The results also showed significant and low magnitude of correlation ($r < 0.40$) among flowering (a cofounding effect) and DER within and across environments, suggesting a non-misinterpretation of SNPs association with DER caused by the flowering time. The GWAS model resulted in nine SNPs significantly associated with DER, three of which were located in previously chromosomes containing QTLs for DER resistance. This relatively small number of genomic regions or SNPs associated with diplodia ear rot at each environment in the individual and combined analysis was similar with others GWAS studies conducted on corn which have reported a small number and inconsistent associated SNP with diseases across environments (i.e. Fusarium ear rot, southern corn rust, gray leaf spot). The SNP markers also explain a considerable proportion of the phenotypic variance, and have a negative effect over the trait. Some gene models related to these associated SNPs has been show in previous studies a moderate expression in the endosperm and pericarp, and have functions related to biotic and abiotic stress in maize. If these SNP associations can be validated independently, they can be useful for breeders to select superior genotypes with greater diplodia ear rot resistance.

Acknowledgments: We would like to thanks to the project financial support of Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico for funding the project entitled "Resistance to southern corn rust in tropical maize" agreement process no. 24767/CNPq, and Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior from Brasília, Distrito Federal, Brasil.

ANÁLISE COMPARATIVA DE MÉTODOS BAYESIANOS E FREQUENTISTAS NA SELEÇÃO RECORRENTE GENÔMICA EM MILHO-PIPOCA

Ismael Albino Schwantes[1]; Janeo Eustáquio de Almeida Filho[2]; Pedro Henrique Araújo Diniz Santos[1]; Yure Pequeno de Souza[1], Fábio Tomaz de Oliveira[1], Antonio Teixeira do Amaral Júnior[1].

[1]Instituição: Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro", [2]Instituição: Bayer AG-Brasil

*ismael.schwantes31@gmail.com

Palavras-chave: seleção genômica, milho-pipoca, acurácia seletiva, métodos, GBLUP.

A Seleção Recorrente (SR) aumenta as frequências de alelos favoráveis para as características de importância agronômica; no entanto, a cada ciclo de seleção são realizadas três etapas: obtenção das progênies, avaliação e recombinação das famílias superiores, o que implica em considerável demanda de tempo. Com o uso da Seleção Recorrente Genômica (SRG), pode-se diminuir o tempo demandado para cada ciclo de seleção, pois possibilita realizar as fases de avaliação e de recombinação simultaneamente, reduzindo o período necessário para obtenção de cada ciclo para uma safra. Na SRG, os métodos bayesianos e o procedimento genômico frequentista GBLUP podem ser usados para a predição de estimativas dos valores genéticos genômicos (GEBV). Uma das estimativas importantes no ganho genético é a acurácia da predição. No caso da Seleção Genômica (GS), essa acurácia pode ser maximizada usando o modelo que melhor se adira à complexidade genética das características de interesse. Posto isso, o presente estudo teve como objetivo estimar as acurácias seletivas utilizando os seguintes métodos: GBLUP, Bayes A, Bayes B, Bayes Cπ, Bayes Lasso e RKHS. Foram avaliados 98 indivíduos, com o uso de 10.507 SNPs. O experimento foi implementado em blocos incompletos com três repetições, em dois locais. Foram avaliados o rendimento de grãos (GY), volume de pipoca expandida (VP) e a capacidade de expansão (PE). Para as análises foi utilizado o *software* R e o sistema de validação cruzada "ten-fold". Os métodos foram comparados com o teste T, via "correlation networks" e pelo tempo de execução da análise. Pelos resultados obtidos, concluiu-se que os métodos não diferiram estatisticamente quanto à acurácia seletiva, com estimativas elevadas de correlação (<0,98); no entanto, o teste GBLUP destacou-se pela rapidez e facilidade de execução. Assim, pode-se propalar que o método GBLUP é uma opção viável para ser utilizado na identificação de indivíduos superiores, por sua elevada acurácia seletiva e maior otimização de tempo na execução da análise em comparação com os demais modelos avaliados.

Agradecimentos: CNPq, FAPERJ, e ao apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Ensino Superior-Brasil (CAPES) - Código financeiro 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ANÁLISE DE RNASeq de GENES RESPONSIVOS AO DÉFICIT HÍDRICO NA FASE REPRODUTIVA DA SOJA

Camila Ronchi Macedo[1]; Renata Fuganti-Pagliarini [2]; Juliana Marcolino-Gomes [2]; Mayla Daiane Corrêa Molinari[1]; Daniel de Amorim Barbosa[1]; Juliana da Rosa[1]; Silvana Regina Rockenbach Marin[3]; Liliane Marcia Mertz-Henning[3]; Elíbio Leopoldo Rech Filho[4]; Alexandre Lima Nepomuceno [3*]

[1]Doutorado na Universidade Estadual de Londrina – UEL, Londrina PR; [2]Pós Doutorado CNPq/Embrapa Soja, Londrina PR; [3] Embrapa Soja, Londrina PR; [4]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília DF.

*caronchi2020@gmail.com

Palavras-chave: Soja; Déficit Hídrico; Transcriptoma.

A seca é o principal fator abiótico que provoca reduções de rendimento em culturas como a soja. Estudos buscam compreender a complexa rede de respostas vegetais nesta condição, usando ferramentas como a análise do transcriptoma via RNAseq. O período mais crítico à cultura é quando o déficit ocorre na fase reprodutiva e influencia no abortamento de órgãos. O objetivo deste trabalho foi realizar a análise ontológica (GO: *Gene Ontology)* via *Singular Enrichment Analysis* (SEA) em biblioteca de RNASeq de genes de flores e legumes de soja sob déficit hídrico visando genes associados ao abortamento e fertilidade. Plantas da cultivar BR 16 (sensível à seca) foram cultivadas em casa de vegetação, em delineamento de blocos ao acaso, com 9 repetições e arranjo fatorial 2x2, duas condições hídricas (Déficit hídrico – DH, Controle - C), e dois pontos de coleta, R2 (coleta de flores) e R4 (coleta de vagens). As plantas do grupo controle permaneceram com 70% de U.G durante todo o período de cultivo, enquanto que as plantas do tratamento de déficit hídrico foram submetidas à partir do estágio V8 a suspensão da irrigação até atingirem condutância estomática entre 200 e 150 mmol H_2O m^{-2} s^{-1} que é considerado como déficit hídrico moderado, foi estimada a % de U.G dos vasos do tratamento DH e então mantidos nesta umidade durante todo o período reprodutivo. As amostras de tecidos de flores no estádio R2 e vagens no estádio R4 dos tratamentos DH e C foram coletadas, extraído o RNA total e encaminhado para sequenciamento pela plataforma Illumina. O pipeline de bioinformática foi composto inicialmente pela concatenação e compilação das bibliotecas, análise de qualidade dos dados, análises de alinhamento, mapeamento e anotação gênica das bibliotecas. Foram considerados genes diferencialmente expressos (GDEs) aqueles que apresentaram log2FC entre ≥-2 e ≤+2. Sob déficit hídrico, observou-se a redução das trocas gasosas e taxa de crescimento, além da redução do número médio de flores por planta. Foi utilizada a Plataforma agriGO v2.0 para as análises GO via *Singular Enrichment Analysis* (SEA) dos genes diferencialmente expressos nas bibliotecas de flores e legumes. Os resultados obtidos mostraram, em flores, categorias de processo biológico como resposta de defesa, resposta a estresses, genes de modificação de parede celular e de sinalização molecular. Estruturas da parede celular estão associadas tanto à expansão quanto à desestabilização dessa parede. Assim, esses genes diferencialmente expressos podem estar sendo fundamentais na modulação da integridade da parede celular sob déficit osmótico em órgãos reprodutivos. Em legumes, a categoria de função molecular para atividade catalítica de oxiredução foi significativamente enriquecida, com ênfase para *up*-regulação de catecol oxidase. Esses resultados contribuem para o entendimento sobre os mecanismos de resposta à seca na fase reprodutiva da soja.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao INCT-BioSyn (Instituto Nacional de Biologia Sintética da Ciência e Tecnologia).

ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA O FLORESCIMENTO DE AVEIA EM CONDIÇÕES SUBTROPICAIS

Luiz Carlos Federizzi[1*]; Marcelo Teixeira Pacheco[1]; Cristiano Mathias Zimmer[1].

[1]Departamento de Plantas de Lavoura, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), Porto Alegre, RS, Brasil.

*federizi@ufrgs.br

Palavras-chave: Avena sativa L.; adaptação de cultivo; GWAS.

Desde 1974, com o início do Programa de Melhoramento de Aveia da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, a adequação do florescimento tem sido um dos principais critérios de seleção. Depois de muitos ciclos de seleção, o germoplasma brasileiro de aveia possui genótipos amplamente adaptados às condições subtropicais de cultivo e com elevado potencial produtivo. O objetivo deste trabalho foi identificar as regiões genômicas associadas ao caráter florescimento em condições subtropicais do Brasil. Um painel de 413 genótipos de aveia, provenientes de diferentes programas de melhoramento e selecionados com base em análises prévias de genealogia, foi avaliado para o caráter florescimento em Londrina, PR, e Eldorado do Sul, RS. Este mesmo painel foi genotipado no Centro de Genômica da Universidade de Minnesota utilizando o método *Genotyping By Sequence* (GBS). Após a chamada e filtragem dos *single nucleotide polymorphism* (SNP), 10209 marcadores foram utilizados para o mapeamento. Análises de associação genômica ampla foram realizadas para cada ambiente e também considerando a interação entre eles (análise multi-ambiente). As análises foram realizadas utilizando um modelo linear misto, considerando a estrutura da população e o grau de parentesco entre os genótipos, com auxílio do pacote rrBLUP, disponível no software R. Os três primeiros componentes principais, a matriz de parentesco e os locais na análise multi-ambiente foram considerados fatores fixos no modelo. O painel de aveia estudado apresenta elevada variabilidade genética e fraca estrutura de população, dois dos principais requisitos para uma boa análise de associação genômica ampla. Considerando a análise individual de cada ambiente, três *quantitative trait loci* (QTL) foram identificados em cada local de cultivo. Em Londrina, os QTL foram localizados nos grupos de ligação 'Mrg02', 'Mrg05' e 'Mrg21' do mapa consenso de aveia. Em Eldorado do Sul, os QTL foram localizados nos grupos 'Mrg02', 'Mrg05' e 'Mrg12'. Considerando a análise multi-ambiente, cinco QTL foram associados ao florescimento, sendo localizados nos grupos 'Mrg02', 'Mrg05', 'Mrg06', 'Mrg12' e 'Mrg21'. Estes resultados indicam uma forte interação QTL x ambiente, com dois padrões distintos de QTL: i) QTL para ampla adaptação, presentes em ambos os locais ('Mrg02', 'Mrg05' e 'Mrg06'); e ii) QTL de adaptação local, presentes em apenas um dos locais ('Mrg12' e 'Mrg21'). Diversos genes associados ao florescimento foram mapeados nestes grupos de ligação, incluindo *Vernalization1* (*Vrn1*), no grupo 'Mrg21', e *Vernalization3* (*Vrn3*), nos grupos 'Mrg02' e 'Mrg12'. Os QTL apresentados neste estudo, identificados a partir de uma coleção de indivíduos não aparentados, representam um grande avanço para a elucidação do florescimento de aveia em condições subtropicais e poderão ser utilizados para a seleção assistida por marcadores no futuro.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPERGS, UFRGS, *University of Minnesota* e PepsiCo.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO IN SILICO DAS INTERAÇÕES ENTRE A TOXINA CRY1AC1 E O RECEPTOR CADERINA DE POPULAÇÕES DE HELICOVERPA ARMIGERA SUSCETÍVEIS E RESISTENTES ENCONTRADAS EM CAMPO

Luis Ángel Chicoma Rojas[*1,2]; **Renato Farinacio**[2]; **Eliana Gertrudes de Macedo Lemos**[2]

[1]Universidad Privada Antenor Orrego,Trujillo,Perú, [2]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP – Universidade Estadual Paulista, Campus Jaboticabal, Departamento de Tecnologia, 14884-900 Jaboticabal, SP, Brasil

*luisangelchicoma14596@gmail.com

Palavras-chave: Bioinformatica; *Bacillus thuringiensis;* Transgênicos.

O surgimento de pragas resistentes a culturas transgênicas que expressão toxinas de *Bacillus thuringiensis* é um grande problema agrícola. Estas podem ocorrer devido a mutações nos receptores de membrana intestinal do inseto, como a Caderina, o que impede a interação com a proteína inseticida. Com o avanço das técnicas de modelagem molecular há possibilidade de realizar ensaios de ligação in silico e simular o comportamento da interação toxina/receptor. Assim, objetivo-se avaliar as interações entre Cry1Ac1 e o receptor Caderina por meio de programas computacionais de acoplamento. A estrutura das proteínas Cry1Ac1 de B*acillus thuringiensis* e das Caderinas suscetível (GenBank: AFQ60151.1) e mutantes resistentes ACr15, AYr15 e XYr15 (GenBank: JN898956, JX233819 e JX233820) de *Helicoverpa armiguera* foram modeladas por homologia, no servidor web SWISS-Model, sendo escolhidas aquelas com maior porcentagem de similaridade. Posteriormente, foi selecionado o loop ativo de Cry1Ac1 como seção de ligação e utilizado o programa AutodockToll 1.5.6 para o ensaio de acoplamento molecular. Os resultados obtidos mostram que a Cry1Ac1 é facilmente acoplada ao receptor Caderina suscetível, enquanto os mutantes resistentes (ACr15, AYr15 e XYr15) não apresentam nenhuma interação, o que esta de acordo com os ensaios in vivo previamente descrito na literatura. Por meio da compreensão das interações entre proteínas e receptores de membrana intestinal, a metodologia in silico aplicada demonstrou potencial para ser utilizada como uma análise preliminar na determinação da suscetibilidade/resistência de insetos a toxinas de *Bacillus thuringiensis.*

CONSTRUÇÃO DE BIBLIOTECA GENÔMICA ENRIQUECIDA COM MARCADORES MICROSSATÉLITES DE *Vitis* sp.

Geovani Luciano de Oliveira[1*]; Fernanda Ancelmo de Oliveira[2]; Anete Pereira de Souza[2]; Lívia Moura de Souza[2]; Mara Fernandes Moura[1]

[1]Centro Avançado de Pesquisa de Frutas, Instituto Agronômico de Campinas - IAC. [2]Laboratório de Análise Genética Molecular - Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética (CBMEG), Instituto de Biologia - UNICAMP.

*geovani.l.o@hotmail.com

Palavras-chave: SSR; uva; recursos genéticos

A videira é uma espécie exótica no Brasil, porém cada vez mais importante na fruticultura nacional, passando, nos últimos anos, de um cultivo exclusivo de zonas temperadas para uma grande alternativa também em regiões tropicais. A conservação e caracterização dos recursos genéticos de videira em bancos de germoplasma tem sido a base para a sua utilização nos programas de melhoramento, que resultam no desenvolvimento de novas cultivares. A análise genética molecular, baseada no polimorfismo de DNA tem sido útil no estudo de diversidade genética dessas coleções, facilitando a classificação correta de amostras, bem como a identificação de sinonímias e homonímias. Assim, objetivou-se desenvolver marcadores microssatélites (SSR) para o gênero *Vitis* visando a caracterização genética do germoplasma de uva do Instituto Agronômico de Campinas (IAC). O material vegetal foi coletado no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Vitis* sp. do IAC no município de Jundiaí, SP, a fim de se obter o DNA genômico total. Foi utilizado o protocolo de Billotte *et al.* (1999) com modificações para construção da biblioteca, constituindo-se nas seguintes etapas: digestão do DNA genômico com a enzima *RsaI*; ligação dos adaptadores Rsa21 e Rsa25; pré-amplificação com o primer Rsa21; seleção de fragmentos contendo SSR por hibridização de sondas biotiniladas $(CT)_n$ e $(GT)_n$ e magnetização; amplificação dos fragmentos selecionados, clonagem em vetor pGEM-T Easy e transformação por eletroporação em linhagem de células competentes DH10B de *Escherichia coli*; seleção, amplificação dos insertos clonados contendo SSRs e sequenciamento dos clones positivos. A partir do sequenciamento de uma amostragem de 28 clones, foram encontrados 24 SSRs. Dentre os diferentes motivos nas sequências microssatélites os dinucleotídeos foram os mais abundantes (55,2%), seguidos pelos hexa (17,3%), tri (13.8%), tetra (10,3%) e pentanucleotídeos (3,4%). Desses 37,5% foram classificadas como Classe I (>20pb) e 62,5% como Classe II (entre 12 a 20 pb). Numa segunda classificação, 25% eram imperfeitos e 75% perfeitos. Estes marcadores são potenciais para serem utilizados em estudos de estrutura populacional, bem como estabelecer identidades genéticas as variedades, orientando a realização dos cruzamentos no âmbito do programa de melhoramento da videira da instituição.

Agradecimentos: CBMEG/UNICAMP, FAPESP e CAPES.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERSITY AND GENETIC STRUCTURE OF MODERN AND OLD CARIOCA CULTIVARS AFTER 48 YEARS OF COMMON BEAN GENETIC BREEDING

Caléo Panhoca de Almeida[1]*; Jean Fausto de Carvalho Paulino[1]; Cassia Cristina Augusto Pereira[1]; Isabella Laporte Santos1; Monica Rodriguez[2]; Roberto Papa[3]; Alisson Fernando Chiorato[1]; Luciana Lasry Bechimol-Reis[1].

[1]Instituto Agronômico de Campinas. [2]Università Degli Studi di Sassari. [3]Università Politecnica Delle Marche.

*caleopanhoca@hotmail.com.

Keyword: *Phaseolus vulgaris*; DAPC; populational genomics.

Common beans are considered one of the most important grains for human consumption. In Brazil, it is part of the daily food of the population, making the country the largest consumer in the world. Archaeological finds date consumption 5,000 BC and since then the species has been genetically breeding. Until the 1970s, there were several types of cultivars in the Brazilian market, but in 1971 the release of the cultivar IAC-Carioquinha revolutionized bean trade. However, few studies have sought to elucidate the genetic diversity of the carioca cultivars recommended in the last 48 years and whether there was changes in the genetic basis since then. The present work had the goal to study the diversity and the genetic structure of 85 cultivars from different Brazilian breeding programs. The genotypes were divided in two groups based on the year of release, and for that, the year of the cultivar BRS-Pérola was used as a division. The first set (OLD) was composed by cultivars released before 1994; and the second one (MODERN) from 1994 to 2018. In addition, 4 non-carioca (ANCESTOR) from the 60's and 2 Andean genotypes were used to understand how much of the genetic base of the cultivars that preceded the cultivar Carioquinha was preserved, and if there was the introgression of the Andean gene pool. The genotypes were genotyped with 6,000 SNPs (BARCBean6K_Illumina) and a total of 2112 SNPs were used for Bayesian clustering analysis (STRUCTURE). The best K was determined by Evanno (2012). Genetic similarity analysis was obtained by the distance of Nei (1978) and UPGMA. In order to test the genetic structuring of the 3 sets, DAPC analysis was performed. The largest K was obtained for 2, 4 and 8, and for K = 2 it was possible to distinguish the Andean pool from the Mesoamerican one, and to verify that there was some introgression of the Andean gene pool into the Carioca cultivars. In K 8, it was possible to infer that the genetic basis of the cultivars that preceded the carioca variety was maintained in the OLD set, which presented a significant difference to the MODERN set. The genetic structure was confirmed by the DAPC, resulting in greater similarity of the cultivars belonging to the same set and smaller among them. The ANCESTOR set was closer to OLD, and the later to the MODERN. The dendrogram confirmed the genealogy, grouping the OLD cultivars that were used in the crosses of the MODERN. Understanding the structure and accessing the genetic diversity of the main carioca elite cultivars may be tool so that breeding programs can select a broader genetic germplasm and direct the acquisition of new cultivars adapted to the new biotic and abiotic stresses.

Agradecimentos: FAPESP and CNPq/PIBIC.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10° CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EARLY RESPONSES OF *Eucalyptus grandis* GENOTYPES TO RUST INFECTION USING PROTEOMIC APPROACHES

Alline Sekiya[1], Mônica Veneziano Labate[1], Zhouxin Shen[2], Steven Paul Briggs[2], Carlos Alberto Labate[1]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo (ESALQ/USP). [2]University of California, San Diego (UCSD).

allinesekiya@usp.br

Keywords: *Austroppucinia psidii*; susceptibility; resistance.

Eucalyptus grandis is one of the main crops used to produce paper and celluloses in Brazil. However, some fungal diseases, as rust, can cause disruption in the plant development and, consequently losses in productivity. The aim of this work was to identify proteins related to early responses of *Eucalyptus grandis* to the rust infection. The experiment was performed with two genotypes (rust-resistant and rust-susceptible) and three replicates in a randomized block design. The samples were collected at 0 hour after inoculation (hai), used as control, and 12hai. The proteins were extracted, processed and analyzed by mass spectrometry using the Tandem Mass Tag (TMT) System. For each genotype, proteins with relative abundance (12hai/0hai) > 1.10 or < 0.90, and p-value < 0.05 were considered differentially abundant. These proteins were compared between the two genotypes to investigate their relationship to rust-resistance or rust-susceptibility. In total, 5850 proteins were identified, but only 126 and 278 were differential for the rust-resistant and rust-susceptible genotypes, respectively. The comparison between the two genotypes showed 44 overlapped proteins. Out of a total of 360 evaluated proteins, 142 showed significant differences ($p<0.05$). For the rust-resistant genotype, proteins related to cell wall biosynthesis, pathogen recognition and production of Reactive Oxygen Species (ROS) for Hypersensitive Reaction (HR) and Programmed Cell Death (PCD) were up-regulated, triggering a specific defense response to the biotrophic fungal attack. However, for the rust-susceptible genotype, some of these proteins and others related to Pattern-Triggered Immunity (PTI) and Effector-triggered Immunity (ETI) responses were down-regulated, supposing a subversion of the defense response system. Rust-susceptible genotype also showed some down-regulated chaperone proteins while other proteins related to degradation of misfolded proteins were up-regulated, revealing a post-translational mechanism to control protein expression. Interestingly, this genotype presented proteins which can disturb the leaf development and the trichome formation. These results suggest possible ways that the fungus suppresses the plant defense response to successfully infect the host and induces plant susceptibility. Therefore, we conclude that the rust-resistant genotype recognizes the pathogen and induces responses before 12hai, at the same time that the rust-susceptible genotype has its protein expression profile reprogrammed by the fungus to suppress the plant defense system and allow the infection process.

ESTIMATIVA DE VIABILIDADE POLÍNICA E ÍNDICE MEIÓTICO DE *OCHROMA PYRAMIDALE*

Géssica Tais Zanetti[1]; Ana Aparecida Bandini Rossi[2]; Eulália Soler Sobreira Hoogerheide[3]; Kelli Évelin Müller Zortéa[4]; Joameson dos Santos Lima[1]; Poliana Elias Figueredo[5]

1Mestrandos do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Alta Floresta, MT - Brasil. 2Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas. Professora do Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular. Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias. PPGBioAgro; PGMP; PPGBioNorte, Universidade do Estado de Mato Grosso, Alta Floresta, MT – Brasil. 3Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade de São Paulo (USP), pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT – Brasil. 4Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Biotecnologia da Rede Bionorte, Universidade do Estado de Mato Grosso, Campus de Alta Floresta, MT – Brasil. 5Graduanda em Agronomia, Universidade Federal do Mato Grosso (UFMT), Sinop, MT – Brasil.

gessicabiotec@gmail.com

Palavras-chave: fertilidade; meiose; melhoramento.

A viabilidade polínica é um indicativo da fertilidade masculina de plantas e pode ser determinada por meio de métodos colorimétricos com corantes químicos que reagem especificamente com componentes celulares presentes no grão de pólen. Estes estudos são importantes para o entendimento da biologia reprodutiva das espécies e para auxiliar em programas de conservação e melhoramento. Portanto, objetivou-se estimar o índice meiótico e a viabilidade polínica de *Ochroma pyramidale* por meio de testes colorimétricos. Foram coletados botões florais no estágio de pré-antese de seis indivíduos de O. *pyramidale* em três cidades mato-grossenses (Sinop, Itaúba e Alta Floresta). Para estimativa da viabilidade polínica, os grãos de pólen de cada um dos indivíduos foram submetidos aos corantes Carmim acético 2% e reativo de Alexander, sendo contabilizados 2400 grãos de pólen por corante. A viabilidade polínica foi estimada por meio dos grãos de pólen viáveis dividido pelo número total de grãos de pólen contabilizados. Estimou-se o índice meiótico (IM) por meio da contagem das células em divisão celular normal (tétrades) e anormal (tríades, díades, mônades e políades). O índice meiótico foi obtido avaliando-se 2400 produtos pós-meióticos em carmim acético 2%, por indivíduo. Os dados de viabilidade e IM foram submetidos a análise de variância utilizando o modelo linear generalizado, indicado para dados com distribuição binomial, com auxílio do programa R. Verificou-se ausência de interação significativa entre os corantes e os indivíduos. Houve diferença significativa apenas para a média de viabilidade polínica entre os indivíduos. Os indivíduos apresentaram médias de viabilidade polínica superiores a 90%, variando de 92,71% a 99,42%, indicando alta porcentagem de pólens viáveis. O indivíduo 4 apresentou as menores médias de viabilidade polínica para os dois corantes, 92,7% no Carmim e 93,5% no Alexander, porcentagens ainda consideradas altas. Esses dados estão de acordo com o alto valor de IM observado para a espécie, pois todos os indivíduos apresentaram IM superior a 90%, as médias variaram de 91,92% a 99,42%, portanto, possuem regularidade meiótica. O indivíduo 6 apresentou menor média para IM, 91,9%, em relação aos demais e foi o que apresentou maior variação (85,33% a 98,33%) entre as repetições. Observou-se comportamento semelhante entre os indivíduos para viabilidade polínica e IM. Os indivíduos de *O. pyramidale* estudados possuem alta regularidade meiótica, expressa na alta porcentagem de viabilidade polínica e IM.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENES CANDIDATOS PARA COR DO TEGUMENTO DO GRÃO CARIOCA DE FEIJÃO COMUM UTILIZANDO ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA

Isabella Laporte Santos[1]; Jean Fausto de Carvalho Paulino[1]; Caléo Panhoca de Almeida[1]; Cássia Cristina Augusto Pereira[1]; Raissa Andrade Berenguer[1]; Alisson Fernando Chiorato[2]; Luciana Lasry Benchimol-Reis[1].

[1]Instituto Agronômico, Centro de Recursos Genéticos, Campinas, SP. [2]Instituto Agronômico, Centro de Grãos e Fibras, Campinas, SP.

isa-laporte@hotmail.com

Palavras-chave: Phaseolus vulgaris; GWAS; SNPs

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um produto agrícola de grande valor econômico-social, visto que é um alimento produzido em larga escala e de alto valor nutritivo. O grupo comercial de grãos do tipo carioca apresenta alta demanda no mercado brasileiro e o conhecimento da variabilidade que rege a coloração dos grãos entre os diferentes cultivares é de grande importância. Isto porque grãos de coloração mais escura desencadeiam uma rejeição por parte dos consumidores, pois estes associam a grãos mais velhos e, então, com maior tempo de cocção, resultando no decaimento de seu valor comercial. Neste contexto, o objetivo desse trabalho foi o de realizar um estudo de associação genômica ampla (GWAS) com o intuito de se definir genes candidatos atribuídos a cor do tegumento do grão de feijão do tipo carioca. Para tal, a fenotipagem foi realizada com o colorímetro manual, marca Minolta®, modelo CR-410 com 10 aferições para cada genótipo do plantio experimental de 150 acessos de tegumento do tipo carioca provenientes do Banco de Germoplasma do Instituto Agronômico (IAC) de Campinas, com delineamento em blocos casualizados, realizado na estação das águas no Centro Experimental Central do IAC. Para a análise dos resultados foi adotado o modelo REML na média de cada valor de luminosidade (L*) de cada acesso. Na genotipagem foi utilizado um conjunto de 6.000 SNPs do BeadChip BARCBean6K_3 da plataforma Illumina em todos os 150 genótipos de estudo. Os SNPs de baixa qualidade e monomórficos foram filtrados com uma *Frequência Mínima dos Alelos* (MAF) de 0,01 (MAF>0,01). As análises de GWAS foram realizadas segundo o modelo FarmCPU do pacote GAPIT e resultaram em dois SNPs significativos localizados no cromossomo 4 e no cromossomo 7. A comparação com o genoma de referência forneceu a localização destes SNPs e o BLAST realizado do SNP significativo do cromossomo 7 evidenciou genes candidatos na regulação da coloração do grão de feijoeiro. Este resultado demonstra que o uso da ferramenta de associação genômica ampla poderá ter grande utilidade na seleção de genes e de QTL de efeitos significativos para coloração de grãos de feijão comum.

Agradecimentos: *CAPES e FAPESP*

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Genome assembly of contrasting soybean cultivars for the tolerance to the stink bug complex

Marcos Antonio de Godoy Filho[1], Lucas Borges dos Santos[2], João Paulo Gomes Viana[3], Wei Wei[3], Steven J. Clough[3,4], and José Baldin Pinheiro[1]

[1]Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP. [2]Universidade Estadual de Campinas. [3]University of Illinois at Urbana-Champaign, [4]US Dept of Agriculture, Urbana, IL.

Key words: Assembly; Soybean; Genome

Soybean is a major commodity in Brazil that moves billions of dollars every year in the country. In 2018, soybean and it's derivatives accounted for $40.9 billion in exports. However, there are some obstacles to obtaining higher yield, and among the difficulties, the attack of insects stands out, especially by the complex of stink bugs, which diminish the yield of the crop and can transmit phytopathogens. An alternative to the use of insecticides is the development of resistant cultivars. However, the literature on resistance to these insects is scarce. For a better understanding of the genetic architecture involved in the resistance of soybean to the stink bug complex, genomes of soybean cultivar IAC-100 (tolerant) and cultivar CD-215 (susceptible) were sequenced. For this, we used the Chromium Genome technology (10x Genomics, San Francisco, USA), and sequencing was performed on the Illumina NovaSeq 6000 plataform. The sequencing generated 915,242,430 reads for the cultivar IAC-100 and 801,616,150 reads for the cultivar CD-215. The draft genome assembly was performed using the software Supernova 2.1.1, which for the IAC-100 generated an assembly with 1.051.635.040 bp, with a scaffold N50 of 4.02 Mb, GC content of 34.56% and coverage of 44.25X. For the cultivar CD-215, an assembly of 1.055.082.614 bp was generated, with an N50 scaffold of 4.28 MB, GC content of 34.52% and coverage of 43.54X. Removing sequences smaller than 10.000 bp, we have 958.830.628 bp of the genotype IAC-100 assembled with 75% of the total length contained in 159 scaffolds. The CD-215 assembly was 962.966.721 bp with 75% of the total length of the sequence contained in 144 scaffolds. Assembled genome sizes and CG content for both IAC-100 and CD-215 are very close to the four soybean genomes available in the NCBI to date, with values 35.12%, 35.34%, 35.27% and 34.60%. Besides, the N50 scaffolds are similar to several available genomes that have used more than one sequencing technique, showing that Chromium technology and Supernova analysis works well for draft whole genome assemblies of soybean. To verify the quality of the assembly, we compared the scaffolds to highly conserved gene orthologs on the Embryophyta dataset using BUSCO software (v.10.0), where the IAC-100 genome draft had 97.6% of the database genes present, and the draft of the CD-215 genome showed 97.1% of the genes present, demonstrating a high-quality assembly. The study of these genomes opens the door to several other analyses and studies, such as the search for polymorphisms in the region of mapped QTLs, seeking to find genes involved with the tolerance to the stink bug complex, and to understand their functions with under or over expression functional studies. In addition, it is possible to develop markers for fine mapping in order to find tags that can be used to breeding for these traits.

Genome Wide Association Study of quantitative resistance characters in soybean breeding materials to Asian Rust

Danielle Cristina Gregorio da Silva1; Everton Geraldo Capote Ferreira2; Raphaela Bergamini Bissi3; David Lucas Liaschi Floro Silva4; Bruna Barbosa Avelino4; Rafaella Cardoso2; Valeria Stefania Lopes-Caitar1; Luciane Gomes Barros2; Marcia Kamogae Kuwahara1; Carlos Alberto Arrabal Arias1; Marcio Elias Ferreira5; Ricardo Vilela Abdelnoor1; Francismar Correa Marcelino-Guimarães1.

[1]Laboratório de Genética Molecular e Seleção Assistida, Embrapa Soja, Londrina-PR[1]. [2]Universidade Estadual de Londrina. [3]Centro Universitário Filadélfia. [4]Universidade Norte do Paraná. [5]Embrapa Labex, Beltsville.

danielle.gregorio-silva@embrapa.br

Palavras-chave: GWAS; Chromosome 18; *Phakopsora pachyrhizi*

Asian Soybean Rust (ASR), caused by *Phakopsora pachyrhizi,* has been the most important economic disease threatening soybean production in Brazil in the last years. The study of the genomic regions responsible for ASR resistance revealed seven *loci* so far, known as *Rpp1* to *7*. Several resistant lines, adapted and highly productive were developed in Brazil by conventional breeding. Some of them employed resistance that has not been previously mapped. Genome Wide Association Studies (GWAS) provide a way to assess the genomic regions responsible for such resistance and to discover SNPs for Marker Assisted Selection (MAS). In this work, we performed a genome wide association study (GWAS) in a soybean panel composed by ASR resistant materials, aiming at the discovery of the genomic regions subjacent to the resistance and new SNPs for MAS. A total of 129 materials were selected to compose the panel, comprising Brazilian varieties, lines, and PIs. Among those lines, 22 were derived from a same source line, with high resistance to ASR (Sporulation level = 0). Inoculation was conducted under greenhouse conditions, with a fungus population collected in experimental fields at Embrapa Soybean (2017/2018). Quantitative resistance characters were evaluated under stereoscopic microscope. DNA of all materials was submitted to analyses in the SoySNP50K iSelect BeadChip (Illumina Infinium). SNP data was filtrated with MAF (minor allele frequency) of 0.01 and GWAS was conducted on GAPIT R package using three different models: cMLM, FarmCPU and cMLMM. We identified SNPs associated with ASR quantitative resistance characters (FDR-adjusted p-values <0.001) on 10 soybean chromosomes. In chromosome 18, we found eight associated markers, distributed in four chromosomal regions, spanning the vicinity of 44.5 Mpb, 47 Mpb, 50 Mpb (*Rpp4*-near region) and 56 Mpb (comprising *Rpp1* region). Haplotypes combining peak-SNPs in *Rpp1* an *Rpp4*-near regions were shared by only resistant materials in our panel. Among the 22 query lines, 11 shared the haplotype in the *Rpp1* region of chromosome 18. Further, we investigated the haplotypes of *Rpp1* an *Rpp4*-near regions in an internal whole genomic sequence database and confirmed their exclusive association to *Rpp1(b and ?)* and *Rpp4* bearing PIs, respectively. Additional studies are required to investigate the importance of the SNPs from the other nine chromosomes discovered in this study. The identification of a haplotype associated with highly resistant lines will be useful in MAS to accelerate soybean breeding for the development of cultivars with durable resistance to ASR.

Apoio: CAPES, CNPq, Embrapa Soja

GENOME-WIDE ASSOCIATION MAPPING OF FIBRE AND SUGAR TRAITS IN SUGARCANE

Ricardo José Gonzaga Pimenta[1]; Alexandre Hild Aono[1]; Alisson Esdras Coutinho[2]; Dilermando Perecin[2], Luciana Rossini Pinto[3], Anete Pereira de Souza[1*]

1Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Universidade Estadual de Campinas. 2Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. 3Centro Avançado da Pesquisa Tecnológica do Agronegócio de Cana, Instituto Agronômico de Campinas. *anete@unicamp.br

Keywords: GBS; pol; fibre

The cultivation of sugarcane has undisputable importance in Brazilian economy. The breeding of this crop is marked by its genomic complexity – in addition to being highly polyploid, its genome often presents aneuploidies; this hinders research in the area and delays the development of new cultivars. In that context, genome-wide association studies (GWAS) arise as a promising strategy to identify molecular markers associated to traits of interest, which can be used in marker-assisted selection and help accelerate breeding. Several of such studies have been performed in sugarcane, but most employed markers treated as dominant or lacked in including genotypes available for breeders in Brazil. Therefore, this project aimed to perform GWAS in sugarcane using co-dominant markers and breeding material of Brazilian interest. A panel of 95 sugarcane genotypes from the Agronomic Institute of Campinas (IAC) was cultivated in a randomized complete block design with three replicates, and ratoon cane was harvested in three maturity stages; plants were analysed for fibre percentage and apparent sucrose content (pol). A genotyping-by-sequencing (GBS) library was constructed for this population and sequenced on a NextSeq500. Variants were called on TASSEL4-POLY pipeline using nine references and filtered with VCFTools. To establish genotypic classes, allele rates based on read counts and scaled to a ploidy of 12 were used. Principal component analyses (PCA) were performed using both phenotypic and genotypic data, and the optimal number of clusters was determined using the Elbow and silhouette methods using factoextra on R. The genetic membership of genotypes was determined with a discriminant analysis of principal components (DAPC) on R package adegenet. R package GWASpoly was used to perform association analyses, including harvest month, year and population structure and kinship as co-variables. The False Discovery Rate (FDR, < 0.05) criterion was employed to determine the significance of associations. 766,606,988 reads were generated by sequencing the GBS library; their mapping to different references resulted in variable rates of alignment. Variants discovered using a monoploid genome of *Saccharum spontaneum* were chosen for further analyses, as this reference produced 46,985 markers with information of position. The PCA using phenotypes suggested the presence of two clusters in the population, in accordance to previous analyses performed on this panel. Clustering based on genotypes also indicated the existence of two groups, which were not correlated to the phenotypic division. Association analyses allowed the identification of 15 and 108 markers associated to pol and fibre, respectively. These markers will be priority candidates to be employed in IAC's sugarcane breeding programmes and contribute to their optimization.

Acknowledgements: We thank Fundação de Apoio à Pesquisa do Estado de São Paulo (Fapesp, process number 2018/18588-8), Comissão de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for funding this research.

Genomic Selection in Rubber Tree Breeding: A Comparison of Models and Methods

Souza, L.M.1, Francisco, F.R. 1, Gonçalves, P.S. 2, Scaloppi Junior, E.J. 2, Le Guen, V. 3, Fritsche-Neto, R. 4, Souza, A.P 1,5.

1 Molecular Biology and Genetic Engineering Center (CBMEG), University of Campinas (UNICAMP), Campinas, SP, Brazil. 2 Center of Rubber Tree and Agroforestry Systems, Agronomic Institute (IAC), Votuporanga, SP, Brazil. 3 Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD) UMR AGAP, Montpellier, Hérault, France. 4 Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), Piracicaba, SP, Brazil. 5 Department of Plant Biology, Biology Institute, University of Campinas (UNICAMP) UNICAMP, Campinas, SP, Brazil

liviamoura31@gmail.com

Keywords: *Hevea brasiliensis*, Breeding, Multienvironment

Rubber tree breeding programs is characterized by breeding cycles of 25-30 years, and the most advanced programs are in their fourth cycle of breeding, are complex and costly because the size of trees requires experiments over large tracts of land to test progeny, and the tests are expensive to establish and manage over many years. The main objective of rubber tree breeding is the development of early selection methods that support the accurate prediction of mature phenotypes at a younger stage and are therefore important for shortening breeding cycles and improving the cost efficiency of such breeding programs. Several genomic prediction models incorporating genotype x environment (G×E) interactions have recently been developed and used in genomic selection (GS) in plant breeding programs. G×E interactions decrease selection accuracy and limit genetic gains in plant breeding. Two genomic data sets were used to compare the prediction ability of multienvironment G×E genomic models and two kernel methods (a linear kernel (genomic best linear unbiased predictor, GBLUP) (GB) and a nonlinear kernel (Gaussian kernel, GK)) and prediction accuracy (PA) of five genomic prediction models: (1) one without environmental data (BSG); (2) a single-environment, main genotypic effect model (SM); (3) a multienvironment, main genotypic effect model (MM); (4) a multienvironment, single variance GxE deviation model (MDs); and (5) a multienvironment, environment-specific variance GxE deviation model (MDe). We evaluated the utility of GS with 435 rubber tree individuals in two sites and genotyped the individuals with genotyping-by-sequencing (GBS) of single-nucleotide polymorphisms (SNPs). Prediction models were estimated for diameter (DAP) and height (AP) at different ages, with a heritability ranging from 0.59 to 0.75 for both traits. Applying the model (BSG, SM, MM, MDs, and MDe) and kernel method (GBLUP and GK) combinations to rubber tree data showed that models with the nonlinear GK and linear GBLUP kernel had similar PAs. Multienvironment models were clearly superior to single-environment genomic models with a GBLUP or GK, suggesting that introducing interactions between markers and environmental conditions increases the proportion of variance explained by the model and, more importantly, the PA. In the best scenario (well-watered (ww) plus GB), a 6.7 and 8.7 times greater genetic gain was obtained for AP and DAP, respectively, with multienvironment GS (MM, MDe and MDS) than with the conventional genetic breeding model (CBM). GS resulted in a more balanced selection response in DAP and AP and if used in conjunction with classic genetic breeding programs will contribute to a reduction in selection time. With the rapid advances in and declining costs of genotyping methods, balanced against the overall costs of managing large progeny trials and potential increased gains per unit time, we are hopeful that GS can be implemented in rubber tree breeding programs.

Acknowledgements: CNPq, CAPES and FAPESP.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENOMICLAND: SOFTWARE FOR GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES AND GENOMIC PREDICTION

Camila Ferreira Azevedo[1*]; Moysés Nascimento[1]; Vitor Cunha Fontes[1]; Fabyano Fonseca e Silva[1], Marcos Deon Vilela de Resende[1,2], Cosme Damião Cruz[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa. [2]Embrapa Florestas.

[*]genomicland@gmail.com

Keywords: statistical analysis; genomic analysis; biometrics

Genome-wide selection (GWS) and genome-wide association studies (GWAS) consist of analyzing a large number of single nucleotide polymorphism (SNP) markers widely distributed in the genome, capturing quantitative trait loci (QTLs) that affect a quantitative trait. The use of GWS in breeding programs allows for an increase in the efficiency in predicting genetic values, speed in the identification of genetically superior individuals, increase in the rate of genetic gain and reduction of the generation interval. The GWAS allows for identifying possible associations between genetic regions and traits. Both these analyses have had an important impact on breeding programs due to the study of the molecular controls of complex traits and biological processes. The study of statistical methodologies and computational tools applied to genomic prediction and association studies is considered an important line of research. These methodologies are implemented in different software, which, in general, require knowledge of programming languages, making them difficult for lay users. Additionally, some of these require a license for their use and have complicated interfaces. For this purpose, GenomicLand was developed as a computational tool for genomic prediction and association studies based on the free R software. The development of GenomicLand under the R interface made it possible to use the main packages of this software without the use of command lines by the user. The user can use all statistical procedures necessary for a complete genomic approach without the need to use other software. In addition, the scheduling of computational routines is prepared for the dimensionality of the genomic data of the plant area and is optimized in order to reduce computational time and effort. GenomicLand is available in English, can be downloaded from the Internet (https://licaeufv.wordpress.com/), and requires the Windows or Linux operating system. The software includes statistical procedures based on mixed models, Bayesian inference, dimensionality reduction and artificial intelligence. Examples of data files that can be processed by GenomicLand are available. The examples are useful to learn about the operation of the modules and statistical procedures. In addition, the software contains a summary and a description of the procedures performed and the necessary parameters. So far, the software has been downloaded by researchers and students from 10 countries, including the United States, Spain, Latin America and Australia.

Acknowledgements: The authors would like to thank FAPEMIG, CAPES, and CNPq for the financial support.

GENÓTIPO DE CANA-DE-AÇÚCAR TRANSGÊNICA RESISTENTE AO HERBICIDA GLIFOSATO

Caroline Fregonesi[1,2]; Michele De Souza Massa Rizzi[1]; Larissa Mara de Andrade[1]; Dilermando Perecin[2]; Silvana Creste[1].

[1]Centro de Cana – Instituto Agronômico, Ribeirão Preto, SP, 14.001-970, Brasil. [2]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UNESP, Jaboticabal, SP, 14.884-900, Brasil

carolfregonese@hotmail.com

Palavras-chave: Cana-de-açúcar; Transgênico; Herbicida.

A cana-de-açúcar, uma das principais culturas agro-econômica do mundo, é utilizada como fonte de matéria-prima para a produção de açúcar e etanol, além da co-geração de energia elétrica. Atualmente, variedades geneticamente modificadas de cana estão sendo desenvolvidas visando principalmente produtividade e sustentabilidade. Dentre os diversos fatores que afetam a produtividade da cana está a ocorrência de plantas daninhas (e.g. *Mucuna aterrima*, *Ricinus communis*, *Panicum maximum*) no canavial, as quais competem por recursos limitantes do meio, como água, luz e nutrientes, além de interferir no rendimento da colheita. Neste trabalho, um vetor de superexpressão contendo o gene EPSPS, que codifica a enzima enol-piruvil shiquimato fosfato sintase, que confere resistência ao herbicida glifosato, foi utilizado para transformar a variedade SP80-3280. *Calli embriogênicos*, produzidos a partir de discos foliares de ponteiros de cana, foram cultivados em meio MS, suplementado com 8g/L Gelrite, 25g/L de sacarose, 150mg/L ácido cítrico, 100mg de cisteína, 300ul de 2,4-Dichlorophenoacetic Acid (10mg/ml) e submetidos a transformação via *Agrobacterium tumefaciens (OD=1.0)*, utilizando o protocolo desenvolvido no laboratório de Biotecnologia do Centro de Cana. A seleção dos eventos transgênicos foi feita em meio MS seletivo, contendo 30mM de glifosato. Plantas transgênicas foram confirmadas por PCR em tempo real, utilizando um par de *primers* que flanqueiam o gene alvo. Do total de 25 palmitos introduzidos, foram obtidos 31 eventos positivos, com eficiência de seleção de 19%. Os eventos transgênicos confirmados foram plantados em casa-de-vegetação para posteriores análises de expressão do transgene e de resistência ao herbicida glifosato. A metodologia aqui desenvolvida está sendo transferida para outras variedades de cana IAC, visando assim a produção de variedades transgênicas.

Agradecimentos: Fapesp (2017/24420-0), Capes.

GWAS FOR RESISTANCE TO *Colletotrichum lindemuthianum* RACE 2 IN COMMON BEAN

Mariana Vaz Bisneta[1*]; Pedro Soares Vidigal Filho[1]; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal[1]; Giseli Valentini[1]; Laíze Raphaelle Lemos Lima[1]; Maria da Conceição Martiniano-Souza[2]; Júlio Cezar Ferreira Elias[1]; Andrea Ariani[3]; Paul Gepts[3]

[1]Universidade Estadual de Maringá, Maringá, PR, Brazil; [2]Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA, Recife, PE, Brazil; [3]University of California, Davis, CA, USA.

*marianavazbisneta@hotmail.com

Key-words: anthracnose; resistance; GWAS.

Common bean is one of the most important legumes for human consumption. Nevertheless, bean production can be severely affected by diseases as anthracnose, caused by *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc. & Magnus) Briosi & Cavara. Under disease promoting conditions this pathogen can lead up to 100% of yield loses. Adoption of resistance cultivars is the most effective strategy to manage bean anthracnose. Currently, more than 20 anthracnose resistance loci have been identified and are represented by the symbol *Co*. These resistance genes have been mapped on chromosomes: Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv07, Pv08, Pv09 and Pv11. Common bean genome-wide association studies (GWAS) for resistance to different *C. lindemuthianum* races found association in Pv01, Pv02, Pv03, Pv04, Pv05, Pv06, Pv07, Pv08, Pv10 and Pv11. The objective of this study was to evaluate resistance reaction of 89 Brazilian common bean accessions from both gene pools (Andean and Mesoamerican) inoculated with race 2 of *C. lindemuthianum* and perform GWAS analyses. For this, accessions were genotyped through GBS approach, wherein a total of 28,822 SNPs distributed over the 11 common bean chromosomes were obtained. Phenotyping was obtained by inoculating six seedlings of each accession with 1.2×10^6 conidia mL^{-1} of the anthracnose pathogen. Seedlings were maintained in a mist chamber for 72 hours at 20 ± 2°C, with controlled lighting of 12 h of illumination and relative humidity over 95%. Ten days after inoculation, visual evaluations were performed using a scale from 1 to 9. Scores from 1 to 3 indicate a resistant accession, whereas scores from 4 to 9 indicate a susceptible accession. GWAS was performed by mixed linear model (MLM) in Tassel software. From twenty nine Andean accessions, 27 were resistant to race 2 and from sixty Mesoamericans accessions thirty were resistant. SNPs significantly associated to race 2 resistance were mapped in new regions on chromosome Pv04 (58,467bp to 93,389bp) and Pv06 (28,545,207bp), as well as at the end of Pv11 (46,403,555bp to 46,531,625bp) where others resistance genes were previously found. At common bean reference genome v1.0 this SNPs fell within five candidates genes, among them an ethylene-responsive transcription factor. The current study revealed new sources of anthracnose resistance and identified SNPs associated to this disease, which should be used to draw and validate molecular markers. Further, these markers can be used for marker assisted selection and gene pyramiding in common bean breeding programs to develop new resistant cultivars.

Acknowledgements: The authors gratefully acknowledge financial support from CNPq and CAPES. Genotyping of accessions were performed at the Genome Center of the University of California, Davis.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IDENTIFICAÇÃO DE MECANISMOS RELACIONADOS À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO PROLONGADO EM CULTIVARES DE CANA-DE-AÇÚCAR COM RESPOSTAS CONTRASTANTES À SECA

Daniela Konrad[1*]; Rafael Correa da Silva[1]; Daniel Guariz Pinheiro[1]; Juliana da Silva Vantini[1]; Maria Inês Tiraboschi Ferro[1].

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Departamento de Tecnologia, UNESP/FCAV, Jaboticabal, CEP 14883-298, Brasil.

*daniela.konrad94@gmail.com

Palavras-chave: RNA-Seq; estresse abiótico; tolerância à seca.

Estresses ambientais causam perdas na produção de diversas culturas no mundo todo, sendo que o estresse hídrico é um dos principais fatores limitantes da produtividade da cana-de-açúcar, tornando-se importante identificar variedades capazes de tolerar/resistir à seca, ou utilizar a água mais eficientemente em períodos de estresse. Entretanto, o processo de tolerância das plantas à seca trata-se de um traço quantitativo complexo, o que torna a abordagem de melhoramento convencional muito limitada. Assim, isolar e identificar genes diferencialmente expressos durante o déficit hídrico, e identificar as vias relacionadas, são etapas essenciais para desenvolver variedades tolerantes. O estudo do perfil de expressão gênica se tornou uma ferramenta para investigar, a nível transcricional, as respostas de um organismo frente às mudanças ambientais. Neste sentido, o presente estudo pesquisa sobre o comportamento molecular (RNA-Seq/ Illumina) de duas cultivares de cana-de-açúcar contrastantes à seca (SP81-3250/tolerante e RB855453/sensível), submetidas a dois potenciais hídricos do solo: sem estresse hídrico (controle) e déficit hídrico severo, 60 dias após o plantio. A expressão gênica dessas plantas foram avaliadas aos 30, 60 e 90 dias após a aplicação dos tratamentos, com atenção especial aos mecanismos expressos pela cultivar tolerante, sendo este um dos poucos estudos realizados até o momento sobre a resposta de plantas de cana-de-açúcar sob déficit hídrico prolongado. A análise global da expressão gênica revelou a capacidade de reação do genótipo tolerante, enquanto que o sensível se apresentou prejudicado em diversos mecanismos já descritos como relacionados à tolerância ao estresse hídrico. Os transcritos diferencialmente expressos (DEs) na cultivar tolerante sob déficit hídrico severo apresentaram maior abundância de termos associados ao metabolismo de carboidratos e gerenciamento energia, enquanto que o seu par na cultivar sensível apresentou maior abundância de termos em se tratando de lipídeos e metabolismo secundário, como cofatores e vitaminas. Ainda, a cultivar tolerante se apresentou em contraste à sensível na indução do metabolismo de sacarose por diversos caminhos, mostrando uma conservação desse açúcar apesar do estresse. Aos 30 dias, o genótipo tolerante apresentou a expressão de quinases - GbRLK e RPK1 e transportadores dependentes de ATP, enquanto que mais tardiamente (90 dias), as plantas tolerantes reprimiram a expressão de canais de potássio, além de provocar a indução da enzima que catalisa a β-oxidação de ácidos graxos (3-cetoacil-CoA tiolase-2). Os resultados aqui obtidos devem fornecer informações para uma melhor compreensão dos mecanismos e melhoramento direcionado para a tolerância ao estresse hídrico em cana-de-açúcar.

Agradecimentos: Este trabalho contou com apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES). Gostaria de agradecer também à EMBRAPA, pelo acesso às instalações do Laboratório de Bioinformática Multiusuário (LMB).

IDENTIFICATION OF GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH MATURITY GROUPS IN SOYBEAN

Tiago Corazza da Rosa,[1]; Philip Traldi Wysmierski[1]; Anderson Rotter Meda[1]; Alexandre Garcia; João Vitor Maldonado dos Santos[1]; Gustavo César Sant´Ana[1*]

[1]Tropical Melhoramento e Genética (TMG)

Keywords: SNP, GWAS, latitude adaptation, circadian clock.

The classification of soybean cultivars into maturity groups (MG) is extremely relevant to allow the adequate positioning of genotypes in specific growing regions. The identification of molecular markers associated with maturity groups may be useful to accelerate and increase the efficiency of soybean breeding programs through marker-assisted selection. In this regard, the aim of this study was to analyze the relationship between the population genetic structure and the MG, and to identify genomic regions associated with MG. For this, we used phenotypic and genotypic information (50K Illumina Infinium BeadChip SNP panel) of 3,000 accessions with MG ranging from 0 to 8. All the data are available by the United States Department of Agriculture (USDA) on the Germplasm Resources Information Network (GRIN) and Soybase websites. SNPs were filtered based on MAF> 0.05 and Call Rate> 0.8, resulting in 42,478 SNPs. In order to analyze the population structure of the lines, we performed principal components analysis (PCA). To identify SNPs associated with MG, we performed a Genome Wide Association Study (GWAS) using GAPIT R package, and a MLM model. We observed a significant correlation among the first, third, and fourth principal components of PCA (PC1, PC3, and PC4) and the MG (0.2, 0.45, and 0.34, respectively). We identified SNPs associated with maturity groups in four genomic regions (putative QTLs). Three of these genomic regions are located in genes previously reported as being associated to soybean cycle, on chromosomes 6, 10, and 19 (genes E1, E2 and E3, respectively). We also identified a novel genomic region on chromosome 12, which encodes a pseudo-response regulator whose activity is associated to circadian cycle control. The results obtained in this study will be useful to broaden the understanding of the genetic architecture of soybean adaptation to regions with different latitudes. In addition, the markers identified in this study can be useful for assisted selection aiming at the improvement of genotypes for specific regions.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IDENTIFICATION OF SNP MARKERS TIGHTLY LINKED TO RPP5 ALLELE FROM PI 200487

Everton Geraldo Capote Ferreira[1]; Luciano Nobuhiro Aoyagi[2]; Raphaela Bergamini Bissi[3], David Lucas Liaschi Floro Silva[4], Bruna Barbosa Avelino[4]; Luciane Gomes Barros[1], Fernanda Machado Castanho[1], Valeria Stefania Lopes-Caitar[1], Danielle Cristina Gregório da Silva[5], Marcia Kamogae Kuwahara[5], François Belzile[6], Ricardo Vilela Abdelnoor[5], Francismar Corrêa Marcelino-Guimarães[5]

[1]Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular – Universidade Estadual de Londrina. [2]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – Universidade Estadual de Maringá. [3]Centro Universitário Filadélfia. [4]Universidade Norte do Paraná. [5]Emprapa-Soja, [6]Université Laval

*tooon.ferreira@gmail.com

Keywords: *Phakopsora pachyrhizi, Rpp5, Molecular Mapping*

Asian soybean rust (ASR), caused by the fungus *Phakopsora pachyrhizi*, is the most economically important soybean disease in Brazil, leading to yield losses of up to 80% under favorable conditions. The development of resistant cultivars is one of the practices to control this disease. To date, seven dominant resistance genes (*Rpp1-Rpp7*) have been mapped to the soybean genome. The PI 200487 (Kinoshita) was reported to have the *Rpp5* gene in chromosome three, and differently from the other *Rpp5* sources, this material has been showing a broad and stable levels of resistance to a wide range of ASR Brazilian isolates by our previous studies. The aim of this work was to perform the genetic mapping of the ASR resistance from PI 200487 using genotyping-by-sequencing (GBS) approach, in order to narrow down the *Rpp5* region, and identify SNPs markers tightly linked to this locus. In a previous study developed in our laboratory, a F_2 population obtained by crossing PI 200487 and the Embrapa breeding line BR01-22106 was used to map *Rpp5* between SSR markers. By advancing this population through single seed descent, we developed 89 $F_{2:8}$ Recombinant Inbred Lines (RILs). These RILs were evaluated against *P. pachyrhizi* field population collected from 2017/18 season. DNA from these materials was genotyped by GBS and the FAST-GBS pipeline was used for SNP calling. Filtering parameters were applied, such as elimination of loci showed high heterozygosity (>10%), missing data > 80% and minimum minor allele frequency (MAF) of 30%. Genetic mapping was performed using the inclusive complete interval mapping method (ICIM) by QTL IciMapping v.4.1, using Kosambi mapping function, with minimum LOD of 3.0. Finally, the two flanking markers linked to the region were analyzed in our internal Whole Genome Sequence (WGS) database. A genetic map was constructed containing 1,181 markers distributed in 29 linkage groups, with a total length of 2.163.24 cM and an average marker density of 1.83 cM. As expected, the *Rpp5* from Kinoshita was mapped in chromosome three, with LOD score of 16.42 and phenotypic variance effect of 57.54%. The locus identified is located 0.6 cM from SNP7 and 1.2 cM from SNP8, which delimited a physical distance of 2.89 Mb. Analysis in the WGS dataset showed that while SNP7 is present in other *Rpp* sources and several susceptible cultivars, the SNP8 represents an exclusive *Rpp5* allele from PI 200487, as well as another resistant *Rpp* source (PI 197182). Although, the region spanned by the flanking markers is still large, and additional markers are being studied to further narrow down the *Rpp5* region, the discovery of a marker exclusively shared by *Rpp5*-Kinoshita and PI 197182 is an important tool for marker-assisted selection for the introgression of this allele in soybean cultivars.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MAPEAMENTO DE HERDABILIDADES REGIONAIS APLICADA A CULTURA DO ARROZ

Matheus Massariol Suela[1*]; Camila Ferreira Azevedo[1], Marcos Deon Vilela de Resende[1,2], Fabyano Fonseca e Silva[3], Moysés Nascimento[1]

1Laboratório de Inteligência Computacional, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Av. P H Rolfs, s/n, 36570-900, Campus Universitário, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. 2Embrapa Florestas/Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Campus Universitário, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. 3Departamento de Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV), Campus Universitário, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. *massariolsuela97@gmail.com

Palavras-chave: *Regional Heritability Mapping*; *Genome Wide Association Studies*; *Quantitative Trait Loci.*

A cultura do arroz tem grande importância nacional e mundial, por ser um dos cereais mais produzidos e consumidos no mundo, e caracteriza-se como o principal alimento de mais da metade da população mundial, sendo um dos alimentos básicos mais importantes do mundo. Diante de tal importância, desenvolver métodos estatísticos eficientes que visam o estudo da associação genômica (*Genome Wide Association Studies* - GWAS) entre os locos de características quantitativas (*Quantitative Trait Loci* - QTL) e os valores genéticos dos indivíduos, são de extrema importância para os programas de melhoramento. O estudo destas associações é realizado entre os marcadores moleculares e os fenótipos, e isto é possível por meio do desequilíbrio de ligação (*Linkage Disequilibrium* - LD) entre os marcadores e os QTLs que controlam a característica de interesse. A principal metodologia estatística usada na GWAS é a análise via marcas únicas, em que os efeitos dos marcadores no fenótipo são estimados via análises individuais e por meio de testes de hipóteses é possível detectar os efeitos com significância estatística. No entanto, este método sofre com a elevada taxa de falsos positivos, o qual consiste em declarar o efeito de um marcador como significativo, quando na verdade este marcador não está em LD com o QTL. Uma metodologia alternativa, denominada mapeamento de herdabilidades regionais (*Regional heritability mapping* - RHM) visa determinar as regiões do genoma que estão associadas ao fenótipo. A RHM vem mostrando maior poder para a detecção de QTLs e reduzidas taxas de falsos positivos. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência da metodologia RHM em detectar regiões do genoma, que estão localizadas dentro ou próximas a genes associados as características relacionadas a produtividade, morfologia e qualidade do arroz e que já foram anotados, comparando os mesmos com os resultados obtidos com a metodologia tradicional via marcas únicas. A metodologia RHM é responsável por maiores frações da variação genética aditiva, provavelmente como resultado dos muitos alelos de segregação nos locos marcados e o efeito combinado de vários locais intimamente ligados na região mapeada. Em outras palavras, a contribuição de muitos pequenos marcadores de efeito pode alcançar significância em uma região, onde um grande efeito de um único marcador pode ser não significativo. De modo geral, o método RHM foi capaz de detectar 15 regiões genômicas influenciadoras das características largura da folha bandeira, número de panículas por planta, altura da planta e número de sementes por panícula. Enquanto que, a análise via marcas únicas detectou 10 marcadores com efeito significativo para as características largura da folha bandeira, altura da planta, número de sementes por panícula e fertilidade das panículas. Além disso, foi possível relacionar estas regiões e marcadores com funções biológicas acessando banco de dados genômicos.

Agradecimentos: Os autores agradecem as seguintes agências de fomento: a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PERFIL TRANSCRICIONAL DO GENE *OsATG8a* EM RESPOSTA AO EXCESSO DE Fe EM ARROZ

Jessica Peres Pereira[1]; Latóia Eduarda Maltzahn[1]; Vívian Ebeling Viana[1]; Antonio Costa de Oliveira[1]; Camila Pegoraro[1*]

[1]Centro de Genômica e Fitomelhoramento, Departamento de Fitotecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

*pegorarocamilanp@gmail.com

Palavras-chave: *Oryza sativa*; autofagia; ferro.

No Rio Grande do Sul o arroz (*Oryza sativa* L.*)* é cultivado utilizando o sistema irrigado por inundação, o que favorece a redução de óxidos férricos (Fe^{3+}) a óxidos ferrosos (Fe^{2+}), aumentando a disponibilidade de ferro (Fe) no solo a níveis tóxicos para as plantas. O desenvolvimento de cultivares tolerantes ao excesso de Fe é uma estratégia para reduzir as perdas de produtividade da cultura. A caracterização do perfil transcricional possibilita a identificação de genes alvo, que podem ser utilizados na obtenção de cultivares superiores. Genes associados ao metabolismo do Fe na planta já têm sido identificados, porém, a investigação da participação de outras rotas em resposta ao excesso por Fe ainda precisa ser conduzida. A autofagia é a principal rota de degradação e reciclagem de material citoplasmático, incluindo proteínas, lipídios, ácidos nucleicos e organelas inteiras. Este processo está envolvido na manutenção da homeostase celular, adaptação a estresse e resposta imune, além de promover morte celular programada. Considerando a importância da autofagia no desenvolvimento e na resposta ao estresse em plantas, o entendimento desse mecanismo em arroz cultivado sob excesso de Fe pode levar a aplicações agrícolas benéficas. Nesse sentido, o objetivo desse estudo foi determinar o perfil transcricional de um gene envolvido no processo de autofagia, o *OsATG8a* (*Os07g0512200*), em plântulas de arroz cultivadas sob excesso de Fe. Plântulas de arroz das *cvs*. Epagri 108 (tolerante ao excesso de Fe) e BR IRGA 409 (sensível ao excesso de Fe) com sete dias foram crescidas em solução hidropônica de Yoshida (1976) com e sem adição de 300 mg de Fe durante cinco dias. O experimento foi conduzido em tanque hidropônico (16 h de luz, 25ºC e 80% de UR), com três repetições em delineamento experimental inteiramente casualizado. A parte aérea e as raízes foram coletadas e submetidas a extração de RNA total utilizando o reagente TRIzol. A quantidade e a qualidade do RNA foram verificadas e as amostras de RNA (1µg) foram tratadas com DNase I e convertidas em cDNA utilizando SuperScript III. As análises de validação e expressão gênica foram conduzidas no equipamento 7500 fast real-time PCR, utilizando o reagente SYBR™ Green PCR Master Mix. A quantificação foi feita pelo método ΔΔCt (Livak e Schmittgen 2001), utilizando três genes endógenos. Na raiz da *cv.* Epagri 108 verificou-se que o gene *OsATG8a* apresentou maior acúmulo de transcritos quando as plântulas foram crescidas em excesso de Fe, o que não foi observado na cv. BR IRGA 409. Esse comportamento indica que a autofagia pode estar envolvida com a tolerância à toxidez por Fe em arroz. Na parte aérea foi observada uma leve redução do acúmulo de transcritos do gene *OsATG8a* em ambos os genótipos, o que pode ser explicado pela resposta mais tardia deste tecido a uma condição adversa que ocorre inicialmente na raiz. Esse estudo traz os primeiros indícios do envolvimento da autofagia em resposta ao excesso de Fe em arroz.

Agradecimentos: Esse estudo foi financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) através do projeto nº 401902/2016-1. O CNPq, a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS) forneceram as bolsas dos estudantes envolvidos. A Universidade Federal de Pelotas disponibilizou o espaço para a condução do experimento e execução das análises.

POTENTIAL OF SNP AND INDEL FOR GENETIC MAPPING IN PAPAYA

Dieimes Bohry[1]; Helaine Christine Cancela Ramos[1]; Adriana Azevedo Vimercati Pirovani[1]; Marcela Santana Bastos Boechat[1], Fernanda Abreu Santana Aredes[1], Thiago Motta Venâncio[1], Messias Gonzaga Pereira[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, CEP 28013-602, Campos dos Goytacazes – RJ.

*dieimes.bohry@gmail.com

Key-words: DNA variants; Genetic mapping; Bioinformatics

Papaya (*Carica papaya* L.) is a climacteric fruit crop cultivated in tropical and subtropical regions of the world, which is appreciated for its nutritional benefits and medicinal applications. Fruits of papaya ripen fast and express a severe loss of firmness. During the ripening of climacteric fruits, the firmness is reduced in the account of cell wall degradation, with great influence of the hormone ethylene. Understanding the genetic control of firmness loss in papaya is essential for selecting superior genotypes. The availability of molecular markers in a genome wide-scale could help breeding programs of papaya, with the use of genetic mapping and marker-assisted selection (MAS) for traits of interest. Single Nucleotide Polymorphism (SNP) and Insertion-Deletion (InDels) are two very abundant types of DNA variants and can be quickly identified through Next Generation Sequencing (NGS) technologies. This study aimed to predict the effect of SNPs and InDels across the papaya genome and to identify ripening-related genes that have variants linked to it. Bioinformatics approaches were employed to analyze and manipulate the data. DNA variants identified in two Formosa elite lines of papaya (Sekati and JS-12), which are parental of a mapping population of the papaya breeding program of UENF, were used to predict the variant functional effects based on genomic location. A Variant Call Format (VCF) file containing 30,433 variants (28,451 SNPs and 1,982 InDels) was annotated with SnpEff software. To identify ripening-related genes, fifty-three genes with differential expression (DGE) during papaya ripening were used as BLASTp queries to find other papaya genes with similar function (identity > 50% and E-value ≤1e-20) through the Phytozome database. The resulting list of genes was associated with the variant effects from SnpEff. The variants produced a total of 58,498 effects, from which 24,043 were in intergenic, 14,214 in upstream gene, 13,815 in downstream gene, 4,184 in intron, 2,104 in exon, and 138 in splice site region. From the variants in exons, the SNPs and InDels resulted in 1,038 missense variant and 38 frameshift variant, respectively. Approximately 49% of papaya genes (13,591) were affected by at least one variant. About 88.4% of the variants affected one (5,784), two (17,352), or three (3,773) genes, while 2,357 (7.74%) variants were associated with no gene. From 219 selected ripening-related genes (53 DGEs and 166 identified by BLASTp), a total of 133 genes were found to be associated with 546 variants (516 SNPs and 30 InDels). This study reveals that papaya has a considerable number of DNA polymorphisms, justifying the development of genetic mapping studies. The resources provided here may be useful for papaya breeders to investigate genotype/phenotype association, helping to elucidate the genetic mechanisms controlling fruit ripening and firmness.

Acknowledgments: The authors thank to the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES and the Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ.

REFERENCE GRADE GENOME SEQUENCE ASSEMBLY FOR A BRAZILIAN SOYBEAN GERMPLASM

Orzenil B Silva-Junior[1*]; Maria E.L Sá[1,2]; Marco Pessoa-Filho[3]; Carlos L.P. de Melo[4]; Carlos A.A. Arias[4]; Dario Grattapaglia[1]; Elibio L. Rech[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasilia, Brasil. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brasil. [3]Embrapa Cerrados, Brasilia, Brasil. [4]Embrapa Soja, Londrina,Brasil.

*orzenil.silva@embrapa.br

Palavras-chave: genomics, DNA sequencing, soybeans.

In selective breeding, remarkable morphological, physiological and genetic changes occur in plant populations in a relatively short time. The extent of variation in these systems offers a formidable opportunity to detect allele frequency shifts correlated to directional processes favoring specific phenotypes. However, many of these phenotypes are complex, influenced by multiple genes and environmental factors and do not follow readily detectable patterns of inheritance. The complex interplay of sampling, genetic drift and natural selection imposed by the environment at play during selective breeding, result, together, in domestication, which ultimately encompasses modifications in the gene pool. As a matter of course, the fluctuations in population size during the domestication can bring dramatic consequences to the genetic diversity available for long-term breeding progress. Data analytical tools and multiple experimental techniques for the investigation of complex trait inheritance have contributed to the emergence of a new understanding on how genome-wide effects change dramatically over relatively fast time scales during domestication. The generation of a genome sequence assembly is a key driver to develop such powerful studies. On the basis of a single linear reference genome sequence for a species, methodologies for retrieving genome-wide information are applied, such as the construction of dense genotyping panels based on a priori-established polymorphic markers (SNP genotyping panels). While this approach allows genotyping large number of individuals at low costs, it usually suffers from ascertainment bias and ignores rare variants that might be underlying important traits. Whole-genome resequencing of individual plants has become an economically viable alternative to recover most of the genetic variation in a germplasm base. However, the use of a single reference genome sequence to analyze the sequence variation across individual samples can impede the accurate alignments of reads, which, in turn, can affect the downstream analyses such as the identification of large and small DNA variants. Here, we report a reference grade genome sequence assembly for the soybean (*Glycine max*, 2n = 40) germplasm accession EMBRAPA “BR14-3465”, generated by a combination of SMRT, Hi-C and synteny-based approaches. The genome assembly totals 1.091 Gb in size, with a contig N50 of 1.64 Mb and a scaffold N50 of 56.31 Mb, mostly arranged in 20 large sequences and with gaps accounting only to 2.57 Mb. This first Brazilian soybean genome sequence assembly adds to the recent availability of similar genome sequences for modern soybean germplasm accessions worldwide (Lee, USA; ZhongHuang13, China; Enrei, Japan) and wild soybean (W05, China). More specifically, this quality assembly for soybean can provide information on genomic variation not captured in the single reference (Williams82, USA) and support ongoing efforts for linking genotypic to phenotypic data during domestication for (sub)tropical regions of low latitudes.

Agradecimentos: INCT BioSyn, CNPq; Embrapa-Monsanto Fund.

RNA-Seq ANALYSES OF COLD-STRESS IN SUGARCANE WITH A REFERENCE GENOME AND A TRANSCRIPTOME-BASED PIPELINES

Shafee Ur Rehman[1]; Antonio Carlos Mota Porto[2]; Khushi Muhammad[1]; Youxiong Que[3]; Evandro Novaes[2*]

[1]Department of Genetics Hazara University Mansehra, KP, Pakistan. [2]Department of Biology, Universidade Federal de Lavras, MG, Brasil. [3]Fujian Agriculture and Forestry University Fuzhou, Fujian Province PR China.

*evandro.novaes@ufla.br

Key words: *Saccharum* spp. L., RNA-Seq, Bioinformatics Pipeline.

Sugarcane genome is complex and polyploid, with 8-10x ploidy level depending on the species and on the genotype. Due to polyploidy, complex genome and genes alternative splicing, the assembly of transcriptome and its use for gene expression estimate through RNA-Seq is not trivial. Thus, if available, the use of a reference genome may increase accuracy of RNA-Seq analyses. In the present study we analysed 57.41 Gb of RNA sequence data of two chinese sugarcane cultivars (GT08-1108 and ROC22) under cold stress (4ºC) and control (28ºC), with three biological replicates. We analysed the data to compare two RNA-seq bioinformatics pipeline: In the first pipeline we mapped reads onto the recently available sugarcane genome. We compared results with those of a previous study that used a *de novo* assembled transcriptome as a reference for RNA-Seq analyses. In the *Saccharum spontaneum* reference genome, 83826 unigenes were annotated and, among these, 46,159 (55%) were functionally annotated with Gene Ontology (GO) categories. In the transcriptome-based analysis, 183,515 unigenes were assembled and, among these, 110,021 (60%) were functionally annotated with GO categories. For the cultivar GT08-1108, using the reference genome pipeline, 11,652 (13.9%) unigenes were differentially expressed (7,238 upregulated; 4,414 downregulated), while 16,145 (8.8%) were differentially expressed (8,965 upregulated; 7,180 downregulated) using transcriptome-based pipeline. In the cultivar ROC22, 11,516 (13.7%) genes were differentially expressed (7,174 upregulated; 4,342 downregulated) and 20,317 (11.1%) (10,898 upregulated; 9,419 downregulated) for the genome and transcriptome based analysis, respectively. In the genome analyses, among downregulated genes, 3,248 were coincident between the two cultivars, remaining 1,166 differentially expressed only in GT-1180 and 1,094 only in ROC22. With the transcriptome assembly, 13,113 genes were deferentially expressed in both cultivars, remaining 3,032 unique to GT08-1108 and 7,204 in ROC22. We can conclude that the transcriptome assembly overestimated number of unigenes and, consequently, a higher number of differentially expressed genes. This may be due to difficulties in separating homeologues from paralogue genes. However, gene ontology annotation of differentially expressed genes point to the same functional categories in the results of the two contrasting pipelines. Among down regulated genes, there was enrichment for those involved in photosynthesis, water transport, glucose transport, respiration, etc., in both cultivars. Among up-regulated genes, there was enrichment for those involved in rRNA and ribosome biogenesis, protein refolding, regulation of transcription and the obvious response to cold, among other categories, for both cultivars. Even though, similar biological conclusions were reached with both pipelines, when a reference genome is available, we recommend its use since genes predicted on a reference genome tend to be more accurate.

Acknowledgement: Education Commission of Pakistan – HEC and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq

SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES ASSOCIADOS AO GENE SH3 DE RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA EM GENÓTIPOS DE CAFÉ DERIVADOS DA SÉRIE BA

Angelita G. da Silva[1*];Luciana H. Shigueoka[1*]; Fernando C. Carducci[2];Carlos T. M. Pereira[1];Kawana S. Bortolato[1]; Cintia O. Costa[1]; Lorena S. N. de Souza[1]; Gustavo H. Sera[1]

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina.[3]Universidade Norte do Paraná.

*angelgarbossi@gmail.com.

Palavras-chave:*Hemileiavastatrix*;*SCAR*;melhoramento.

A ferrugem alaranjada é a principal doença do café e causadora de grandes perdas na produtividade e rentabilidade do cafeicultor. Cafeeiros arábicos da série BA possuem introgressão da espécie *Coffealiberica* e possuem características favoráveis como alta resistência à ferrugem devido à presença do gene *SH3*. Uma das medidas de controle é o uso de cultivares resistentes, porém existe o risco de que essas percam a resistência devido ao surgimento de novas raças fisiológicas, que até o momento somam mais de 50 raças. O gene *SH3* de resistência à ferrugem possui grande potencial no desenvolvimento de cultivares com resistência durável. Alguns estudos já identificaram marcadores moleculares associados ao *SH3*, porém é necessário validar esses marcadores nos programas de melhoramento. Assim, o objetivo desse estudo foi validar marcadores associados ao *SH3* e utilizar esses na seleção assistida em genótipos de *Coffeaarabica* x cafeeiros da série BA. Foram efetuadas duas validações, sendo a primeira sem avaliação da severidadeda ferrugem (FERR) em campo e utilizando genótipos já conhecidos na literatura como sendo portadores do *SH3*, e a segunda com avaliação da FERR em campo e utilizando genótipos derivados de cafeeiros da série BA. Na primeira validação foram utilizados genótipos portadores do *SH3* denominados H153/2 (*SH1*,*3*,*5*), H151/1(*SH3*,*4*,*5*), H147/1 (*SH2*,*3*,*4*,*5*) e 33/1-S 288-23 (*SH3*,*5*). Também foramutilizadas as cultivares de café arábica IPR 100(suscetível) e IPR 105 (resistente), ambas derivadas do cruzamento Catuaí x (Catuaí x BA-10). Como controle suscetível foi utilizada a cultivarCatuaí Vermelho IAC 99. O DNA dessas plantas foi amplificado usando quatro marcadores *SCAR* (SP-M8-*SH3*, SP-M16-*SH3*, BA-48-21O-f e BA-124-12K-f), que correspondem a marcadores ligados ao gene *SH3*. Nessa primeira validação foi possível validar os marcadores SP-M16-*SH3* e BA-124-12K-f, com 100% de associação e 0% para os demais marcadores.A segunda validação foi realizada com esses dois marcadores validados e em 28 plantas derivadas de cafeeiros da série BA, as quais estão em diferentes gerações de autofecundação. A avaliação da FERR em campo e em condições de infecção natural com as raças presentes no local, utilizando uma escala de notas de 1 a 5, sendo 1 as plantas mais resistentes e 5 as mais suscetíveis. O DNA genômicodas 28 plantas, foi extraído a partir de folhas pelo método CTAB e, posteriormente o DNA foi amplificado.A análise de associação mostrou correlação positiva e significativa da avaliação fenotípica e os marcadores, e entre os marcadores. Estes marcadores apresentam potencial para serem usados em programas de melhoramento visando identificar genótipos contendo genes de resistência à ferrugem.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café e CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO GENÔMICA PARA RESISTÊNCIA À MANCHA MARROM DA ALTERNARIA EM *Citrus*

Itamara Bomfim Gois[1*]; Aluízio Borém1; Mariângela Cristofani-Yaly[3]; Marcos Deon Vilela de Resende[2]; Marcos Antônio Machado[2]

[1]Universidade Federal de Viçosa. [2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. [3]Centro de Citricultura Sylvio Moreira – Instituto Agronômico de Campinas.

*itamara.bgois@gmail.com

Palavras-chave: Acurácia; SNP; Seleção precoce.

A mancha marrom de alternaria (MMA) é uma doença fúngica, causada pela *Alternaria alternata*, cuja susceptibilidade tem sido observada em tangerinas, pomelos, tangores e seus híbridos. A alta incidência desta doença em pomares de frutas cítricas causa a redução significativa da produção e, a utilização de genótipos resistentes é a melhor estratégia para o controle da mesma. Este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar 235 híbridos provenientes do cruzamento entre laranja Pêra e o híbrido H163 (tangor Murcott (*C. reticulata* x *C. sinensis*) x laranja Pêra (*C. sinensis*) com relação à resistência à MMA e a aplicabilidade da seleção genômica (GWS) no melhoramento genético para essa característica. Para a avaliação da resistência à MMA, foram coletadas três folhas jovens de cada híbrido e dos genitores. Como controle, foram utilizadas folhas de tangerina Dancy e de tangor Murcott, que são variedades suscetíveis, e folhas de tangerina Fremont, que é uma variedade considerada resistente. Foi empregado o delineamento inteiramente ao acaso, sendo considerados resistentes os genótipos que não apresentaram sintomas da doença. Para a análise de seleção genômica foram utilizados marcadores SNP e a predição dos valores genômicos foi computada por meio do método GBLUP (*Genomic Best Linear Unbiased Prediction*) via procedimento RKHS (*Reproducing Kernel Hilbert Spaces*) com algoritmo Bayesiano. Observou-se que 75,3% dos híbridos foram classificados como resistentes à MMA. As estimativas da herdabilidade no sentido amplo e da acurácia foram consideradas de alta magnitude (>0,9). Na análise da GWS, a fração da herdabilidade capturada pelos marcadores (ω) foi igual a 0,49 e a capacidade preditiva igual a 0,41. A estimativa da acurácia com base nos fenótipos foi superior àquela obtida por meio da GWS (0,42). A resistência à MMA é uma característica governada por mais de um gene e a utilização de marcadores em alto desequilíbrio de ligação (DL) com os genes responsáveis pela resistência à MMA aumentará a acurácia da GWS.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELECTION OF MOLECULAR MARKERS TO IMPROVE SOYBEAN LINES AT PMQS/DBB/BIOAGRO/UFV BREEDING PROGRAM

Rafael Bueno1; Thiago Ferreira[1]; Arthur Bernardeli[1]; Jéssica Silva1; Yan Xavier1; Rodrigo Lorenzoni[1]; Luiz Silva[2]; Newton Piovesan[1]; Maximiller Dal-Bianco[1,3]

1Laboratório de Bioquímica Genética de Plantas, BIOAGRO/UFV. 2Universidade Estadual de Feira de Santana. 3Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, DBB/UFV

Keywords: Soybean; Molecular Markers; Assisted selection

Soybean is the most important legume cultivated in the world, and the main commodity in the Brazilian agribusiness. Nowadays, there is a growing demand for more productive varieties, as well as special types of soybeans with specific components in the grain. The soybean producer sees the value of a variety by the final production and productivity, while for the crushing and processing industry this value is determined mainly by the oil composition and protein content. It is well known that oil and protein maintain a negative genetic correlation, and this fact made it difficult to obtain satisfactory cultivars. In addition, nematode infestation has been one of the main problems affecting soybean yield in Brazil. In order to develop molecular tools to support the development of new cultivars in our breeding program (PMQS/DBB/BIOAGRO/UFV), we selected 269 *SNPs* possibly related to oil content, protein content or nematode resistance in soybean. These *SNPs* were used to genotype elite cultivars used in MT and allele donor lines used in our breeding program. In addition, the lines used in this work was phenotyped for protein content, oil and resistance to nematodes *Heterodera glycines* (race 3), *Meloidogyne javanica*, *Meloidogyne incógnita*, *Pratylenchus brachyurus* e *Helicotylenchus dihystera*. After association analysis, we selected 50 *SNPs* for potential use in assisted selection. Six of them were validated for protein content in a RIL populations. The main one explained 25-30% of the phenotypic variation and a real increase of approximately 7% of the final protein content in soybean. Meanwhile, we validated 1 *SNP* associated with oil content which explained 14% of the phenotype variation and a real increase of 10% of oil content. Regarding nematode results, we were able to identify the resistance or susceptibility present in each line used for *Heterodera glycines* as well as the source of this resistance. We observed resistance in lines that do not contain any known locus commonly used in breeding programs, suggesting the presence of new sources of resistance. In addition, we observed chromosomal regions with common marks between different nematodes, probably due a more general and common response among the different nematode types, while it was possible to identify new *QTLs* that may be directly related to resistance. Beside no resistance was found to *Pratylenchus brachyurus*, we identify a locus explained 25% the phenotypic variation that could be applied in our breeding program. It was noteworthy the identification of locus with positive or negative correlation between selection for nematodes when compared to selection for protein and oil content. This information found in the present work will help breeders decide what are the best *QTLs* to monitoring in an assisted selection program.

Finantial Support: Caramuru Alimentos; FAPEMIP; CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SNP DISCOVERY AND POPULATION STRUCTURE IN WILD AND CULTIVATED GENOTYPES OF *Coffea arabica*

Mariane Silva Felicio[1]; Bruna Silvestre Rodrigues da Silva[2]; Amanda Avelar de Oliveira[3]; Fernando Henrique Correr[3], Guilherme Kenichi Hosaka[3], Gustavo César Sant'Ana[4], Gabriel Rodrigues Alves Margarido[3], Luiz Filipe Protasio Pereira[5,6], Douglas Silva Domingues[1,7*]

[1]São Paulo State University (UNESP), Institute of Biosciences, Botucatu, SP, Brazil. [2]Universidade Estadual de Londrina, Londrina, PR, Brazil. [3] Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), Piracicaba, SP, Brazil. [4] TMG - Tropical Melhoramento & Genética, Londrina, PR, Brazil. [5]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Café), Brasília, DF, Brazil. [6]Instituto Agronômico do Paraná, Londrina, PR, Brazil. [7]UNESP, Institute of Biosciences, Rio Claro, SP, Brazil.

*doug@rc.unesp.br

Keywords: genotyping-by-sequencing, genetic diversity, germplasm.

Coffea arabica is the main commercial species in the *Coffea* genus. It is the only tetraploid (2n = 4x = 44) and predominantly autogamous species in the genus. Despite its economic importance, there is a narrow genetic diversity among the Brazilian commercial cultivars of *C. arabica*. The molecular characterization of wild germplasm accessions in this species can provide a substantial contribution to deal with new challenging situations that can affect Arabica coffee breeding. In the present study, we used genotyping-by-sequencing (GBS) for genome-wide identification of single nucleotide polymorphisms (SNPs) to assess the level of population structure in 129 wild *C. arabica* accessions, 13 *C. arabica* cultivars and two diploid species (*C. canephora* and *C. eugenioides*). A raw panel of 154,389 SNPs was identified using a publicly available *C. arabica* genome assembly as a reference. After exclusion and filtering, a set of 10,543 high-quality SNPs were used for the population structure analysis. We used a sparse non-negative matrix factorization algorithm to infer the individual ancestry coefficients and principal component analysis (PCA) to analyze genotype relatedness. We identified three genetic groups in the population structure analysis. All the cultivars were clustered in the same group (Q2), except Mundo Novo, confirming the high genetic similarity among cultivars. This group also comprised seven wild accessions. Most wild accessions were divided into two groups, one composed of 43 accessions (Q1), and the other with 35 accessions and the diploid species *C. canephora* (Q3). Genotypes that did not have an ancestry coefficient higher than 0.6 for one of the three groups were allocated to a mixed group, which was composed of 47 genotypes including the cultivar Mundo Novo and the diploid species *C. eugenioides*. Comparing the *C. arabica* diploid ancestors, we observed that *C. eugenioides* is genetically closer to commercial cultivars of *C. arabica* than *C. canephora.* Our analysis suggests that wild genotypes from groups Q1 and Q3 can be a source of new alleles to be introduced in *C. arabica* breeding programs. To the best of our knowledge, this is one of the first studies that use the complete genome of *C. arabica* as a reference for SNP calling, which contributed to improved identification of genetic groups.

Acknowledgements: The Brazilian Coffee Research Consortium, the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq), and the Coordination of Superior Level Staff Improvement (CAPES) for supporting this study. This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

VALIDAÇÃO DE MARCADORES MOLECULARES ASSOCIADOS A RESISTÊNCIA A DOENÇAS EMERGENTES DE ARROZ

Sandy da S. Soares[1]; Jaciane N. Silva[1]; Luana A. Rodrigues[2]; Sylvana de P. P. Costa[3]; Aluana G. de Abreu[4]*

[1]Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera. [2]Embrapa Arroz e Feijão.

*sandysoares256@hotmail.com

Palavras-chave: Validação de QTLs; Marcadores microssatélites; Primer

No Brasil, devido ao clima favorável, as principais doenças que ocorrem nas lavouras orizícolas são de origem fúngica. A Brusone tem se destacado como a principal doença da cultura, porém, doenças consideradas secundárias como a mancha-parda (*Bipolaris oryzae*) e a queima da bainha (*Rhizoctonia solani*) já causam danos de nível econômico em várias regiões do país. O uso de cultivares resistentes tem sido a alternativa mais efetiva, viável e sustentável para o controle dessas doenças. Os marcadores moleculares são ferramentas importantes para a seleção assistida por marcadores pois auxiliam na introdução de alelos de resistência em linhagens elite do programa de melhoramento. Assim, objetivo do trabalho foi validar marcadores moleculares que estão associados a QTLs de resistência à mancha parda e queima das bainhas em genótipos de arroz para serem usados na seleção assistida por marcadores. O presente estudo foi conduzido no Laboratório de Seleção Assistida da Embrapa Arroz e Feijão. Inicialmente foram identificados na literatura 16 marcadores microssatélites próximos a QTLs de resistência à mancha parda e queima da bainha. Numa primeira etapa, foi feito o processo de otimização dos primers: cada um deles foi testado em sete genótipos, usando diferentes temperaturas de anelamento e quantidade de reação para cada amostra. Após os ajustes feitos todos os primers amplificaram satisfatoriamente. Para a validação, foram usadas as temperaturas e a proporção de reagentes definidas no processo de otimização. Foram testados 27 genótipos identificados como contrastantes (resistentes e suscetíveis) para as doenças a serem analisadas. Todos os genótipos integram o acervo do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz (BAG Arroz) e estão representados por variedades tradicionais, cultivares brasileiras e introduzidas. Após a extração de DNA, a amplificação das amostras foi feita através de PCR, a separação dos fragmentos amplificados foi feita em gel de agarose (2%), que foi corado com brometo de etídio e fotodocumentado por um transluminador. Mais da metade dos primers amplificaram para mais de 90% das amostras sendo que, o que apresentou menor taxa de amplificação, o primer RM 566, teve mais de 70% de amostras amplificadas. Em relação à temperatura de anelamento, seis primers amplificaram de acordo com a literatura, a 55ºC, enquanto para os outros houve ajustes que variaram até 4 graus a menos do recomendado. Dos 16 primers analisados, seis são monomórficos e dez polimórficos. A maioria dos locos polimórficos (70%) possui três alelos diferentes. A próxima etapa será verificar se existe associação entre alelos e resistência às doenças.

Agradecimentos: Embrapa e CNPq

Validação de SNPs para Seleção Assistida por Marcadores DO LOCUS rpp6 DE Resistência à Ferrugem Asiática da Soja

David Lucas Liaschi Floro Silva[1]; Raphaela Bergamini Bissi[2]; Everton Geraldo Capote Ferreira[3]; Rafaella Cardoso[3]; Valéria Stefania Lopes-Caitar[3]; Luciane Gomes Barros3; Adriana Brombini dos Santos4; Marcia Kamogae Kuwahara4; Danielle Cristina Gregorio da Silva[4]; Ricardo Vilela Abdelnoor[4]; Francismar Correa Marcelino-Guimarães[4].

1Universidade Norte do Paraná. 2Centro Universitário Filadélfia; 3Universidade Estadual de Londrina. 4Embrapa Soja.

david.liaschi@hotmail.com

Palavras-chave: *Phakopsora pachyrhizi*; Seleção Assistida por Marcadores; *Rpp6*.

A ferrugem asiática da soja (FAS), causada por *Phakopsora pachyrhizi*, é a doença da soja que mais afeta economicamente o Brasil. Até o momento, sete *loci* de resistência a ferrugem (*Rpp1* a *7*) foram identificados nos cromossomos da soja. A combinação de diferentes *loci* de resistência em um mesmo material constitui uma importante estratégia dos Programas de Melhoramento Genético (PMG), visando ao desenvolvimento de cultivares com resistência durável e capazes de reconhecer diferentes isolados do patógeno. Foi demonstrado na literatura que diferentes características quantitativas relacionadas à infecção por FAS tiveram seus índices reduzidos quando dois ou três genes de resistência foram piramidados em um único material. O objetivo deste trabalho foi validar marcadores previamente descritos na literatura como ligados ao gene *Rpp6* em um painel de materiais, para possibilitar seu uso na seleção assistida por marcadores (SAM). Analisou-se um painel composto de 182 materiais, compreendendo: 86 materiais com resistência a outras doenças e variedades brasileiras historicamente importantes, representando a base genética da soja brasileira (suscetíveis a ferrugem); e 96 PIs fontes de genes *Rpp*, sendo seis destas portadoras do *Rpp6*. SNPs atribuídos na literatura à região genômica do *locus Rpp6* foram analisados em materiais resistentes e suscetíveis à FAS através da técnica de amplicon sequencing (PlexSeq, Agriplex). Em média 200 *reads* foram obtidas para cada material, permitindo um chamada de SNP eficiente. Ao analisar os resultados obtidos, descobriu-se que todas PI's portadoras do *Rpp6* apresentaram a primeira base do haplótipo diferente do descrito na literatura. O mesmo ocorreu para uma PI portadora do locus *Rpp4*. Adicionalmente, a última base do haplótipo comportou-se como marcador dominante. O haplótipo identificado para *Rpp6* foi também compartilhado por sete materiais para os quais há evidências na literatura de serem portadores de *Rpp3*, mas por nenhum material suscetível. O novo haplótipo foi confirmado em uma base de dados interna de resequenciamento completo de 110 genomas, no qual a fonte original do *Rpp6* está presente. Tais resultados demonstram que o haplótipo identificado pode ser aplicado para auxiliar com sucesso a introgressão do *locus Rpp6* em PMG em cruzamentos em que as fontes do *Rpp3* encontradas não estejam envolvidas, fornecendo uma estratégia de piramidar *loci Rpp* em cultivares elite de soja de uma maneira mais rápida e eficaz.

Agradecimentos: CNPq; Embrapa Soja.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

VALIDATION OF REFERENCE GENES UNDER PHOTOPERIOD ARTIFICIAL FLOWERING INDUCTION IN SUGARCANE BY RT-qPCR

Paulo Henrique da Silva Santos[1,2], Luiz Eduardo Bertollo[1,2]; Michael dos Santos Brito[3]; João Ricardo Vieira Manechini[4]; Renato Vicentini dos Santos[4]; Elisson Romanel[5]; Maximiliano Sales Scarpari[2]; Stephen Jackson[6]; Luciana Rossini Pinto[1,2]

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Campus Jaboticabal. [2]Instituto Agronômico de Campinas, Centro de Cana, Ribeirão Preto. [3]Instituto de Ciência e Tecnologia da Universidade Federal de São Paulo, São José dos Campos. [4]Universidade Estadual de Campinas, UNICAMP, Campinas. [5]Universidade de São Paulo, EEL/USP-Lorena. [6]University of Warwick, UK.

*pahenrique02@gmail.com

Keywords: Flowering; Sugarcane; RT-qPCR.

Sugarcane is a high-impact crop in Brazil's agribusiness, mainly for sugar, ethanol, and bioelectricity production. Flowering is an important physiological process for hybridization in genetic breeding programs and undesirable for cane growers for providing, in some cultivars, loss of sucrose accumulation, directly affecting sugarcane yield. The knowledge of gene expression involved in the flowering induction process is of extreme importance for new sugarcane cultivars development. However, quantitative real-time PCR (RT-qPCR) gene expression analysis requires the correct choice of reference genes to normalize the expression of target genes and their correct interpretation. The aim of this work was to select stable reference genes for validation of differentially expressed (DE) genes identified via RNA-Seq assay under artificial photoperiod flowering induction. The IACSP96-7569 cultivar was submitted to two artificial photoperiod treatments (short day and long day condition) in an Automated Photoperiod facility at "Centro de Cana" - IAC, located at Ribeirão Preto - SP, Brazil. Three plants (biological replicates) were sampled 42 days after the beginning of the photoperiod treatments, in each short and long day treatment. The mature leaf +1 was used for the total RNA extraction and cDNA synthesis. Nine reference genes (UBQ1, UBQ2, RPL, GAPDHi, 25SrRNA1, ACTIN, TUB, EF1 and TIPS-41) were tested via RT-qPCR and the data analyzed by the NormFinder algorithm. The PrimerQuestTool was used to design primers for three DE transcripts: CONSTANS (CO), Pseudo Response Regulator (PRR1) and AGAMOUS-like 12 (AGL12). The best reference genes were UBQ1 and EF1-α, with CT mean values of 28.97 and 26.28 respectively and stability value of 0.52 for both. The average CT of these two genes were used to normalize the expression of the target genes based on the $2^{\wedge\text{-}\Delta\Delta CT}$. The PRR1 had a high expression ($p<0,05^{**}$) in long-day treatment and was down regulated. AGL12 had a high expression ($p<0,05^{**}$) in short-day treatment and was up regulated while CO did not show difference between the treatments.

Acknowledgements: (FAPESP 2016/02679-9) and CAPES

RESUMOS DOS TRABALHOS DE BIOMETRIA APLICADA AO MELHORAMENTO DE PLANTAS

A PHENOTYPING TOOL FOR WATER STATUS DETERMINATION IN SOYBEAN BY VEGETATION INDEXES AND NIR-SWIR SPECTRAL BANDS

Patricia Braga[1]*, Luís Guilherme Teixeira Crusiol[2], André Luis Hartmann Caranhato[2], Martina Bianca Fuhrmann[3], Alessandra Koltun[2], Marcos Rafael Nanni[2], Alexandre Lima Nepomuceno[4], Norman Neumaier[4], José Renato Bouças Farias[4], Leandro Simões Azeredo Gonçalves[3], Liliane Marcia Mertz-Henning[4]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - Universidade de São Paulo. [2]Universidade Estadual de Maringá. [3]Universidade Estadual de Londrina. [4]Embrapa Soja.

*liliane.henning@embrapa.br

Key words: drought, high-throughput phenotyping, remote sensing

Water deficit is a major constraint to soybean yield. The current approaches for selecting drought-resistant genotypes are labor intensive and time consuming. Therefore, the development of fast and feasible phenotyping techniques accelerates the genetic improvement of soybean regarding this abiotic stress. The aim of this study was to correlate physiological variables such as relative water content (RWC) and gas exchange measurements, with vegetation indexes (VIs) and spectral bands in order to optimize tools for plant phenotyping. Trials were carried out in a growth chamber and in the field in randomized blocks, where treatments were arranged in a factorial scheme (water conditions and genotypes), with nine replicates. The water conditions were: control (irrigated) and water deficit, which was imposed during the vegetative stage V3 and R6, in the growth chamber and field experiment, respectively. The variables measured were RWC, leaf temperature, photosynthesis, transpiration, stomatal conductance and internal CO_2 content. The vegetation indexes $NDWI_{(1000-1600)}$, $NDWI_{(1000-2300)}$, NMDI, MSI and the spectral bands $SWIR_{1600}$, $SWIR_{2300}$, ρ1440, ρ1920, ρ1440+ρ1920, ρ1920-ρ1440 and SWIR-ρ1440 were obtained using the hyperspectral sensor Fieldspec 3 Jr. According to the results, the physiological measurements, the VIs and the spectral bands were able to differentiate the water conditions to which the genotypes were subjected, and in some cases the indexes and bands were more sensitive to detect the effect of genotype, compared to the physiological measures. The VIs presented a high correlation with the physiological variables, reaching 0.91 for the evaluation at the vegetative stage and 0.97 at the reproductive stage, for some variables. Thus, all indexes and bands were efficient to determine the water status of soybean plants, presenting a high correlation with the physiological parameters. These results demonstrate the feasibility of this method for plant phenotyping under water deficit, since it is a fast, simple and a non-destructive evaluation and data may be collected regardless of the environmental condition.

acknowledgment: CAPES, LEBA – UEL, Embrapa Soja and Universidade Estadual de Maringá.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10° CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ABD: DESIGNING REPLICATES OF TRAINING AND TESTING SETS IN ORDER TO INCREASE THE QUALITY OF THE ESTIMATOR IN VALIDATION SCHEMES

Rafael Massahiro Yassue[1*]; José Felipe Gonzaga Sabadin[1]; Filipe Couto Alves[2]; Giovanni Galli[1]; Roberto Fritsche-Neto[1]

[1]Universidade de São Paulo (USP/ESALQ). [2]Department of Epidemiology and Biostatistics, Michigan Stare University

*rafael.yassue@usp.br

Keywords: repeated random subsampling; K-fold; genomic prediction

In the context of genomic prediction (GP), the most common procedure to evaluate the predictive ability (PA) of a model is to split the data into training and testing sets. Usually, this validation scheme can be done by a folding system with replicates (k-fold) or randomly resampling the data several times (repeated random subsampling). Neither techniques guarantee PA independence between replicates due to resampling issues causing bias on the estimates. Therefore, further analysis of PA such as ANOVA or t-test, should not be carried out due to assumption unfulfillment. Thus, we propose a new way to sample observations to training and testing sets based on an alpha-design scheme, called alpha-based design (ABD). Our alpha-design validation method was planned to create scenarios with two, three or four replicates, regardless of the number of genotypes. In order to present its efficiency and advantages, we compared the proposed methodology to two benchmark validation schemes: repeated random subsampling (RRS) with 100 replicates, k-fold (K) and ABD, both with five folds and four replicates. A dataset of 906 maize hybrids was utilized. Grain yield was predicted using two types of relationship kernels (additive [Ga] and Gaussian [GK]) and GBLUP under two statistical approaches (Frequentist and Bayesian). Based on the PA of each scenario, a two-way ANOVA was performed to test for validation schemes. The mean PA was 0.43 for all schemes, but the standard deviation (SD) was 0.05, 0.02, and 0.01 for RRS, K, and ABD, respectively. The mean squared error, in the given order, was 0.00274, 0.00005, and 0.00002 for RRS, K, and ABD. Although the average PA was the same through the validation schemes, our results reveal an increase in the quality of the estimator using ABD validation. These results may be explained in part due to the reduction of first associates in the folds across replicates from ABD. In the K validation scheme, the mean of first associated was 1.35 with 0.57 SD and for ABD, the mean was 1.16 with 0.40 SD. Based on this, ABD is an exciting alternative to model validation, especially in the context of GP.

Acknowledgment: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA TIPO ALIMENTO VIA AMMI BAYESIANO

Antoni Wallace Marcos[1]*; Gustavo Henrique Freiria[1]; Douglas Mariani Zeffa[2]; Wilmar Ferreira Lima[1]; Cássio Egidio Cavenaghi Prete[1]; Inês Cristina de Batista Fonseca[1]; Leandro Simões Azeredo Gonçalves[1].

[1]Universidade Estadual de Londrina; [2]Universidade Estadual de Maringá.

*antoniwm03@gmail.com

Palavras-chave: *Glycine max* L.; alimento funcional; inferência Bayesiana.

Os grãos de soja são nutritivos e com propriedades funcionais. Todavia, o seu emprego na alimentação humana carece de cultivares especificas, com características sensoriais superiores e alta produtividade de grãos. Um complicador na seleção é a presença da interação genótipo × ambiente (GA), que pode ser minimizada pelo emprego da análise de adaptabilidade e estabilidade. A abordagem Bayesiana é uma ferramenta para o aumento da eficiência dessas metodologias, quando comparadas à abordagem tradicional ou frequentista. Diante do exposto, o objetivo do estudo foi avaliar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da análise AMMI por meio de abordagem Bayesiana para a produtividade de grãos de genótipos de soja tipo alimento. Foi avaliado a produtividade de grãos de cinco linhagens do Programa de Melhoramento da Universidade Estadual de Londrina, isentas das enzimas lipoxigenases e destinadas para alimentação humana, e dois padrões comerciais (BRS 257 e BMX Potência RR) em quatro municípios do estado do Paraná, nas safras 2014/15, 2015/16 e 2016/17, totalizando 16 ambientes. As distribuições *a priori* foram de caráter não informativo na composição do modelo AMMI Bayesiano, com médias = 0 e variâncias = 1×10^{15}. A distribuição marginal *a posteriori* para cada parâmetro foi obtido através do amostrador de Gibbs, com 100.000 iterações. A convergência das cadeias foi obtida com a seleção de 4.985 observações. Das linhagens avaliadas, somente a UEL 110 e UEL 122 apresentaram efeitos genotípicos *a posteriori* positivos, superando a 95% de credibilidade o padrão comercial BRS 257. As linhagens UEL 115 e UEL 123 foram os únicos genótipos que não contribuíram significativamente para a interação GA. As linhagens UEL 110 e UEL 122 mostraram-se adaptáveis ao maior número de ambientes com a interação GA significativa, portanto, promissoras para a formação de novas cultivares de soja tipo alimento. A AMMI Bayesiana forneceu informações de suma relevância para o estudo da adaptabilidade e estabilidade de genótipos, que auxiliaram na seleção e/ou recomendação de genótipos promissores. Os intervalos de credibilidade (HPD) associados aos efeitos genotípicos e ambientais, bem como aos seus escores no *biplot*, permitiram maior precisão na interpretação dos resultados.

ADAPTABILITY AND STABILITY OF CORN GENOTYPES IN FIVE ENVIRONMENTALS IN THE MATO GROSSO STATE

Jacqueline Enequio de Souza[1]; Juliano Villanie Almeida[2]; Ivan de Paiva Barbosa[1], Antônio Carlos da Silva Júnior[1], César Pedro[1], Cosme Damião Cruz[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa. [2]Faculdade Centro Mato-Grossense.

jacque_enequio@hotmail.com

Key words: cultivars; *Zea mays*; genotypes

One of the difficulties faced by breeding programs is related to the large number of genotypes obtained and the need for recommendations and positioning of materials in different environments. The purpose of this study was to verify the effect of different sowing sites on yield of maize. The experiments were carried out in 2018 in five locations in the 405 microregion of the State of Mato Grosso in Brazil: Cities such as Sinop, Sorriso (1), Sorriso (2), Nova Ubiratã and Lucas do Rio Verde. The predominant soil is the dystrophic red - yellow Latosol. The experiment was set up in a randomized complete block design with four replicates, in a 9x5 factorial arrangement 9 corn genotypes and 5 planting sites. The experimental units consisted of four five-meter lines spaced 50 centimeters. After reaching the day 130 of sowing, the corn was harvested. The data were submitted to single and conjunct analysis of variance, stability analysis following the Annicchiarico methodology (1992), Tukey test at 5% of probability. In all environments evaluated, the best genotypes were: VFHV 30F53, AS1633 PRO3, DKB 290 PRO3 and NS 92 PRO with better productive performance are: The genotypes that presented the highest stability were: 30F53 VYHR, AS 1633 PRO2, DKB 290 PRO3, NS 50 PRO2, NS 92 PRO.

Acknowledgements: CNPq, BIOINFORMÁTICA-UFV.

ADDITIVE-DOMINANT GENETIC MODELS FOR PROGENITORS AND CLONE SELECTION TO INCREASE ROOT YIELD IN CASSAVA

Luciano Rogério Braatz de Andrade[1], Massaine Bandeira e Sousa[2], Eder Jorge de Oliveira[3*], Marcos Deon Vilela de Resende[4,5,6], Camila Ferreira Azevedo[6]

[1]Department of Plant Science, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. [2]Center of Agrarian, Environmental and Biological Sciences, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia, Brazil. [3]Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia, Brazil. [4]Department of Forestry Engineering, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil. [5]Embrapa Florestas, Colombo, Paraná, Brazil. [6]Department of Statistics, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil.

*eder.oliveira@embrapa.br

Key-words: genomic selection; non-additive effects; breeding values.

Abstract: Genomic selection has become promising in situations where assessments are expensive, laborious, and/or inefficient. This work evaluated the efficiency of genomic prediction methods coupled with genetic and additive-dominant models in the selection of clones and progenitors aiming at increasing the fresh root yield (FRY), dry root yield (DRY), as well as dry matter content in the roots (DMC). The bias and predictive ability of the G-BLUP, BayesB and RKHS prediction methods were estimated with additive-genetic and additive-dominant genetic models. The FRY and DRY exhibited predominant dominance inheritance, while the additive inheritance was predominant for DMC. The prediction methods did not show significant differences in the predictive ability for DMC. On the other hand, the prediction methods with additive-dominant genetic models had significantly higher predictive ability than the genetic additives models for FRY and DRY, making possible greater genetic gains in the clone's selection. However, this higher predictive ability for genotypic values did not resulted in difference for predicting the breeding values between additive and additive-dominant genetic models. The G-BLUP with classical additive-dominant genetic model had the best predictive ability and bias estimates for FRY and DRY. For DMC, the highest predictive ability were obtained by G-BLUP with additive genetic model. DMC exhibited the highest heritability, predictive ability and bias estimates, when compared with other traits. The prediction methods showed similar selection gains with approximately 67% of the phenotypic selection gain. By reducing 40% the breeding cycle, genomic selection may overcome phenotypic selection in 10%, 13% and 18% for FRY, DRY, and DMC, respectively, with a 15% of selection proportion. Therefore, the most suitable genetic model for each trait allows optimizing the genomic selection in cassava, with high selection gains, accelerating the varieties releasing.

Acknowledgments: The authors thank CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais), FAPESB (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia), and CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) for financial support. This work was also partially supported by the NEXTGEN Cassava project, through a grant to Cornell University by the Bill & Melinda Gates Foundation and the UK Department for International Development.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AMMI BAYESIANO NO ESTUDO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO CARIOCA EM AMBIENTES CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO

Douglas Mariani Zeffa[1,2*]; Isabella Mendonça Arruda[1,2]; Gustavo Henrique Freiria[3]; Sebastião Soares de Oliveira Neto[4]; Carlos Alberto Scapim[1]; Leandro Simões Azeredo Gonçalves[2] e Vânia Moda-Cirino[3]

[1]Universidade Estadual de Maringá. [2]Instituto Agronômico do Paraná. [3]Universidade Estadual de Londrina. [4]Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho".

*douglas.mz@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; adubação nitrogenada; inferência Bayesiana.

A avaliação de cultivares em condições contrastantes de disponibilidade de nitrogênio (N) é de grande importância para recomendação dessas cultivares para produtores com diferentes níveis tecnológicos. Nesse sentido, o objetivo do presente estudo foi avaliar os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade por meio do método *Bayesian Additive Main Effects and Multiplicative Interaction* (BAMMI) para o rendimento de grãos de cultivares de feijão do grupo comercial carioca. Um total de 40 cultivares de feijão foram avaliadas em quatro ambientes no estado do Paraná: i) Londrina - Safra das "águas" de 2017; ii) Ponta Grossa - Safra das "águas" de 2017; iii) Ponta Grossa - Safra das "secas" de 2018; e iv) Santa Tereza do Oeste – Safra das "secas" de 2018. Em cada ambiente foram utilizadas duas doses de adubação nitrogenada de cobertura: i) com adubação (80 kg N ha^{-1}); e ii) sem adubação (0 kg N ha^{-1}), totalizando oito ambientes de avaliação. Todos os ambientes receberam adubação de base de 320 kg ha^{-1} do adubo formulado 04–30–10 (N–P_20_5–K_20). Foi utilizado o delineamento experimental de blocos completos ao acaso, com quatro repetições. As distribuições *a priori* foram de caráter não informativo na composição do modelo BAMMI, com médias = 0 e variâncias = 1×10^{15}. A distribuição marginal *a posteriori* foi obtida por meio do amostrador de Gibbs utilizando 100.000 iterações. As cultivares TAA Bola Cheia, FTS 65, IAC Milênio, BRSMG Madrepérola, BRS Ametista, BRS Pontal, BRS Pioneiro, IPR Tangará, IPR Campos Gerais, IPR Quero-quero, IPR Saracura, IPR Juriti, IPR Bem-te-vi e IPR Sabiá foram classificadas como estáveis em condições contrastantes de N, com efeitos genotípicos positivos, ou seja, superior a média geral de rendimento de grãos de 2146,85 kg ha^{-1}. O método BAMMI forneceu informações de suma relevância no estudo da adaptabilidade e estabilidade para seleção e/ou recomendação de genótipos promissores de feijão em ambientes contrastantes de disponibilidade de N. Os intervalos de credibilidade (*highest posterior density* – HPD) associados aos efeitos genotípicos e ambientais, bem como aos seus escores no *biplot*, permitiram maior precisão na interpretação dos resultados obtidos.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM POPULAÇÃO SEGREGANTE DE MANDIOCA DE MESA

Odila Friss Ebertz[1]; Edwin Camacho Palomino[2]; Sebastião Soares de Oliveira Neto[1]; Gabriela Nunes da Piedade[1]; Maurício Dutra Zanotto[1]

[1]Departamento de Produção e Melhoramento Vegetal – Faculdade de Ciências Agronômicas – UNESP, Botucatu – SP. [2]Instituto de Biodiversidade e Florestas – UFOPA, Santarém - PA.

*odilafrissebertz@gmail.com

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; análise multivariada; diversidade

Na região amazônica, o cultivo de mandioca de mesa é realizado de forma rudimentar e apesar de apresentar papel importante na segurança alimentar das famílias, pouco contribui na geração de renda aos agricultores. O incremento na produtividade e no tempo de prateleira aliado a qualidade nutricional e praticidade culinária são os principais objetivos do melhoramento genético na cultura. A caracterização morfoagronômica dos genótipos disponíveis e o emprego de técnicas envolvendo estatística multivariada são importantes para se estimar a diversidade genética e verificar quais caracteres mais contribuem para a variabilidade genética nessas populações bases para o melhoramento. Objetivou-se neste trabalho, avaliar a diversidade genética existente em população segregante de mandioca de mesa, composta de 89 genótipos criados a partir do cruzamento ao acaso entre 25 variedades locais, durante sua primeira propagação clonal. O experimento foi conduzido em parceria com agricultores familiares na área rural do município de Santarém – PA, com genótipos sendo representados por linhas simples contendo 7 plantas em espaçamento de 1 m entre plantas e linhas. Os caracteres altura média de plantas, diâmetro da base do caule, número de hastes por planta, peso de raízes por planta, peso da parte aérea, fitomassa total, número de raízes comerciais, comprimento de raízes e diâmetro de raízes foram submetidos à análise de componentes principais (ACP) utilizando o programa estatístico GENES, onde as médias dos genótipos foram padronizadas dividindo-se os valores absolutos pelo desvio-padrão. Os resultados da ACP indicam que os dois primeiros componentes principais (CP) explicam cerca de 74,81% da variância total da população, tendo a seguinte partição: 64,24 (CP1) e 10,57 (CP2). Além disso, entre nove componentes principais, seis (14,88%) apresentaram variâncias (autovalores) inferiores a 0,7, sendo passíveis de descarte. Os caracteres de maior peso (autovetores) nos dois primeiros CP são os que mais contribuem para explicar a diversidade genética entre os acessos, recebendo destaque fitomassa total, peso de raízes por planta e diâmetro de raízes no CP1 e número de hastes no CP2. Estas características portanto, são indispensáveis na caracterização morfológica de genótipos de mandioca de mesa.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (Unesp) Faculdade de Ciências Agronômicas, Campus Botucatu; Universidade Federal do Oeste do Pará (UFOPA).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIÇÃO DE COMPOSIÇÃO BROMATOLÓGICA DE CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR

Joice Firmino[1]; Gabriela Aferri[2]; Laerte Rocha Neves Pinto[2]; Dilermando Perecin[1]; Mauro Alexandre Xavier[2*]; Heitor Cantarella[2].

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UNESP, Jaboticabal. [2]Instituto Agronômico de Campinas, IAC/APTA.

*mxavier@iac.sp.gov.br

Palavras-chave: composição bromatológica; cana-de-açúcar; idade de corte.

O interesse sobre cultivares de cana-de-açúcar que acumulem mais fibra com o objetivo da cogeração de energia e produção de etanol celulósico tem aumentado. A avaliação bromatológica dos componentes da fibra pode auxiliar no melhor entendimento das características desse componente da planta. O experimento foi avaliado o efeito da época de corte e de composição bromatológica de clones do programa de melhoramento do Instituto Agronômico/SP. O delineamento foi blocos ao acaso (ambiente) com 18 tratamentos e três repetições, em arranjo fatorial de seis clones (IACBIO1232, IACBIO1246, IACBIO1257, IACBIO1265, IACBIO1280 e IACBIO1284) com três épocas de corte (dois, quatro e oito meses (MAP)). Foi avaliado o número de perfilhos aos 2 MAP (NP2), número de colmos (NC), matéria seca (MS), fibra em detergente ácido (FDA) e fibra em detergente neutro (FDN), hemicelulose, celulose e lignina. Houve interação apenas para teor de MS (P<0,05) indicando diferenças na biomassa seca entre clones ao longo do tempo. O clone IACBIO1280 não apresentou diferença entre o 2º e o 4º mês; para os demais o teor de matéria seca diminuiu, provavelmente indicando uma época mais favorável de acúmulo de massa. Aos oito MAP os clones continham ao redor de 50% de MS, indicando perda de densidade. Não houve diferença em NC aos quatro ou oito MAP. As frações FDA, FDN e celulose não diferiram entre clones aos dois, quatro e oito MAP (P>0,05). A hemicelulose foi diferente aos dois e seis MAP (P<0,05) e a lignina foi diferente (P<0,05) entre os clones nas três datas de avaliações. As composições em FDA em torno de 43%, FDN variando entre 72 a 76% e celulose não se mostraram indicadores robustos para a diferenciação de clones. A hemicelulose, uma fração importante na degradação da fibra, pode ser usada como parâmetro de diferenciação entre genótipos até o quarto MAP, pois com oito meses não foi constatada diferença entre os clones. A lignina foi uma característica que distinguiu os clones e aumentou durante todo ciclo avaliado. A lignina como importante componente da fibra pode ser uma indicadora de uso do clone/ variedade de cana energia, queima ou produção de etanol celulósico. Aos seis MAP os teores de lignina variaram de 4,95% para o IACBIO1280 até 5,98% para o IACBIO1257. Os maiores valores de número de colmos foram observados aos seis MAP, sugerindo que após esse período ocorre perda na densidade dos colmos e provável comprometimento no acúmulo de biomassa. Através desses parâmetros sugere-se que um ciclo de seis meses para a colheita de clones de "cana energia" parece ser mais conveniente, bem como ser a época indicada para análise bromatológica com vistas ao melhoramento.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

BIOMETRIA APLICADA AO ZONEAMENTO AGRÍCOLA E RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO GUANDU EM MOÇAMBIQUE

César Pedro[1,2*]; Marques Cachisso Bambo Donça[2]; Salva Inácio Somueque[2]; Sabir Tualibo Gimo[2]; José Eulário Lampi Dique[3]; Ivan de Paiva Barbosa[1]; Jaqueline Enéquio de Souza[1]; Cosme Damião Cruz[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa (UFV)-MG, Laboratório de Bioinformática, Av. P.H. Rolfs, Campus Universitário, CEP 36570-900 – Viçosa, MG – Brasil. [2]Instituto de Investigação Agrária de Moçambique (IIAM), Centro Zonal Nordeste-Leguminosas, [3]Programa Feijão UFV, Departamento de Fitotecnia.

*cpedroscientia@gmail.com

Palavras-chave: Biometria; Zoneamento Agrícola, recomendação de cultivares.

O feijão guandu (*Cajanus cajan* L. Millspaugh), chamado de feijão bóer em Moçambique, constitui uma das leguminosas importantes de exportação e consumo doméstico, com importância alimentar e diversidade de uso. O programa de melhoramento desta cultura, abrange a Zona Agroecológica 7, onde é planejada a rede de ensaios para avaliação final das linhagens elite. Objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos e estratificar ambientes pelos métodos biométricos para zoneamento agrícola e recomendação de cultivares. Considerações a respeito da interação genótipos por ambientes são esperados, pelo comportamento diferenciado das cultivares com a variação dos ambientes. A definição de sub-regiões agrícolas homogêneas e de genótipos produtivos, com adaptabilidade ampla, específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis e alta estabilidade nos ambientes de avaliação é de extrema importância, visando reduzir riscos na agricultura e orientar o produtor rural sobre as melhores cultivares para o seu ambiente, para planejamento e aumento da renda na sua propriedade. Ao melhorista, para identificar locais-chave para condução eficiente do seu programa de melhoramento. Os experimentos foram conduzidos na região Norte de Moçambique para avaliação do caráter produção de grão, em Delineamento de Blocos ao Acaso, com três repetições e Vinte linhagens de maturação longa, semeadas em Dezembro no espaçamento de 2X0.5m, no ano agrícola de 2016 em Quatro ambientes (Nampula, Nametil, Namapa e Montepuez). As análises biométricas dos dados foram feitas através dos softwares *GENES* e *R* integrados, fez-se o procedimento de análise conjunta e para melhor entendimento e aproveitamento da interação genótipos por ambientes significativa foi considerada a complementaridade das informações fornecidas pelas metodologias de *Eberhart e Russell, Centroide e GGE biplot* sendo de regressão, não paramétrico e multivariado respectivamente, para maior eficiência na representação, visualização, interpretação e tomada de decisão. Pelos resultados, três sub-regiões foram estabelecidas sendo a região I (Montepuez), a região II (Nametil) e a região III (Namapa e Nampula). Os genótipos ICEAP01498 e ICEAP01507 tiveram o maior desempenho (859 e 787 kg/ha) e adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis (I). Os genótipos ICEAP01187, ICEAP01409 e ICEAP01490 tiveram desempenho médio (754, 708 e 694 kg/ha) sendo de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis (II e III-Namapa). O genótipo ICEAP01409 foi classificado como sendo de média adaptabilidade geral e estabilidade alta. Conclui-se que os genótipos ICEAP01498 e ICEAP01507 devem ser recomendados para regiões com condições edafoclimáticas desfavoráveis (I) e para produtor de baixa tecnologia. Os genótipos ICEAP 01187, ICEAP01490 e ICEAP01409 respondem a melhoria dos ambientes podendo ser recomendados para regiões com condições favoráveis (II e III) e para produtor de média a alta tecnologia. A rede experimental pode ser reduzida de 4 para 3 ambientes considerando Nampula e Namapa um mega-ambiente homogêneo. O genótipo ICEAP01409 pode ser recomendado para todos ambientes.

Apoio: BIOINFORMÁTICA; IIAM; USAID-BHEARD; MICHIGAN STATE UNIVERSITY e CNPq

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DETERMINAÇÃO DOS PADRÕES DE HERANÇA DA EFICIÊNCIA E RESPONSIVIDADE NO USO DO FÓSFORO QUANTO ÀS CAPACIDADES GERAIS E ESPECÍFICAS DE COMBINAÇÃO

Fabio Tomaz de Oliveira[1]; Ismael Fernando Schegoscheski Gerhardt[1]; Gabrielle Sousa Mafra[1]; Juliana Saltires Santos[1]; Ismael Albino Schwantes[1]; Yure Pequeno de Souza[1]; Divino Rosa dos Santos Junior[1]; Marcelo Vivas[1]; Antonio Teixeira do Amaral Júnior[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes – RJ

*tomaz_oft@yahoo.com.br

Palavras-chave: *zea mays* L; fósforo; milho-pipoca.

No Brasil, a maioria dos solos apresentam baixa disponibilidade de nutrientes, alta acidez e alta capacidade de adsorção de fósforo. Portanto, faz-se necessário a obtenção de cultivares mais eficientes. Portanto, objetivou-se avaliar a eficiência e responsividade no uso de fósforo (EUP) de um conjunto de híbridos de milho-pipoca. Os ensaios foram conduzidos nas safras 2015/2016 em Campos dos Goytacazes-RJ e Itaocara-RJ, em ambientes contrastantes. Foram utilizados 25 linhagens S7 de milho-pipoca das quais foram selecionadas três eficientes e responsivas – P2, P7 e L59 (ER); duas intermediárias – P6, P7 e outras três ineficientes e não-responsivas - L77, L75 e L80 (INR). O delineamento experimental utilizado foi látice triplo 6 x 6. Foi montado um dialélico completo composto por 28 híbridos simples, oito genitores, totalizando 36 tratamentos. As características avaliadas foram: produtividade (PROD); capacidade de expansão (CE); e volume de pipoca expandida por hectare (VP). Para agrupara as médias foi utilizado o algoritmo de Scott e Knott a (5 %). Para identificar e classificar os híbridos foram utilizados: 1) Desvios das médias do rendimento de grãos de cada híbrido em relação à média de produtividade de cada ambiente; 2) Índice de eficiência proposto por Parentoni; 3) Expressão proposta por Fisher. Já a análise dialélica foi realizada de acordo com o Método 2 do Modelo de Griffing. Foi realizada a análise de variância individual e conjunta, na qual houve diferença significativa entre os genótipos a 1 % de probabilidade. No ambiente com estresse, a estimativa da média de PROD foi de 2.071,37 kg ha-^{1}, havendo a formação de sete grupos; por sua vez, no ambiente sem estresse, a estimativa da média foi de 2.315,44 kg ha-^{1}, com a formação de nove grupos. A dispersão gráfica dos genótipos nos quadrantes quanto à EUP, revelou 14 híbridos ER e 12 INR. A metodologia proposto por Fischer foi distinta das demais. As capacidades combinatórias, geral e especifica, foram significâncias; nos ambientes de baixo e alto fósforo. Para PROD e VP, houve supremacia na estimativa da Φs em relação a Φg para os ambientes de baixo e alto fósforo, evidenciando que os efeitos não-aditivos detêm maior importância. Para a CE, a estimativa da Φg foi superior em relação à de Φs para os ambientes de baixo e alto nível de fósforo, revelando maior importância dos efeitos gênicos aditivos. Para PROD, houve predominância dos efeitos gênicos dominantes para EUP. Os híbridos P7 x L80, P7 x L59, P7 x L76 e P6 x L80 apresentaram-se como promissores, podendo ser avaliados como opções de cultivo em solos que apresentam deficiência para o fósforo.

Apoio: CNPQ, Capes, Faperj, UENF.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ÁRVORES MATRIZES DE *Handroanthus impetiginosus* (Mart. Ex DC) Mattos A PARTIR DE CARACTERES BIOMÉTRICOS DE FRUTOS E SEMENTES

Tamara Mariel Valdovinos[1]; Rinaldo César de Paula[2]; João Vitor Oliveira de Souza[3]; Marcos Claudio Da Silva Virtuoso[4]

[1234]Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP-FCAV), Programa de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), Jaboticabal, São Paulo, Brasil.

*ta.mariel@hotmail.com

Palavras-chave: Ipê-roxo; biometria; análise de agrupamento

Handroanthus impetiginosus (Mart. Ex DC) Mattos (ipê-roxo), é uma espécie arbórea tropical da família Bignoniaceae, com ocorrência natural em diversas regiões fitoecológicas brasileiras. Além do alto valor econômico da sua madeira para produtos nobres, a espécie tem uso medicinal, paisagístico e na restauração de ecossistemas florestais. Este trabalho objetivou estudar a divergência genética entre árvores matrizes de *H. impetiginosus* a partir de caracteres biométricos de frutos e sementes e identificar os caracteres que mais contribuem para a divergência. Foram coletados frutos de 25 árvores matrizes localizadas no Câmpus da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, da Universidade Estadual Paulista, e na área urbana da cidade de Jaboticabal (SP). Foram determinados: comprimento e diâmetro dos frutos; número de sementes por fruto; comprimento, largura e espessura de sementes, peso de mil sementes e número de sementes por kg. A divergência genética foi determinada pelo método hierárquico de Ward e a importância relativa de cada caráter para a divergência genética foi obtida a partir da análise de Componentes Principais. Os resultados indicaram a existência de variabilidade genética entre as árvores matrizes para todos os caracteres. As matrizes foram reunidas em sete grupos pelo método de Ward. O comprimento de fruto, número de sementes por fruto e número de sementes por kg foram os caracteres mais importantes para explicar a divergência genética entre as árvores matrizes. Esta divergência possibilita a identificação de árvores matrizes para a colheita de sementes, que subsidiem programas de conservação e, ou melhoramento genético da espécie. Os agrupamentos obtidos, permitem explicar as semelhanças e diferenças entre as matrizes, por meio das análises das características biométricas compartilhadas pelas matrizes de um mesmo grupo. Desse modo, com base no padrão obtido de agrupamento das árvores matrizes de ipê-roxo, recomenda-se que a coleta de sementes ocorra em árvores matrizes pertencentes a grupos distintos, para maior retenção de variabilidade genética para o conjunto dos caracteres avaliados. Por outro lado, sementes coletadas de árvores matrizes pertencentes a um mesmo grupo podem, a princípio, constituírem um único lote de sementes. Os resultados desta pesquisa podem ser aplicados para futuros trabalhos envolvendo as mesmas árvores matrizes, por exemplo, para a formação de teste de progênie, visando à conservação ou melhoramento da espécie.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Efficiency of Spatial Analysis in Potato Breeding Trials

Mario Henrique Murad Leite Andrade*[1]; Abel Jamir Ribeiro Bastos[1]; Claudio Carlos Fernandes Filho[1]; Luana de Cássia Simões[1]; Rafaela Pereira Carvalho[1]; Maiara Oliveira Fernandes[1]; Cesar Augusto Brasil Pereira Pinto[1]

[1]Biology Department - Universidade Federal de Lavras

*mariohmlandrade@yahoo.com.br

Key words: *Solanum tuberosum* L.; Potato; Spatial analysis, plant breeding.

Estimation of genetic parameters in a breeding program is crucial for a successful selection. However, field experiment is susceptible to diverse forms of error: soil fertility differences, competition between plots, erroneous measurements, directions in which the cultural practices are made, all those might create trends in the field, inflating the residual variance. The aim of this study was evaluating the efficiency of two spatial models (AR1 and SpATS) to control those variations and their impacts on the selection of genotypes in four potato breeding trials, conducted in the 2017 and 2018 seasons. The design used was the augmented blocks, and the numbers of clones, checks and blocks in each trial were respectively: 120, 256, 493 and 1151; 4, 5, 2 and 2; 10, 15, 20 and 40. The trials were conducted at the Universidade Federal de Lavras, UFLA, Center for Scientific and Technological Development. Three traits were used: total tuber yield (TTY), marketable tuber yield (MTY) and specific gravity (SG). It was measured the relative efficiency for the spatial models compared to the base model (independent errors), using the prediction error variance (PEV) for each model, was also estimated the heritability and the coincidence of selection. The spatial models presented lower PEV, the relative efficiency was, on average: for TTY 159% and 172%, for MTY 112% and 109%, for SG 111% and 114%, for AR1 and SpATS respectively. The smaller PEV leads to higher values for heritability for the spatial models: for TTY it was 0,39; 0,50; 0,38, for MTY 0,35; 0,51; 0,46 and for SG 0,34; 0,42; 0,38, for the base model, AR1 and SpATS respectively. These results show the power of spatial models to get higher efficiency on plant breeding trials. Those results reflect on the selection, leading in some differences. When analyzing the ranking correlation between the base model and the spatial model it is possible to measure these differences. Using an intensity of selection of 0,1 the coincidence between the base model and AR1 was: 0,74; 0,77 and 0,84; and between base and SpATS it was: 0,83; 0,82 and 0,72, for TTY, MTY and SG respectively. The two spatial models were superior to the base model, both models were capable to handling with the spatial variation, and consequently, got higher precision of trial estimates. The spatial models have not a pattern effect on the genetic variance. On this way, the spatial models should be used as a default for analyzing the field data in a potato breeding program.

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL PARA HÍBRIDOS DE MILHO

Ivan de Paiva Barbosa[1]; Jaqueline Enequio de Souza[1]; César Pedro[1]; Antônio Carlos Silva Junior[1]; Cosme Damião Cruz[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa (UFV)-MG, Laboratório de Bioinformática, Av. P.H. Rolfs, Campus Universitário, CEP 36570-900 – Viçosa, MG – Brasil.

*ivanbarbosa.agro@gmail.com

Palavras-chave: Estratificação ambiental, interação GxA, *Zea mays*.

O milho (*Zea mays* L.) safrinha tem sido amplamente plantado e economicamente viável para os produtores nas regiões Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Tendo em vista a importância de se recomendar cultivares para um conjunto de locais, nos programas de melhoramento genético do milho, a interação genótipos x ambientes (GxA) dificulta a seleção e recomendação de cultivares, em razão da inconsistência de performance em ambientes distintos. Neste sentido, a estratificação ambiental consiste na subdivisão de regiões heterogêneas em sub-regiões homogêneas, com interação GxA não significativa, o que permite a identificação e recomendação de genótipos superiores em cada estrato. Na fase final do programa de melhoramento, um grande número de locais são planejados para avaliação dos híbridos em ensaios de VCU's, que é bastante onerosa. Diante disso, a avaliação do fenômeno da interação GxA é tão importante quando a quantificação da produtividade de grãos, uma vez que sua existência é indicativo da dificuldade da seleção para programas de melhoramento generalistas ou restritos, da recomendação de cultivares e na elaboração de estratos ambientais que represente a aptidão edafoclimática dos cultivares. Na literatura existem várias metodologias para avaliar o ambiente, dentre elas podemos destacar a estratificação ambiental, uma vez que indicada para identificação de regiões homogêneas. Assim, objetivou-se otimizar a rede experimental para melhor representatividade dos locais, pela exclusão de ambientes redundantes, visando economia de recursos e maior eficiência no programa de melhoramento. Os experimentos foram conduzidos em cinco locais (Sorriso com 2 fazendas experimentais, Sinop, Nova Ubiratâ e Lucas do Rio Verde) em condições de segunda safra na Região do Mato Grosso. Realizou-se a semeadura no período de 24/01/2018 a 18/02/2018 com espaçamento 0.5m entre linhas, com cinco linhas por parcela, sendo a área útil de quatro linhas, onde foi feita a colheita dos grãos aos 130 dias. O delineamento foi em blocos casualizados, com nove genótipos e 4 repetições. Foi realizada a análise de variância conjunta e estraficação ambiental por meio dos softwares GENES. Os resultados mostraram a formação de um mega-ambiente com quatro ambientes homogêneos (Sorriso com as 2 fazendas experimentais, Sinop e Nova Ubiratâ), que apresentaram resultados semelhantes para o potencial produtivo das cultivares. Pode-se, portanto, considerar apenas um destes ambientes nas avaliações posteriores, cabendo aos melhoristas escolher aquele que mais se encaixe nas necessidades de seus programas. Critérios como proximidade dos centros de pesquisa, facilidade de acesso e representatividade de centros produtivos podem ser adotados. Conclui-se que o mega-ambiente pode ser reduzido para um ambiente, considerando dois locais representativos para condução dos experimentos em avaliações futuras.

Apoio: CNPq, BIOINFORMÁTICA-UFV.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EVALUATION OF SPATIAL MODELING IN AN ADVANCED FIELD TRIAL OF BIOMASS SORGHUM UNDER EXTRA SYSTEMATIC ENVIRONMENTAL VARIATION

José Airton Rodrigues Nunes[1*], Pablo González Barrios[2], Danilo Alves Pereira[3], Lucia Gutierrez[2], Maiara Oliveira Fernandes[3], Claudio Carlos Fernandes Filho[3], Júlio Silvio de Sousa Bueno Filho[4], Rafael Augusto da Costa Parrella[5]

1Post-doc PrInt/CAPES, Agronomy Department – University of Wisconsin – Madison, Departamento de Biologia - Universidade Federal de Lavras, Brasil. 2Agronomy Department – University of Wisconsin – Madison, WI, USA. 3Programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas – UFLA. 4Departamento de Estatística – UFLA 5Embrapa Milho e Sorgo, Brasil.

*jarnunes@ufla.br.

Keywords: *Sorghum bicolor*. Spatial Covariance. Incomplete Block Design. BIC. Deviance.

Modeling spatial trends in field trials has been an efficient method to improve phenotypic selection in initial stages of breeding cycles when a large number of genotypes are tested in partially replicated designs. Conversely, in the final stages, spatial analyses are not expected to improve accuracy due to the evaluation of a few replicated genotypes in resolvable incomplete block designs (IBD). However, the allocation of blocks in the field might not address all sources of systematic environmental variation. The aim of this study was to evaluate the efficiency of the IBD and spatial statistical analysis in an advanced trial of biomass sorghum in the presence of soil compaction variation detected *a posteriori*. The trial was laid out in a triple square lattice design 6 x 6. The field layout was 12 rows by 9 columns. The plots were four furrows 5.0 m long and spaced 0.6m apart. The data were assessed only from the two central furrows per each plot. A total of 36 hybrids of biomass sorghum were evaluated for the following traits: flowering time (FLOW, days), plant height (PH, m), green matter yield (GMY, ton. ha^{-1}), moisture (MOI, %), and dry matter yield (DMY, ton. ha^{-1}). The data were analyzed using the mixed model with the recovery of inter-block information and as randomized complete block design (RCBD). The residual covariance matrix was modeled assuming independent errors (IN), and using Gaussian (GA), spherical (SP) and autoregressive (AR) spatial covariance function. The criteria deviance, Bayesian Information Criterium, and adjusted mean standard error were used for model comparisons. Significant differences were observed among genotypes for FLOW, PH, GMY, and DMY for all models. The experimental coefficient of variation was smaller than 12% for FLOW, PH, and MOI, while GMV and DMY were greater than 20%. The spatial models did not improve the comparison criteria in relation to IN model considering the lattice design. Some improvement in these criteria was observed only for PH and MOI when performing the spatial analysis under RCDB. Therefore, in general, the IBD experimental design was sufficiently robust to address the extra environmental variation due to soil compaction observed in the field trial.

Acknowledgments: UFLA, CAPES, FAPEMIG, Embrapa Milho e Sorgo, UW-Madison.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MÉTODOS DE SELEÇÃO PARA MÚLTIPLOS CARACTERES EM HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO

Márcio Lisboa Guedes[1]*; Flavio Pereira dos Santos[1]; Priscilla Neves de Santana[1]; Laís Lopes de Castro[1]; Angelina Luzia Ciappina[1]; Marcela Pedroso Mendes Resende[1]

[1]. Universidade Federal de Goiás- UFG. Goiânia-GO, Brasil.

*marcioguedesbio@gmail.com

Palavras-chave: melhoramento de milho; ganhos genéticos; produtividade de grãos.

Existem diferentes métodos de seleção para múltiplos caracteres que são utilizados em programas de melhoramento genético. O método de níveis independentes se baseia no estabelecimento de níveis mínimos ou máximos para cada caráter e a seleção dos genótipos que atingirem todos os critérios pré-estabelecidos. Os índices de seleção permitem a combinação de múltiplos caracteres de interesse para o melhorista em uma única estimativa, facilitando a seleção. O objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência de diferentes métodos de seleção para múltiplos caracteres em híbridos duplos de milho. O experimento foi realizado na safra 2018/2019, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO. Foram avaliados 29 genótipos, sendo 25 híbridos duplos experimentais e quatro testemunhas (híbridos comerciais), em delineamento de blocos ao acaso com três repetições e parcelas de uma linha de quatro metros. Os caracteres avaliados foram: altura de plantas (AP); altura de espigas (AE); acamamento e quebramento de plantas (ACQB); prolificidade (PROL); comprimento de espigas (CE); diâmetro de espigas (DE); peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG). A seleção foi realizada utilizando o método de níveis independentes de seleção (NI), sendo usadas as médias das testemunhas como os critérios pré-estabelecidos e selecionados os genótipos que obtiveram médias iguais ou superiores as testemunhas; o índice de seleção Mulamba & Mock (I_{MM}) e o Índice de seleção de Smith & Hazel (I_{SH}), sendo empregado para os dois métodos na matriz de pesos econômicos o valor 1 para PE e PG, e para os demais caracteres peso 0. Foi considerado a intensidade de seleção de 20%. Apenas um genótipo foi selecionado pelos três métodos. Para os caracteres AP, AE, ACQB, CE e DE, o método NI apresentou maiores ganhos com a seleção (3,15%, 5,28%, -21,67%, 1,85% e 1,22%, respectivamente). Para PE e PG, o I_{MM} apresentou os maiores ganhos com a seleção (10,53% e 8,57%, respectivamente). O índice de I_{SH} foi o que apresentou menor ganho para todos os caracteres. Embora o método de NI tenha proporcionado ganhos favoráveis para caracteres da planta e de produção, o índice I_{MM} apresentou ganhos superiores para PE e PG, que são os caracteres de maior interesse para o melhorista, sendo o método mais indicado para seleção desses híbridos duplos de milho.

Agradecimentos: CAPES, CNPQ, FAPEG e UFG.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MODELOS FIXO, ALEATÓRIO E MISTOS NA ANÁLISE DE GENÓTIPOS X AMBIENTES DE MAMONA

Gabriela Nunes da Piedade[1]*; Lucas Vasconcelos Vieira[1]; Otávio Augusto Pessotto Alves Siqueira[1]; Odila Friss Ebertz[1]; Maurício Dutra Zanotto[1]; Maria Márcia Pereira Sartori[1]

[1]Faculdade de Ciências Agronômicas/Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho"

*gabriela.piedade@unesp.br

Palavras-chave: *Ricinus communis* L; Dados balanceados; Método dos momentos

A interação genótipos x ambientes dificulta a seleção de genótipos superiores de mamona. O uso de métodos estatísticos mais refinados como a análise de modelos mistos para avaliação de tal interação, tem sido bastante explorado nos últimos anos. Objetivou-se neste estudo avaliar as influências sob as análises de variância, dos diferentes modelos frequentemente utilizados nas análises de experimentos de plantas, bem como suas implicações em relação a estimação dos componentes de variância e quadráticos da mamona. Para tanto, foram utilizados dados de experimentos desenvolvidos nos anos de 2014/2015 nos municípios de Botucatu, Ilha Solteira, Penápolis e São Manuel, na época de semeadura da safra, nos quais 20 linhagens S5 obtidas da População FCA Porte Baixo foram distribuídas em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições. Após o completo desenvolvimento das plantas, calculou-se a produtividade média dos grãos. Atendido aos pressupostos, análise de variância conjunta, considerando os modelos fixo (a), aleatório (b) e misto (bloco fixo (c), bloco aleatório (d), ambiente (e) e linhagem fixo (f)), foram realizadas. As esperanças dos quadrados médios foram obtidas para cada fonte de variação em cada modelo, de maneira a possibilitar a estimação e comparação dos componentes de variância associados aos efeitos aleatórios e dos componentes quadráticos associados aos efeitos fixos. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software SAS 9.4, por meio do procedimento MIXED. Observou-se que os valores e as significâncias do teste F para a mesma fonte de variação, apresentaram variações de acordo com o modelo utilizado. Para o efeito de genótipos houve variação de 1,49 a 14,10 entre os modelos (b), (c) e (f), e entre os modelos (a), (d) e (e), respectivamente, sendo que no primeiro grupo não foi detectada diferença significativa e no segundo, houve diferença a 1% de probabilidade. Para o efeito de ambientes, houve diferença a 5% de probabilidade e F assumiu os valores de 30,18 para os modelos (b) e (e), de 38,83 para o modelo (c), 133,86 para os modelos (d) e (f), e 366,43 para o modelo (a). Em contrapartida, para as fontes de variação bloco/ambiente e interação genótipos x ambientes, os valores de F foram 2,74 e 9,44, com significância de 1 e 5% respectivamente, independente do modelo proposto. Estes resultados já eram esperados, uma vez que as expressões para o cálculo da estatística F admitem tanto numeradores quanto denominadores diferentes, conforme cada modelo, para genótipos e ambientes. De maneira geral, observou-se que o modelo fixo (a) superestima os valores de F. Houve diferença entre os componentes de variância e quadráticos obtidos, principalmente em relação ao componente genético, o qual é amplamente utilizado na obtenção de parâmetros importantes ao melhoramento vegetal. Os diferentes modelos influenciam as análises e as estimativas dos componentes de variância. A escolha do modelo ideal deve estar relacionada ao objetivo do pesquisador.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código Financeiro 001 e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP/2018/14148-3) pelo apoio financeiro.

MODELOS GENÔMICOS APLICADOS À SELEÇÃO ASSISITIDA POR MARCADORES NA SOJA

Pedro Ivo Vieira Good God[1*]; Rafaela Lanusse de Bessa Lima[1]; Mayumi Furuya de Assis[1]; Giovanna Bork[1], Newton Deniz Piovesan[2]

[1]Universidade Federal de Viçosa – Campus Rio Paranaíba. [2]Universidade Federal de Viçosa – Campus Viçosa.

*pedro.god@ufv.br

Palavras-chave: valores genômicos; predição; BLUP

A seleção assistida por marcadores moleculares (SAM) é utilizada como ferramenta para aumentar a acurácia seletiva em programas de melhoramento genético. O presente trabalho teve como objetivo verificar a eficiência da SAM com base em modelos genômicos em comparação com a seleção convencional. Foram utilizados 204 genótipos de soja cultivados em duas safras, nas regiões de Rio Paranaíba, Capinópolis e Florestal, MG. Determinou-se o teor de óleo, proteína e componentes de produção. Utilizou-se 56 pares de primers SSR associados aos QTLs para o teor de óleo e proteína. Para avaliar a eficiência da SAM as análises estatísticas foram realizadas através dos modelos BLUP/REML, GBLUP e rrBLUP. Os diferentes modelos de seleção foram comparados através da correlação e coincidência entre as médias fenotípicas e valores genéticos preditos pelos diferentes modelos. Todos os caracteres analisados apresentaram variabilidade genética significativa. Os valores de acurácia e herdabilidade foram elevados para todos os caracteres ao se considerar o método BLUP/REML, GBLUP e rrBLUP, no entanto, as herdabilidades são superiores pelo método GBLUP. O desempenho da predição foi alterado para diferentes populações de treinamento e validação, o que limita o uso da seleção somente com base em valores genéticos genômicos. As correlações entre os modelos foram altas. Porém, a coincidência de indivíduos selecionados foi baixa, ao considerar a SAM, a seleção fenotípica e BLUP/REML. A seleção por valores genômicos pode ser interessante para selecionar populações segregantes em gerações precoces, bem como o número de progênies a serem testadas em ensaios avançados. Dessa forma, deve-se verificar qual a melhor alternativa com base nos custos envolvidos para a genotipagem ou fenotipagem. A SAM apresenta seleção diferenciada se comparada à seleção fenotípica e via BLUP. Portanto, embora haja recuperação da herdabilidade dissipada, se os valores de acurácia não forem altos, a SAM deve ser aplicada com restrição.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação de Amparo à Pesquisa de Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) (APQ-02848-14).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PLANT BREEDING FOR SOYBEAN RESISTANCE TO STINK BUG COMPLEX: A STRATEGIE TO FIT THE MODELS

Mariana Silva Vianna[1]; Emanoel Sanches Martins[1]; Maiara de Oliveira[1]; Patricia Braga[1]; José Baldin Pinheiro[1]

[1]"Luiz de Queiroz" College of Agriculture - USP.

*marianavianna@usp.br

Key words: *Glycine max*; Selection; Statistical analysis

The soybean crop is currently very vulnerable to several pathogens and insect pests, leading to large losses in production. Among the insects that attack soybeans, stink bugs are those that cause the greatest economic losses, which can damage grain quality and can also compromise crop productivity. Generally, your occurrence is aggregated, with more occurrence in the border. In trials, this can be a problem because the damage of stink bug in the field is variety, being bigger in the border. Nonetheless, it is crucial to get precise information to help breeders select the best soybean lines in plant breeding programs. Therefore, the use of Covariate or Spatial analysis can help to get this heterogeneity and can provide better results. Thus the aim of this research is to fit and select a model that better adjust to the natural dispersion of stink bug in soybean. The study was carried out with 260 inbred lines, being evaluated in the crop season 2017/2018, in Piracicaba. The experimental design was an alpha lattice 10x26 with three replicates. The evaluated traits were: GW (grain weight), HSW (healthy seed weight), MPH (maturity plant height), NDM (number of days to maturation), GP (grain filling period) and WHS (weight of a hundred seeds). Therefore we estimated the damage of stink bug calculated by TOL=1-(GW-HSW)/GW), where this was standardized and used as a covariate in the models. We used four models to compare: Naïve - where was considered only the experimental design; Cov - use the damage of stink bug as a covariate; Spatial: use the row and column to adjust the model; Full - combine the covariate and spatial model to adjust. The analyzes were carried in software R with "Asreml", packages, carried out through the mixed model approach with REML. To compare the models we used the Akaike information criterion (AIC) and Bayesian information criterion (BIC) and estimated the heritability to each model. For the traits evaluated the Spatial and Full model show better to fit. In all cases, these models presented lower values of AIC and BIC. To heritability, the model Spatial and Full always had the highest estimates, except for GFP. This was expected because we are reducing the residual variance in these models. To the Cov model always the heritability was close or lower than the naïve model. For the AIC and BIC, the Cov model showed lower values than the naïve too. Thus, it can be stated that the use of covariates or spatial models can provide better results to adjust the models. As well, our results provide that the use of the natural dispersion from stink bug in the area should be considered in the models when natural infestion is used.

Acknowledgments: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Finance Code 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq and also grant 2018/12399-9, São Paulo Research Foundation (FAPESP).

PROPOSTA DE ABORDAGEM DE AGRUPAMENTO FUZZY PARA AUXILIAR NA RECOMENDAÇÃO DE CULTIVARES

Vinícius Quintão Carneiro[1]; Cosme Damião Cruz[2]; Moysés Nascimento[3]; Pedro Crescêncio Souza Carneiro[4]

[1]Universidade Federal de Lavras.[2,3,4]Universidade Federal de Viçosa.

vinicius.carneiro@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento de plantas; lógica fuzzy; interação genótipos por ambientes

A interação genótipos x ambientes é o principal fator que influencia a resposta de linhagens avaliadas em ensaios de valor de cultivo e uso. Análises de adaptabilidade e estabilidade são fundamentais para entender o desempenho de linhagens em uma região de cultivo e, consequentemente, proporcionar a correta recomendação de uma nova cultivar. Algumas dessas metodologias, incorporam informações prévias sobre a recomendação de um grupo extra de linhagens denominadas como ideótipos. Com base nessa estratégia, o método do centróide e suas modificações têm sido amplamente utilizado devido à simplicidade de classificação dos genótipos avaliados. No entanto, essas metodologias apresentam problemas para definir o padrão de adaptabilidade de algumas linhagens. Técnicas de inteligência artificial como o agrupamento Fuzzy C-Means podem ser uma alternativa para reduzir essas dificuldades, uma vez que gera informações de distância entre linhagens e de pertinências (medidas que quantificam o quanto uma observação pertence a uma classe particular) das linhagens avaliadas. Portanto, nosso objetivo foi propor a utilização da abordagem de agrupamento fuzzy para auxiliar na recomendação de cultivares. A adaptação do método C-Means fuzzy para classificar linhagens quanto a adaptabilidade e estabilidade foi implementada no software BioFuzzy. Para avaliar a capacidade dessa proposta foram utilizados dados de 20 linhagens de feijão preto disponíveis na literatura. Essas linhagens foram avaliadas quanto a produtividade de grãos em 12 experimentos conduzidos em seis municípios (Viçosa, Coimbra, Ponte Nova, Leopoldina, Florestal e Capinópolis) de Minas Gerais nas safras de outono-inverno de 2002 e 2003, e da seca em 2003. Os resultados obtidos pelo agrupamento fuzzy foram comparados com os obtidos pelo método centróide. O abordagem de adaptabilidade fenotípica por agrupamento fuzzy foi eficiente para identificar o padrão de adaptabilidade das linhagens de feijão. Além disso, o poder discriminativo foi maior que o observado no método centróide.

Agradecimentos: CNPq; Capes; Fapemig.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

REPETIBILIDADE PARA SEVERIDADE DE PINTA PRETA EM GENÓTIPOS DE MAMOEIRO

Jose Tiago Barroso Chagas[1], Ramon de Moraes[1], Helenilson de Oliveira Francelino[1] Silvaldo Felipe da Silveira[1], Marcelo Vivas[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, CEP 28013-602, Campos dos Goytacazes – RJ.

tiagmocap@gmail.com.

Palavras-chave: Asperisporium caricae; Carica Papaya L.; Modelos mistos.

As doenças fúngicas são fatores limitantes na produção e comercialização da cultura do mamoeiro. Dentre estas, destaca-se a pinta-preta, responsável por danos nas folhas e frutos. Para controle da doença são utilizados defensivos agrícolas, que podem exceder o limite tolerável pelos órgãos de fiscalização. O uso indiscriminado desses produtos acarreta na acumulação de resíduos tóxicos, que são detectados em fiscalizações de mercados internacionais e impedem a comercialização dos frutos. Em virtude disto, o presente trabalhou visou avaliar genótipos de mamoeiro resistentes à pinta-preta em repetidas avaliações. Foram avaliados 22 genótipos, sendo dois controles, um positivo 'Golden' e um negativo 'Maradol'. Os genótipos foram dispostos em blocos casualizados, com 4 repetições, em telado. Não houve necessidade de se proceder a inoculação, uma vez que as condições do telado permitiram o surgimento da doença nas plantas. Foram realizadas 5 avaliações por meio de escala diagramática, com intervalo de 15 dias e iniciando após 3 meses do transplantio das mudas. As avaliações de severidade de pinta-preta foram realizadas com a amostragem da sétima folha completamente expandida das plantas, contadas a partir do ápice para a base da planta. A análise estatística foi realizada por meio do programa SELEGEM-REML/BLUP por meio da repetibilidade da severidade de pinta-preta dos genótipos. Os componentes genéticos de variância proporcionaram realizar seleção para resistência a pinta-preta. O genótipo 'Golden' foi o que apresentou maior variância fenótipica permanente entre as plantas nas avaliações para severidade de pinta-preta (0,1695). O que resulta em maior quantidade de doenças nas avaliações. Contudo, quatro genótipos (M5/P14, M4/P5, M3/P9 e M4/P1) se mostraram promissores com variâncias fenotípicas permanentes para severidade de pinta-preta menores do que o controle 'Maradol' (-0,0343). A variância fenotípica permanente entre as plantas do mesmo genótipo representa o valor genético destas e a variação ambiental ao longo das avaliações, causada pela pressão da doença. Os resultados permitem confirmar o êxito da metodologia em discriminar os genótipos quanto à resistência à pinta-preta. Tais resultados permitiram ainda indicam genótipos mais resistentes do que o controle negativo 'Maradol'. Desta forma os genótipos resistentes podem ser utilizados em novos trabalhos para abertura de linhagens e confecção de híbridos resistentes à doença.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e da Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo a Pesquisa do Rio de Janeiro (FAPERJ).

SUGARCANE CLONES SELECTION AT RIBEIRÃO PRETO AREA

Elaine Cristina Batista[1] ; Mauro Alexandre Xavier[2]; Marcos Guimarães de Andrade Landell[2]; Márcio Aurélio Pitta Bidóia[2]; Luciana Ap. Carlini-Garcia[3]*

[1] APTA / Instituto Biológico (IB) – mastering student - "Sanidade, Segurança Alimentar e Ambiental no Agronegócio" Graduate Program. [2] APTA / Instituto Agronômico (IAC) - Centro de Cana. [3] APTA / Polo Regional Centro Sul

* lacgarcia@apta.sp.gov.br

Keywords: *Saccharum* spp.; longitudinal data; REML/BLUP.

Brazil is the largest sugarcane (*Saccharum* spp.) producer in the world. Sugarcane is a complex organism and one of the most important bioenergy crop plants. The aim of this research was to evaluated 39 sugarcane clones, at three municipalities in the Ribeirão Preto/SP sugarcane producing area. The clones were obtained by IAC's Sugarcane Breeding Program and were evaluated along with three sugarcane commercial checks in a complete randomized block design, with three replications at each locality, in four harvest seasons. The evaluated traits were Pol (%) and Fiber Content (FC, %). The data set was unbalanced and the measurements were taken from the same individuals along the harvest seasons (longitudinal data), justifying the use of the mixed model approach to obtain the best linear unbiased predictors for the random effects via restricted maximum likelihood estimation procedure (REML/BLUP). Among the several tested variance/covariance structures related to the genetic (G) and residual (R) random effects, the best ones were selected, for each trait, based on Akaike's criterion for model selection. Clones, clones x localities, and clones x localities x harvests interactions effects were significant for both traits. The selected model for fiber content was first order factor analysis (FA) for VCOV structure, with variance homogeneity for both G and R effects. For Pol, second order FA and uniform VCOV structures were selected for G and R, respectively, and variance heterogeneity was detected only for R. Based on the BLUP values, it was possible to select clones with higher Pol% and adequate FC% specifically adapted to each locality, as well as to identify clones that performed well in the whole Ribeirão Preto region.

Financial support: CAPES

RESUMOS DOS TRABALHOS DE MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS

AGRESSIVIDADE E ESPORULAÇÃO DE ISOLADOS DE *Pseudocercospora griseola* DO FEIJOEIRO.

Paula Furtado de Pádua[1]; Nathália Bottrel Maia Pereira [1]; Fernanda Aparecida Castro Pereira[1]; Adilson Junior Soares Alves[1]; Elaine Aparecida de Souza[1*]

[1]Universidade Federal de Lavras, 37200-000, Lavras, MG – Brasil

*easouza@dbi.ufla.br

Palavras-chave: Mancha-angular; *Phaseolus vulgaris*; Melhoramento genético.

A mancha angular do feijoeiro é causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola,* sendo considerada uma das doenças mais importantes para a cultura. A estratégia de controle mais econômica e sustentável é o uso da resistência genética. Entretanto, este patógeno apresenta ampla variabilidade patogênica o que dificulta a obtenção de cultivares resistentes. Portanto, é de grande importância o estudo da variabilidade na população do patógeno. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a agressividade e esporulação de isolados de *P.griseola.* Foram avaliados 19 isolados, dez provenientes de Lavras-MG (LV) e nove de Lambari-MG (LB). Para avaliação da esporulação o experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado (DIC) com 3 repetições. Cada parcela foi constituída por um tubo de ensaio. Os isolados foram repicados para tubos de ensaio contendo meio BDA (batata- dextrose- ágar) e mantidos em incubadora B.O.D por 11 dias. O número de conídios de cada parcela foi determinado ao microscópio óptico com auxílio da câmara de Neubauer®. Para o teste de agressividade o experimento foi conduzido em DBC com três repetições, sendo os 19 isolados inoculados em quatro linhagens de feijão (Madrepérola, Pérola, MA-III e Ouro Negro). Para o preparo da suspenção de conídios, discos de micélio da colônia de cada isolado de *P. griseola* foram repicados para tubos de ensaio contendo meio BDA e mantidos na incubadora (B.O.D), por um período de 12 dias. As linhagens de feijoeiro foram semeadas em bandejas de poliestireno. Após oito dias do plantio, as plântulas no estádio V2 foram inoculadas com uma suspensão de conídios, na concentração de 2 x10^4 conídios/mL. A avaliação da reação das linhagens a *P. griseola* foi realizada 15 dias após a inoculação. Os isolados apresentaram diferenças significativas ($p<0,05$) tanto para agressividade como para a esporulação. O isolado LV 20 foi o que apresentou maior esporulação e agressividade média quando inoculado nas linhagens de feijoeiro. Contudo, de forma geral, pela análise de regressão não houve relação entre a porcentagem de esporulação e a agressividade dos isolados. A agressividade depende de diversos outros fatores como germinação e tamanho de conídios. Os resultados demonstram a ampla variabilidade genética de linhagens de *P.griseola*, e a necessidade de um constante monitoramento e coleta de isolados.

Agradecimentos: CNPQ, CAPES e FAPEMIG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Alternância da temperatura e fotoperíodo no crescimento e esporulação de linhagens de Colletotrichum spp. oriundas de lesões de sarna e antracnose do feijoeiro.

Mariana Andrade Dias[1]; Ana Carolina Faria Martins[2]; Juliana Andrade Dias[3], Elaine Aparecida de Souza[4*]

[1,2,3,4.]Universidade Federal de Lavras.

*easouza@dbi.ufla.br

Palavras-Chave: Colletotrichum lindemuthianum; Melhoramento genético; *Phaseolus vulgaris*.

O gênero *Colletotrichum* causa doenças em diversos hospedeiros, apresentando ampla variabilidade entre e dentro das espécies. No feijoeiro comum, as doenças causadas pelo gênero são responsáveis por perdas de produção e qualidade dos grãos. A antracnose é causada pelo *Colletotrichum lindemuthianum*, já a sarna do feijoeiro, doença emergente nos campos de produção, não possui uma espécie etiológica definida, sendo associada ao gênero *Colletotrichum.* Diversos fatores podem influenciar no desenvolvimento e estabelecimento do patógeno no hospedeiro. Sabe-se que para o gênero *Colletotrichum* a temperatura ótima para a colonização dos tecidos e desenvolvimento da doença, está entre 22°C e 28°C, porém a sarna vem sendo associada a temperaturas e umidade mais elevadas. Sendo assim, este estudo teve como objetivo avaliar o efeito da alternância de temperatura e fotoperíodo no crescimento e esporulação de linhagens de *Colletotrichum* spp. Para isso, 30 linhagens de *Colletotrichum* spp., oriundas de lesões de sarna e antracnose do feijoeiro, foram avaliadas quanto ao Índice de velocidade do crescimento micelial (IVCM), diâmetro colonial (DC) e a taxa de esporulação com 18 horas de luz a 32 °C e 6 horas de escuro a 23 °C, simulando as condições de campo no crescimento e esporulação dessas linhagens. Os experimentos foram conduzidos em DIC com três repetições e as parcelas foram constituídas por uma placa de Petri com meio BDA contendo o fungo. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste Skott-Knott utilizando o software R. Foram observadas diferenças significativas (P≤0,05) entre as linhagens em todas as características avaliadas. Para o IVCM e DC a maioria das linhagens de *Colletotrichum* spp. apresentaram pouco ou nenhum crescimento com a alternância da temperatura, sendo que 60% das linhagens apresentaram baixa esporulação. Esses resultados indicam que a alternância de temperatura e fotoperíodo não foram suficientes para contornar o efeito que a alta temperatura exerce na inibição do crescimento e esporulação de linhagens de *Colletotrichum*. Portanto, a temperatura é um fator limitante no crescimento e reprodução das linhagens, sendo que essas informações podem auxiliar os programas de melhoramento que visam avaliar os sintomas e obter cultivares resistentes a antracnose e à sarna do feijoeiro.

Apoio Financeiro: FAPEMIG; CNPq; CAPES

ANÁLISE DE LINHAGENS PARA IDENTIFICAÇÃO DE SOJA HORTALIÇA COM TOLERÂNCIA A FERRUGEM ASIÁTICA

Gyanlucca Massaru Martins; Bruna Marques Moreno; André Augusto Stella; José Baldin Pinheiro; Marcos Custódio Nekatschalow; Natal Antonio Vello.

Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

gyanlucca@usp.br

Palavras-chave: *Glycine max*; ferrugem; alimentação.

O Brasil é o segundo maior produtor de soja do mundo, perdendo apenas para os EUA, e sendo uma das principais culturas do país, alcançar alta produtividade e elevado desempenho são essenciais. Contudo, há diversos dificultadores e um deles é a presença de patógenos como a ferrugem asiática que provoca inúmeras perdas e prejuízos, sendo seu controle e estudo vital. Atualmente, o consumo de soja hortaliça ainda não é muito popular, porém alguns derivados (tofú, shoyu, PTS, edamame...) são muito requisitados pelos consumidores e a tendência é de que aumente. Os grãos das cultivares deste tipo de produto devem ser uniformes, graúdos e com o tegumento sem defeito (rachaduras e trincas). O estudo para identificação de genótipos destes dois fatores associados (ferrugem e soja hortaliça), realizados em programas de melhoramento genético busca a melhora das características previamente citadas. Este trabalho teve como objetivo avaliar cruzamentos e genitores a fim de se verificar tolerância a ferrugem associada a boa produtividade e qualidade de grãos. Foram testadas 15 linhagens e 6 genitores envolvidos nos cruzamentos da síntese das linhagens em Piracicaba/SP, com semeadura realizada no início de novembro de 2018. Um delineamento de blocos casualizados foi adotado com quatro repetições, sendo a parcela experimental representada por uma fileira com 2m de comprimento e 0,5m entre as fileiras. No experimento foram adotados dois manejos diferentes: um com controle de doenças de final de ciclo mais o controle de ferrugem (Derosal) e outro somente com controle de doenças de final de ciclo (Orkestra). Foram realizadas análises de variância (individuais e conjuntas) com o auxílio do programa estatístico R para os caracteres produção, número de dias para maturação, altura da planta na maturidade e massa de cem sementes e, também, se estimou o efeito ferrugem a partir da diferença entre as médias de cada genótipo nos dois manejos executados para os caracteres produtividade e peso de cem sementes e, se estimou o efeito ferrugem a partir da diferença entre as médias de cada genótipo nos dois manejos executados (EF = M2 – M1) para os caracteres produtividade e peso de cem sementes. Portanto, com base nos resultados obtidos pode-se destacar as linhagens 25-16, 25-19, 25-21, 25-10, 25-17, 25-18, G.01, como altamente produtivas, tolerantes a ferrugem asiática e com padrão soja/alimento aceitável.

Agradecimentos: gostaria de agradecer especialmente a ESALQ e ao departamento de genética que proporcionou tamanho aprendizado e experiência.

ANÁLISE DE TRILHA ENTRE CARACTERES DE RENDIMENTO DE GRÃOS EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI

Diondevon Rocha de Oliveira[1], Derivaldo Pureza da Cruz[1], Geraldo de Amaral Gravina[1], Dalcirlei Pinheiro Albuquerque[1], Josimar Nogueira Batista[1], Geovana Cremonini Entringer[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

*diondevonrocha@gmail.com

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; correlações; grãos secos.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata (L.) Walp*) apresenta grande importância econômica e social, onde participa ativamente na alimentação de milhares de famílias no Brasil, principalmente em regiões mais carentes economicamente. Tendo em vista a sua importância no cenário nacional, o feijão-caupi necessita de esforços para o melhoramento da cultura, principalmente em relação a sua produtividade. Mensurar a produtividade nem sempre é viável, sendo necessário conhecer características secundárias que possam ter alta associação com a produtividade. O uso da correlação não permite conclusões sobre causa e efeito. A análise de trilha pode melhor auxiliar o melhorista, por permitir a visualização do efeito direto que um caráter causa no outro e os efeitos indiretos dos outros caracteres relacionados. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi estudar os efeitos diretos e indiretos dos componentes de produção 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 o de blocos ao acaso, com 14 tratamentos sendo 12 linhagens e duas testemunhas, com quatro repetições. A parcela experimental foi composta de 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, peso de cinco vagens, número de dias para o início da floração, comprimento de cinco vagens, número de grãos em cinco vagens, peso dos grãos em cinco vagens e produtividade de grãos. O número de dias para o início da floração foi o caráter de maior influência direta na produção de grãos (0,5), assim, essa variável, de certa forma, poderia ser utilizada para predizer 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 de cinco vagens com a produtividade foi de (0,4), no entanto, o efeito indireto via peso de cinco vagens e do número grão de vargem 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. Chama atenção o efeito direto (-0,32) do peso de 100 grãos sobre a produtividade o que é compensado pelo efeito indireto positivo (0,62) através do número de grãos por vargem. 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.

Agradecimentos: FAPERJ; UENF.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ANÁLISE DE TRILHA PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERESSE ECONÔMICO EM HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO

José Maurílio Moreira de Figueiredo Júnior[1*]; Isadora Cristina Martins Oliveira[2]; Rafael Augusto da Costa Parrella[3]; Robert Eugene Schaffert[3]; Ana Cristina Costa Neves[3]; Gabriela Diniz Amorim[1]; Thamara Teixeira Leandro[1]

[1]Universidade Federal de São João del-Rei - Sete Lagoas-MG/Brasil. [2]Universidade Federal de Viçosa - Viçosa-MG/Brasil. [3]Embrapa Milho e Sorgo - Sete Lagoas-MG/Brasil.

*jmmfjunior@gmail.com

Palavras-chave: Biomassa; biocombustível; etanol; correlação.

O sorgo sacarino vêm se destacando no mercado dos biocombustíveis devido à alta produção de biomassa de qualidade e presença de alto teor de açúcares no colmo. Além disso, é resistente a longos períodos de veranico, e possui ciclo curto (média de quatro meses), sendo uma alternativa para as usinas produtoras de álcool no período de entre safra da cana-de-açúcar. O programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo buscam híbridos promissores, que apresentem características favoráveis à produção de etanol. Com isso, a análise de trilha é uma ferramenta útil, pois possibilita compreender as correlações e os efeitos diretos e indiretos presentes entre as variáveis. Neste contexto, o objetivo desse trabalho foi estimar correlações diretas e indiretas entre características ligadas à produção de etanol em sorgo sacarino, através da análise de trilha. O experimento foi conduzido em Sete Lagoas/MG, no ano agrícola de 2018/2019, e foi disposto em blocos casualizados, com três repetições e quatro épocas de colheita. Foram avaliados três híbridos experimentais e o híbrido comercial BRS716. Avaliou-se: dias para o florescimento (Flor); altura de plantas (Alt); produção de massa verde (PMV); sólidos solúveis totais (Brix); extração de caldo (Ext%); porcentagem de fibra (Fibra); tonelada de brix por hectare (TBH) porcentagem de sacarose no caldo (POL(S)); porcentagem de sacarose no colmo (PolC); açúcares totais recuperáveis (ATR); açucares redutores totais (ART%); litros de álcool por tonelada (ÁlcHid) e litros de álcool por hectare (Álcool). As análises de variância, e a análise de trilha foram realizados com o auxílio do programa computacional "GENES" (CRUZ, 2013). Pela análise de variância, os tratamentos apresentaram diferença estatística e herdabilidade acima de 86%, para todas as características. Adotou-se a variável Álcool como variável básica e as demais como secundárias, no qual observou-se correlações altas e positivas (>0,65) entre todas as características e Álcool, exceto Flor, Alt e Fibra, que apresentaram correlações negativas com a variável principal. A maior correlação foi com o TBH (0,99), porém, na análise de trilha o efeito direto foi de apenas 0,37, podendo-se observar efeito indireto de PMV, Ext%, Brix e Pol(C) acima de 0,20. Já para a variável PMV a correlação foi de 0,66, porém na análise de trilha o efeito direto foi de 0,35, e Flor, Alt, Ext%, Brix, Pol(C), ATR, ART(%) e TBH apresentaram efeito indireto positivo sobre essa variável. Sendo assim, a análise de trilha pode ser utilizada para seleção indireta da característica produção de Álcool, através de variáveis de mais fácil mensuração, como TBH e PMV, promovendo avanços nos programas de melhoramento de sorgo sacarino.

Agradecimentos: CNPq, Embrapa Milho e Sorgo, BNDS

ANÁLISES DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO POR MÉTODOS MULTIVARIADOS

Anderson Monteiro Caires[1] **e João Batista Duarte**[2]

[1]Innovative Seed Solutions; [2]Universidade Federal de Goiás, Goiânia

Palavras-chave: Sorghum bicolor; estabilidade e adaptabilidade.

A influência da interação de genótipos com ambientes (GxA) sobre a recomendação de híbridos de sorgo é bastante expressiva, fazendo com que os testes de novos híbridos devam ser realizados em ampla gama de ambientes, buscando-se estratégias para atenuar os seus efeitos. Os estudos de adaptabilidade e estabilidade fenotípica representam uma destas estratégias, em que se busca capitalizar os efeitos positivos da interação GxA, via recomendação de cultivares com adaptabilidade específica ou explorando genótipos de comportamento previsível (ou estável) ao longo dos ambientes característicos da região alvo de recomendação. Tais genótipos, mesmo que não atinjam os máximos tetos produtivos, são capazes de alcançar produtividades satisfatárias em boa parte desses ambientes. O presente estudo teve como objetivo identificar genótipos potenciais de sorgo para recomendação na região Centro-Sul do Brasil, por meio de avaliação da adaptabilidade e estabilidade no rendimento de grãos. A rede de ensaios utilizada envolveu 31 híbridos simples, testados em nove localidades desta região, na "safrinha" de 2016. O delineamento experimental de cada ensaio foi blocos completos casualizados com duas repetições. As parcelas foram constituídas por quatro fileiras de plantas, com 5,0 m e espaçadas 0,50 m entre si. As análises de interação GxA foram realizados por meio das técnicas multivariadas AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction*), GGE Biplot e Análise de Fatores (AF). Fale aqui da magnitude e da significância da variação associada à interação GxA, em relação aos efeitos genotípicos (G) e ambientais (A); Pelas análises AMMI e GGE, o híbrido BMX 4 destacou-se como o mais estável, tendo conciliado estabilidade e alta produtividade média de grãos. Mostra-se, portanto, com bom potencial para cultivo na região Centro-Sul do Brasil. O genótipo SOR03 foi considerado instável, pois contribuiu mais para a interação GxA; não sendo, assim, recomendado. O híbrido S14J075D foi identificado como "genótipo ideal" pela abordagem GGE Biplot, tendo mostrado alto potencial de recomendação; pois, também conciliou estabilidade e alta produtividade de grãos. As análises AMMI e GGE foram concordantes na identificação dos genótipos mais e menos estáveis, enquanto AF mostrou resultados divergentes. As razões disso devem ser mais investigadas em estudos futuros de simulação.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ASSOCIAÇÃO ENTRE O ESCURECIMENTO DOS GRÃOS E REAÇÃO À MURCHA-DE-FUSÁRIO EM FEIJÃO CARIOCA

Ludivina Lima Rodrigues[1*]; Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres[1]; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza[2]; Leonardo Cunha Melo[2]; Helton Santos Pereira[2,3]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. [3]Orientador.

*ludivina_rodrigues@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*; correlação.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do tipo comercial carioca é o mais aceito pelo mercado consumidor brasileiro, estando disseminado em todas as regiões produtoras do Brasil. Embora existam genótipos que apresentem escurecimento lento dos grãos ou resistência à murcha-de-fusário, ainda não estão disponíveis linhagens que reúnam esses dois fenótipos. Além disso, não se têm relatos da existência de relação genética entre esses dois caracteres. Portanto, o objetivo desse trabalho foi verificar se existe relação genética entre o escurecimento dos grãos e a reação à murcha-de-fusário (patógeno). Foram avaliadas 55 linhagens obtidas a partir do cruzamento entre BRSMG Madrepérola (escurecimento lento dos grãos e suscetível a murcha-de-fusário) e BRS Notável (escurecimento normal dos grãos e resistente a murcha-de-fusário), junto com oito testemunhas. Foi constatada por meio de marcadores moleculares a segregação esperada em uma amostra aleatória de linhagens (segregação 1:1). As 55 linhagens, junto com os dois genitores e mais seis testemunhas foram avaliadas em campo, em látice triplo 8 x 8, com parcelas de uma linha de três metros, em campo naturalmente infectado, no qual existe alta infestação do patógeno, na safra de inverno, em 2016, 2017 e 2018, em Santo Antônio de Goiás. A avaliação da reação a murcha-de-fusário foi realizada por meio de escala de notas variando de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível). As linhagens e testemunhas foram armazenadas e avaliadas quanto ao escurecimento dos grãos, aos 90 dias pós-colheita, por meio de escala de notas variando de 1 (grãos que não escurecem) a 5 (grãos que escurecem em velocidade normal). Foram realizadas análises de variância, calculadas as estimativas de correlações fenotípicas de Pearson e o índice de coincidência, entre o escurecimento do grão e a reação à murcha-de-fusário. Observaram-se diferenças significativas entre as linhagens e entre as testemunhas, nas análises individuais e nas conjuntas, indicando a existência de variabilidade entre as linhagens. A interação entre as linhagens e os ambientes foi significativa, indicando que as linhagens apresentaram comportamento diferente entre os anos, devido à diferença nas condições climáticas ou pela ocorrência de distintas raças do patógeno. A estimativa de correlação foi significativa (-0,50*) e baixa, indicando que linhagens com escurecimento lento dos grãos são mais suscetíveis à murcha-de-fusário. O índice de coincidência entre o escurecimento lento dos grãos e a resistência à murcha-de-fusário foi de 6%. Apenas uma das 22 linhagens que apresentaram escurecimento lento (nota menor que 3,0) apresentou resistência à murcha de fusário (nota menor que 4,8). Entre as três testemunhas que apresentaram escurecimento lento, a CNFC 15826 também apresentou resistência à murcha-de-fusário (nota = 2,9), indicando que essa linhagem deve ser utilizada para estudos genéticos e em cruzamentos visando à obtenção de populações superiores.

Agradecimentos: Fapeg, CNPq e Embrapa.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Avaliação da resposta à brusone em germoplasma japônica tropical de arroz

Alessandra Gonçalves Ribeiro[1]; Raquel Neves de Mello[2]; Tereza Cristina de Oliveira Borba[2]; Alexandre Siqueira Guedes Coelho[1].

[1]Universidade Federal de Goiás . [2]Embrapa Arroz e Feijão.

*alessandra-ribeiro@live.com

Palavras-chave: *Magnaporthe oryzae*; *Oryza sativa L.*

A brusone (agente causal - *Magnaporthe oryzae*) é considerada a doença mais importante para a cultura do arroz no mundo. Devido à alta variabilidade das populações do patógeno, cultivares que possuem resistência vertical deixam de ser efetivas apenas 2 a 3 anos após seu lançamento. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi identificar potenciais fontes de resistência horizontal à *M. oryzae* para uso pelo programa de melhoramento de arroz da Embrapa. Os experimentos foram realizados nas safras de 2016/2017 e 2017/2018 na Embrapa Arroz e Feijão. Foram avaliados 229 acessos japônica tropical componentes do painel de diversidade desenvolvido pelo IRRI (*International Rice Research Institute*) para o projeto PRAY (*Phenomics of Rice Adaptation and Yield Potential*). Cada acesso foi considerado um tratamento. As avaliações foram realizadas nas condições naturais de infecção no campo em experimentos com delineamento de blocos ao acaso com três repetições. A severidade da doença foi avaliada através de uma escala visual de notas de 0 a 9 (com "0" representando ausência de sintomas e "9" morte foliar). As estatísticas individuais de cada ano foram geradas por meio do software de análises R. A safra 2016/2017 apresentou valores médios para a severidade da doença de 4,06 (± 1,61) e coeficiente de variação de 39,8%. Na análise de variância desse ano obteve-se resultado significativo para tratamentos (p=0,0051). Já a safra 2017/2018 apresentou valores médios para a severidade da doença de 6,51 (± 1,63) e coeficiente de variação de 25,2%. A análise de variância desse ano também forneceu resultados significativos para os efeitos de tratamentos (p<0,0001). Na safra 2016/17, somente 38,0% dos acessos apresentaram nota menor ou igual a três, sendo consideradas resistentes. Nesse ano, a amplitude de notas foi de 0 a 8. Na safra 2017/18, a severidade da doença foi maior e 3,5% dos acessos apresentaram nota menor ou igual a três, com uma amplitude de notas de 2 a 9. Quatro genótipos destacaram-se por apresentarem as menores notas nas duas safras, constituindo-se em potenciais fontes de resistência horizontal: a cultivar brasileira BRSGO Serra Dourada (Embrapa/Emater-GO/UFG) e os acessos IRAT 257, IRGC 116974-1 e IR70758-17-2-1 (IRRI). Historicamente, o programa de melhoramento de arroz da Embrapa tem avaliado e selecionado genótipos com resistência à brusone por quatro décadas tanto a campo quanto em condições controladas, logo a incorporação de novas fontes de resistência ao germoplasma do programa de melhoramento de arroz da Embrapa auxiliará no desenvolvimento de novas cultivares.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI EM CONDIÇÕES DE ESTRESSE SALINO

Vanessa Silva Romanoski[1*]; Adérico Júnior Badaró Pimentel[1]; Paulo Roberto de Moura Souza-Filho[1]

[1]Universidade Federal do Oeste da Bahia.

*vanessaromanoskiagronomia@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento genético; estresse abiótico; variabilidade genética.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) é amplamente cultivado no Nordeste brasileiro e destaca-se pela sua importância econômica e social. Não obstante, a produtividade média de grãos é baixa. Contribui para isso a ocorrência de estresse salino em algumas áreas de cultivo. Os efeitos desse estresse podem ser mitigados com a adoção de variedades tolerantes. Objetivou-se com este trabalho avaliar o efeito do estresse salino sobre a cultura do feijão-caupi, no estádio de germinação, e a reação de 11 genótipos a esse estresse. O ensaio foi instalado em esquema fatorial 11x5, sendo 11 genótipos (BRS Aracê, BRS Xiquexique, BRS Marataoã, BRS Cauamé, BRS Tumucumaque, BRS Guariba, BRS Pajeú, BRS Itaim, BRS Novaera, Sempre Verde e Pingo-de-ouro) e cinco níveis de estresse salino, induzidos por solução de NaCl, nas concentrações de 0, 30, 60, 90, 120 mM. Os tratamentos foram dispostos em Delineamento em Blocos Casualizados, com três repetições. A parcela foi constituída por um recipiente de plástico com capacidade para 170 mL, onde foram acondicionadas 12 sementes entre discos de papel filtro. Em cada recipiente foram adicionados 7 mL de água destilada (controle) ou solução de NaCl na concentração específica para cada tratamento e em seguida acondicionado em câmara de germinação tipo B.O.D., a 25 ºC. Nos cinco primeiros dias após a semeadura foi avaliado o número de sementes germinadas, em intervalos de 12 horas. Com esses dados realizou-se a análise de Tempo para o Evento (*Survival Analysis*), que avalia o efeito do tratamento sobre o tempo para o desenvolvimento da germinação. Para tal, foi utilizado o pacote "*survival*" (2.39-5) e "*multicomp*" (1.4-6) do programa R (3.3.2). No quinto dia após a semeadura foi mensurado o Comprimento do Eixo Hipocótilo-radícula e em seguida a análise de variância e agrupamento de médias utilizando o programa Genes. Os genótipos que não apresentaram variação significativa no tempo de germinação em função dos níveis de salinidade foram: BRS Guariba ($p = 0,36$), BRS Itaim ($p = 0,39$), BRS Marataoã ($p = 0,25$), BRS Novaera ($p = 0,66$), BRS Tumucumaque ($p = 0,29$), Sempre Verde ($p = 0,45$) e BRS Xiquexique ($p = 0,32$). Para o Comprimento do Eixo Hipocótilo-radícula verificou-se efeito significativo ($p < 0,05$) para a Interação Genótipos x Níveis de Estresse. O melhor desempenho foi obtido pela cultivar BRS Itaim. Esta manteve o comprimento estatisticamente semelhante ao controle até o nível de estresse de 90 mM de NaCl. Por outro lado, as cultivares BRS Marataoã, BRS Cauamé e BRS Novaera foram sensíveis ao menor nível de estresse (30 mM de NaCl), diferindo significativamente do controle. O estresse salino reduz a germinação de sementes e o Comprimento do Eixo Hipocótilo-radícula do feijão-caupi. O genótipo BRS Itaim destaca-se quanto à tolerância à salinidade.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO BRANCO DESTINADOS À ALIMENTAÇÃO HUMANA

Cinthia Souza Rodrigues[1]*; Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani[1]; Sara Regina Silvestrin Rovaris[1]; Eduardo Sawazaki[1], Paulo Boller Gallo[2], Carlos Alberto Scapim[3], Antônio Krenski[3], Renan Uhdre[3].

[1]Instituto Agronômico, [2]UPD/Mococa, [3]Universidade Estadual de Maringá

*cinthia.rodrigues@iac.sp.gov.br

Palavras-chave: milho especial, híbridos intervarietais, canjica.

Os milhos destinados a alimentação humana, como o milho pipoca, o milho verde e o milho branco são denominados de milho especial, e representam um nicho específico de mercado que é tido como uma alternativa de lucro para o agricultor, por apresentar valor comercial superior ao milho comercializado na forma de grãos. Apesar da importância, a disponibilidade de cultivares recomendadas de milho branco ainda é muito escassa. O melhoramento do milho branco visa, além da produtividade de grãos, maior rendimento em canjica. Devido ao processo de obtenção de canjica por via seca ser o mais utilizado, a obtenção de híbridos que apresentem grãos duros é mais desejada, pois esses tipos de grãos têm maior rendimento e qualidade de canjica. Nesse contexto, o objetivo com este trabalho foi avaliar híbridos intervarietais de milho branco e identificar os que apresentassem grãos tipo duro e alta produtividade de grãos para serem destinados à alimentação humana. Foram avaliados 40 híbridos intervarietais, resultantes do cruzamento de progênies S_1 com a variedade Murano e duas testemunhas comerciais, IAC 8019 e IPR 127. Os experimentos foram realizados em Iguatemi e Campo Mourão/PR da Universidade Estadual de Maringá e em Mococa/SP, Unidade de Pesquisa e Desenvolvimento do Instituto Agronômico, na safra 2018/2019. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com 3 repetições e parcelas constituídas de 2 linhas de 5 metros, avaliando-se a produtividade de grãos e classificando o tipo de grãos. Foi realizada a análise de variância conjunta e o teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade foi utilizado para agrupamento de médias. O efeito dos híbridos intervarietais e do ambiente foi significativo. Os efeitos da interação híbridos intervarientais x ambientes (GxE) também foram significativos ($p < 0,05$), indicando não haver comportamento coincidente dos híbridos diante da variação ambiental. Destacaram-se híbridos com elevada produtividade de grãos, mas por serem classificados como dentados foram considerados inadequados para a produção de canjica. Apenas 20 por cento dos híbridos avaliados apresentaram grãos do tipo duro, destacando-se HI 8, HI 16, HI 5, HI 38 e HI 35, que obtiveram produtividade de grãos variando de 6589 a 4087 $kg.ha^{-1}$, com desempenho superior a das testemunhas comerciais. Conclui-se que os híbridos HI 8 e HI16 por apresentarem alta produtividade e serem classificados como grãos duros podem ser indicados como cultivares comerciais promissores para alimentação humana.

Agradecimentos: CAPES

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI EM MANAUS – AM

Inocencio Junior de Oliveira[1*]; Kaesel Jackson Damasceno e Silva[2]; Maurisrael de Moura Rocha[2]

[1]Embrapa Amazônia Ocidental. [2]Embrapa Meio-Norte.

inocencio.oliveira@embrapa.br

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* L.; seleção; ganho genético.

O feijão-caupi tem grande importância, tanto como alimento quanto como gerador de emprego e renda. É rico em proteína, minerais e fibras e constitui um componente alimentar básico das populações rurais e urbanas das regiões Norte e Nordeste, porém, ainda apresenta baixa produtividade no Amazonas (925 kg ha^{-1}) e, dentre as principais causas, é apontada a utilização de baixo nível tecnológico na atividade associado ao uso de cultivares tradicionais com baixo potencial produtivo. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agronômico de linhagens de feijão-caupi para o cultivo em terra firme de Manaus – AM. O experimento foi conduzido no Campo Experimental km 30 da Embrapa Amazônia Ocidental, numa área de terra firme com Latossolo Amarelo distrófico muito argiloso. O delineamento experimental foi látice simples 10 x 10 com duas repetições, sendo os tratamentos compostos por quatro cultivares testemunhas (BRS Tumucumaque, BRS Pajeú, BRS Inhuma e Pingo de Ouro 1-2) e 96 linhagens do programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa. A semeadura foi realizada em Junho de 2017 e a colheita em Agosto de 2017. As variáveis avaliadas foram: florescimento (dias), comprimento de vagens (cm), número de grãos por vagem, peso de 100 grãos (g) e produtividade de grãos (kg ha^{-1}). Para a análise estatística foi utilizado o programa estatístico Genes onde foi realizada análise de variância e teste de comparação de médias pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade e foi calculado o índice de seleção baseado em soma de postos ou *ranks* proposto por Mulamba e Mock e a classificação da variável florescimento foi realizada a partir dos menores valores e as demais variáveis foram classificadas a partir dos maiores valores. A partir dos resultados das variáveis avaliadas nos 100 genótipos foi realizado uma intensidade de seleção de 25% e as linhagens apresentaram variabilidade genética, pois o agrupamento, segundo o teste de Scott-Knott, foi composto por 3 grupos para a variável florescimento, 2 grupos para comprimento de vagens, 2 grupos para número de grãos por vagem e 2 grupos para produtividade de grãos, enquanto o peso de 100 grãos não apresentou variabilidade genética, pois foi composto por apenas 1 grupo, ou seja, não houve diferença estatística a 5% de probabilidade. Em relação à produtividade de grãos, a média geral e média dos genótipos selecionados foi de 1.827,69 kg ha^{-1} e 2.155,29 kg ha^{-1} respectivamente, indicando um ganho de seleção de 9,48% e essa variável foi responsável por 68,2% do ganho de seleção total. A produtividade média de feijão-caupi do Amazonas é de 925 kg ha^{-1}, assim, pode-se afirmar que com a escolha de um genótipo adaptado a região é possível a obtenção de maiores produtividades no Estado. Dos 25 genótipos selecionados, 24 são linhagens e somente uma cultivar, a BRS Pajeú (na posição 24 do rank), isso mostra o progresso genético no programa de melhoramento e potencial genético das linhagens de feijão-caupi.

Agradecemos ao técnico agropecuário João Batista Sales de Sousa e ao programa de melhoramento genético de feijão-caupi da Embrapa Meio-Norte.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO PARA TOLERÂNCIA À SECA

João Guilherme Ribeiro Gonçalves[1]; Sérgio Augusto Morais Carbonell[2*]; Alisson Fernando Chiorato[2]; Daiana Alves da Silva[1]; Sara Regina Silvestrin Rovaris[1]; Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas (IAC); [2]Pesquisador do Centro de Grãos e Fibras (IAC)

*jgrgonalves@yahoo.com.br

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; produtividade de grãos; restrição hídrica; linhagens avançadas

A restrição hídrica é um dos principais redutores da produtividade de grãos do feijoeiro comum. Os prejuízos que podem ocorrer são dependentes da severidade e duração da restrição, fase de desenvolvimento da cultura e do genótipo. Sendo assim, o objetivo do estudo foi avaliar linhagens promissoras de programas de melhoramento nacionais, de tegumento carioca e preto, com aplicação de déficit hídrico a partir do pré-florescimento e, nesta condição estressante, selecionar genitores com traços para tolerância à seca. Desta forma, foram avaliadas treze linhagens avançadas: FAP-F3-2, Pr 10-3-2/7, 41/35-3-2/2, 49/61-1/2, Pr 10-4-4/23, 87/73-5-3/1, 14/20-5-3-2/1, LP 09-181, LP 09-40, FT 08-75, FT 08-47, CNFP 10794 e CHC 98-42 e duas cultivares testemunhas: SEA 5 e IAC Alvorada, utilizando delineamento experimental de blocos casualizados, com parcelas subdivididas e três repetições. As parcelas constaram de dois tratamentos hídricos (irrigado e déficit hídrico terminal), com monitoramento do potencial matricial do solo realizado a partir de sensores instalados em alguns pontos do experimento e, as subparcelas, constituídas pelas linhagens. Pelos resultados obtidos, pôde-se constatar variabilidade genética entre as linhagens utilizadas para as duas características avaliadas, massa de mil grãos e produtividade. Houve efeito significativo para tratamentos hídricos, com reduções de 21% e 58% para massa de mil grãos e produtividade, com aplicação do déficit hídrico terminal. As linhagens 49/61-1/2, 41/35-3-2/2, Pr10-3-2/7, 14/20-5-3-2/1, 87/73-5-3/1, LP 09-40 e CNFP 10794 apresentaram médias superiores de produtividade nos dois tratamentos hídricos aplicados, inclusive com relação as duas cultivares testemunhas. As linhagens LP 09-40, CNFP 10794 e 41/35-3-2/2 foram as que mais se destacaram para produtividade de grãos no tratamento sob déficit hídrico. Para massa de mil grãos, os maiores valores médios sob déficit hídrico foram apresentados por FAP-F3-2, 14/205-3-1/2, 41/35-3-2/2, CNFP 10794, FT 08-75 e 49/61-1/2. Sendo assim, as linhagens 41/35-3-2/2, 49/61-1/2 e CNFP 10794 podem ser utilizadas em programas de melhoramento visando a tolerância à seca.

Agradecimentos: Á CAPES e FAPESP pelo apoio financeiro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE LINHAGENS ELITE DE SOJA DA ESALQ/USP VISANDO DETERMINAÇÃO DO VALOR DE CULTIVO E USO EM DIFERENTES MANEJOS

André Augusto Stella[1*]; Emanoel Sanches Martin[1]; Maiara de Oliveira[1]; Patricia Braga[1]; Bruna Marques Moreno[1]; Gyanlucca Massaru Martins[1]; José Baldin Pinheiro[1].

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP).

*andre.augusto.stella@usp.br.

Palavras-chave: VCU; Resistência a insetos, Resistência a ferrugem.

Com o objetivo de avaliar as linhagens superiores do programa de melhoramento genético de soja da ESALQ/USP experimentos finais foram conduzidos para tal fim. Foram adotados três diferentes manejos, sendo estes: VCC (controle de insetos e doenças), VCP (controle de doenças e infestação natural de percevejos) e VCF (controle de percevejos e infestação de doenças). O manejo VCC será considerado como ensaio VCU visando o registro de cultivares junto ao MAPA. O experimento VCP foi semeado em 05/12/2018, já o VCC e VCF em 10/12/2018, todos na estação experimental da ESALQ/USP, localizada em Anhumas/SP. Para avaliar 24 linhagens e 7 testemunhas (NS7300, PRODUZA, AS3730, BRS511, BRS388, IAC100 e CD215) utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com 4 repetições. A unidade experimental foi constituída de 4 linhas de 5 metros, com 0,5 metros entre linhas, com uma densidade de semeadura de 18 sementes por metro. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura da planta na maturidade (APM), número de dias para a maturidade (NDM), produtividade de grãos (PG) e peso de cem sementes (PCS). Para avaliar a correlação entre os manejos foi utilizada a correlação de Spearman. Observou-se que o coeficiente de correlação foi de 0.5286, significativo a 5%, entre o VCC e o VCF, o que demonstra que parte das linhagens avaliadas possuem desempenho semelhante quando estão em condições ótimas e em ambiente com incidência de doença, atestando que há linhagens que apresentam boa tolerância aos patógenos. Para o VCC e VCP o coeficiente de correlação obtido foi de 0.28911, não significativo a 5%. Tal valor indica que a maior parte das linhagens que apresentaram desempenhos elevados em ambiente com condição ótima não apresentaram boa produtividade em locais com a presença de percevejos. Com base na análise de Scott-Knott foi possível concluir que as linhagens LQ-73, LQ-173 e LQ-216 apresentaram alto desempenho, em relação a produtividade, nos manejos VCC e VCF, porém tiveram um decréscimo no VCP, podendo assim afirmam que essas linhagens possuem alto desempenho quando colocadas em ambiente onde são realizados manejos fitossanitários e também apresentam uma maior tolerância à ferrugem asiática da soja, contudo não apresentam tolerância ao ataque de percevejos. As linhagens LQ-8, K-7, R-72 e R-149 obtiveram um alto desempenho no manejo VCP, demonstrando tolerância ao dano provocado pelos percevejos sugadores.

Agradecimentos: ESALQ/USP, CAPES.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO QUANTO AO PESO DE ESPIGAS DESPALHADAS

Brena Kelly da Silva Almeida[1*]; João Candido de Souza[2]; Paula Mikaely Henrique Vieira[3]; Hilda Barbosa Gloria[3]; Marco Túlio Pacheco[4]

[1,3]Universidade Federal de Lavras (UFLA), Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; [2]UFLA, Professor Titular; [4]UFLA, Graduação em Agronomia.

*brenakelly1993@gmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; produtividade; ganho genético.

A cultura do milho tem grande importância econômica e social. O Brasil é o terceiro maior produtor e segundo maior exportador mundial. Estima-se que mais de 70% do consumo desse cereal é destinado a alimentação animal, que é um setor sensível aos aumentos de custos na produção desse cereal. Sendo assim, vale salientar a importância da realização de programas de melhoramento que visem obter cultivares produtivas. O objetivo com esse trabalho, foi avaliar progênies endogâmicas de milho quanto ao peso de espigas despalhadas (PED), estimar os parâmetros genéticos e ganhos com a seleção. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da UFLA, em Lavras – MG, no ano agrícola 2017/2018. Foram avaliadas 62 progênies na geração $S_{0:1}$ e mais duas testemunhas, em látice triplo 8x8 quanto ao PED. As parcelas constituídas por uma linha de três metros de comprimento com espaçamento de 0,60m entre linhas e 0,25m entre plantas. Os dados foram submetidos a análise de variância e foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos associadas as progênies. O parâmetro utilizado para avaliação da precisão e qualidade experimental foi a acurácia seletiva, sua estimativa foi de 89,28%, indicando uma boa precisão experimental. Quanto a herdabilidade que é uma medida relacionada a proporção da variância genética presente na variância fenotípica, foi de boa magnitude (79,71%) e representa um dos melhores parâmetros para se fazer inferência sobre o sucesso do melhoramento genético. A partir da Análise de variância, verificou-se que o caráter PED, apresentou diferenças significativas a 1% de probabilidade. A existência de variação para esse caráter permite inferir que é possível realizar a seleção de progênies com maior PED e obter ganho genético. A média das progênies foi de 1.51 kg/parcela. A partir da realização de simulações com diferentes intensidades seleção (IS), contendo valores de 5% (três progênies selecionadas) a 30% (19 progênies selecionadas), foi possível verifica que com IS de 5% o ganho esperado com a seleção (GS) foi de 1,001 kg/parcela, o ganho percentual (%GS) de 66,47%, a média dos selecionados (M_s) e média esperada da população melhorada (M_m) foram de 2,76 e 2.51 kg/parcela, respectivamente. Com IS de 30% o GS foi de 0,51 kg/parcela, o %GS de 33,64%, a M_s e M_m foram de 2.14 e 2.01 kg/parcela, respectivamente. Dessa forma, verifica-se que a existência de variação para o caráter PED, associada com uma boa herdabilidade são muito importantes para obter ganhos com a seleção e também é possível visualizar que a eficiência de seleção pode ser incrementada pela a IS usada, entretanto vale salientar que a IS deve ser utilizada com cuidado, para não exauri a variabilidade genética que e essencial para o sucesso nos ciclos subsequente do programa de melhoramento.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPEMIG e UFLA

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DA GERAÇÃO F_2 DE FEIJÃO-FAVA

Ana Carolina Holanda Nunes1; Raimunda Vieira de Pinho1*; Maria de Fátima Brito Vieira1; Kenne Warley dos Santos Rocha1; Verônica Brito da Silva1; Leonardo Castelo Branco Carvalho1;Clemilton da Silva Ferreira2, Regina Lucia Ferreira Gomes, Ângela Celis de Almeida Lopes1

[1]Universidade Federal do Piauí. [2]Instituto Federal do Ceará.

*raimundinha.p@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus,* melhoramento genético, seleção.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) tem se mostrado uma importante alternativa de alimentação e renda para as populações mais carentes na região Nordeste do Brasil. Entretanto, vários fatores, dentre eles, a falta de cultivares têm contribuído para o baixo rendimento da cultura. A variabilidade genética é importante para o melhoramento vegetal, podendo ser ampliada por meio de cruzamentos biparentais e estimada no avanço de geração e populações segregantes. O melhorista deve atuar em populações que possuam média alta para o caráter associada a grande variabilidade genética. Diante do exposto, objetivou-se testar o desempenho agronômico da população F_2 de híbridos oriundos de cruzamentos biparentais de *Phaseolus lunatus* desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí. O experimento foi instalado em dois locais em anos diferentes, o primeiro foi realizado em Tianguá-CE em agosto de 2017 na casa de vegetação do Instituto Federal do Ceará, Campus Tianguá. Enquanto o segundo realizado em fevereiro de 2018, em casa de vegetação no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, em Teresina – PI. Os 16 híbridos foram avaliados em telado no espaçamento 0,8 x 0,7m, utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado em ambos experimentos, houve variação de número de indivíduos para cada híbrido. Foram feitas anovas e teste de média Scott-knott com base nos caracteres quantitativos: largura de vagem (LARGV), comprimento de vagem (COMPV), número de locus por vagem (LCV) e número de semente por vagem (NSV), baseados no *Biodiversity International*. Na anova o efeito de genótipos foi significativo para todos os caracteres considerados, indicando diferenças entre as combinações híbridas avaliadas. No entanto, não foram verificadas diferenças dentro de híbridos (ou seja, entre plantas F_2 oriundas de um mesmo cruzamento). Não foram observados efeitos significativos da interação genótipo x local, exceto para o caráter LCV. Portanto, um genótipo com maior média para a característica em um ambiente tende a manter patamares similares nos demais ambientes. Nos testes de média para LARGV e COMPV os híbridos H81 e H20 foram os melhores, respectivamente. Para o carácter LCV os híbridos H50, H68, H72, H46 e H45 obtiveram os maiores resultados, enquanto que NSV, os híbridos H72 e o H68 se destacaram. Diante dos dados obtidos foi possível observar que os híbridos que obtiveram maiores valores para as características número de semente e número de locus por vagem são interessantes para a seleção visto que isso afetará diretamente na produção.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, IFCE, UFPI

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO E ÍNDICES DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO EM SANTA CATARINA

Sydney Antonio Frehner Kavalco*[1]; Waldir Nicknich[1]; Gilcimar Adriano Vogt [2]; Jack Eliseu Crispim[3]; Joao Vieira Neto [4]; Círio Parizotto[5].

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – Epagri, Centro de Pesquisa para a Agricultura Familiar – Cepaf, Chapecó, Santa Catarina, Brasil. [2]Epagri, Estação Experimental de Canoinhas – EECAN, Canoinhas - SC. [3]Epagri, Estação Experimental de Urussanga – EEURU, Urussanga – SC, [4]Epagri, Estação Experimental de Ituporanga – EEITU, Ituporanga - SC, [5]Epagri, Estação Experimental de Campos Novos – EECN, Campos Novos - SC.

*sydneykavalco@epagri.sc.gov.br

Palavras-chave: Ensaios de competição; indicação de cultivo; *Phaseolus Vulgaris sp.*

O feijão apresenta a terceira maior área semeada entre grãos no Brasil, com mais de 3 milhões de hectares cultivados. A região Sul é responsável por mais de 40% da produção total e mais de 96% da produção de feijão preto no país. Santa Catarina cultiva aproximadamente 80 mil ha de feijão, sendo o décimo segundo em área de cultivo e o sétimo em produção com mais de 136 mil toneladas produzidas por ano. O uso de cultivares melhor adaptadas e com estabilidade produtiva, possibilita uma maior produção de grãos na mesma área de cultivo, diminuindo os impactos no meio ambiente e aumentando o lucro com a cultura. O objetivo deste trabalho, foi avaliar as principais cultivares com recomendação de cultivo para Santa Catarina e calcular os índices de adaptabilidade e estabilidade para genótipos e ambientes. Os ensaios foram conduzidos nos períodos de "safra" e "safrinha" de 2016/2017 e 2017/2018, totalizando 17 diferentes ambientes de Santa Catarina. Nos ensaios o delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas com quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas a 0,45 m. Os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura, mas sem aplicação de fungicida via foliar. As análises estatísticas do rendimento de grãos foram realizadas com uso da ANOVA e pelo método de Annicchiarico para estimativas de adaptabilidade e estabilidade. Pela análise de variância, foi observado diferenças estatísticas significativas na interação genótipo x ambiente e então calculado os componentes principais, a matriz de interação genótipo x ambiente e os valores do parâmetro Da e do índice de estabilidade pelo programa R. Foi observada significância somente para os cinco primeiros componentes principais. Os resultados nos mostram que para o índice de Annicchiarico as cultivares que apresentaram superioridade a 110% da média geral do experimento foram SCS205 Riqueza, BRS Campeiro, BRS Esteio, IAC Imperador, Avaluna, BRS Ametista, SCS204 Predileto, ANFc09, BRS Esplendor e BRS Notável em ordem decrescente de valores, indicando que estes genótipos apresentam maior estabilidade e também adaptabilidade para cultivo em Santa Catarina. Pela análise do rendimento de grãos e o índice de seleção (SSI) as cultivares SCS205 Riqueza, BRS Campeiro, BRS Esteio, IAC Imperador, Avaluna, BRS Ametista e SCS204 Predileto foram superiores as demais corroborando com os resultados obtidos para o índice Da. Os ambientes que se mostraram favoráveis ao cultivo de feijão foram nas regiões de Canoinhas, Chapecó, Campos Novos e Ponte Serrada na safra e Canoinhas, Chapecó e Xanxerê na safrinha. As cultivares de maior estabilidade e adaptabilidade para o rendimento de grãos, indicadas para uso em Santa Catarina são SCS205 Riqueza, BRS Campeiro, BRS Esteio, IAC Imperador, Avaluna, BRS Ametista e SCS204 Predileto.

Agradecimentos: Fapesc, Epagri, equipe de campo e técnicos do CEPAF.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO TEMPORAL DE GENÓTIPOS ELITE DE CEVADA CERVEJEIRA NO CERRADO

Renato F Amabile[1]; Rodolfo D Thomé[2]; Ricardo M Sayd[3]; Sara K S Rocha[2]; Juaci V Malaquias[1]; Felipe Augusto A Brige[3]; Samara D R Ramos[1]; Francisco M S Delvico[1]; Pedro Ivo A Sala[1].

1Embrapa Cerrados – Planaltina-DF/Brasil. 2UnB – Universidade de Brasília. Campus Darcy Ribeiro, CEP: 70.910-900, Brasília – DF. [3]Professor do Centro Universitário ICESP Brasília-DF/Brasil.

renato.amabile@embrapa.br, dolfoagroplanufv@gmail.com, ricardo.sayd@icesp.edu.br, sarak.unb@gmail.com, juaci.malaquias@embrapa.br, felipebrige@gmail.com, diasrocharamoss@gmail.com, francisco.delvico@embrapa.br, pedroivo.sala@gmail.com

Palavras-chave: recursos genéticos; melhoramento genético; *Hordeum vulgare* L.

A cevada é a espécie que produz o malte com as características mais apropriadas à produção de cerveja. Visando obter genótipos superiores e adaptados às condições estudadas, a seleção de genótipos de alta capacidade produtiva e que aumentem a variabilidade existente na coleção de trabalho é fundamental. Objetivou-se avaliar 32 genótipos de cevada previamente selecionados com base na alta produtividade em sistema de produção irrigado no Cerrado. O experimento foi realizado nos anos de 2017 e 2018, na Fazenda Sucupira da Embrapa, no Distrito Federal, utilizando um delineamento experimental de Blocos ao Acaso com quatro repetições. Avaliou-se o rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, segunda e terceira, peso de mil sementes, altura de planta, acamamento e ciclo de espigamento. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. Em 2017 os genótipos MEX9113 e MEX9017 detiveram os maiores rendimentos de grãos, 13.340 e 13.138,25 kg ha-1 respectivamente. Quanto a Classificação de primeira, ambos estão no grupo de maior média e todos acima de 86%. Quanto à altura, cuja média neste ano foi de 88 cm, não teve diferença estatística. Em relação ao acamamento, apenas o CEV292 teve diferença estatística e apresentou o índice de maior acamamento. O MEX9017 apresentou o menor ciclo, 56 dias. Em 2018 o MEX9017 teve o maior rendimento, acompanhado pela BRS DEMETER e o MEX9133, tendo este a melhor classificação de grãos juntamente com o MEX9113. Os genótipos MEX9133, MEX9017 e MEX9113 apresentaram as menores alturas, com cerca de 80 cm. O acamamento não apresentou diferença estatística. Em relação ao ciclo, a cultivar BRS 180 foi a mais precoce e o mais tardio, o MEX9133. Os valores de F encontrados no trabalho variaram de 2,49 a 346,20, considerados adequados. Os coeficientes de variação ambiental (CVe) possuíram pequena magnitude, indicando alta precisão experimental, com exceção para acamamento de plantas que em 2017 foi de 284,72%. O CVg discriminou-se superiormente em relação ao CVe, excetuando-se a altura e o acamamento, em 2017. Da mesma forma, a variância genética quando comparada com a ambiental, com exceção apenas da altura, em 2017, sugerindo uma condição favorável à seleção fenotípica para a maioria desses caracteres. As estimativas da herdabilidade no sentido amplo, para os caracteres Rendimento, Classificação 1ª, PMS e Ciclo, registraram valores superiores a 90%, indicando uma correspondência preditiva entre o valor fenotípico e o valor genético. Nestes mesmos caracteres, a acurácia seletiva, é classificada como muito alta, enquanto acamamento e altura variam conforme o ano de baixa a alta. Conclui-se que há possibilidade de se incluir os genótipos de alto desempenho agronômico supracitados, incrementando o programa de melhoramento genético.

BRSMG Alterosa: Cultivar de Arroz para Plantio em Várzeas Mineiras

Plínio Soares1; Moizés Reis2; Vanda Cornélio2; Paula Torga3; Francisco Moura Filho3; Priscila Bassinello3; Aurinelza Condé2

1 EPAMIG/Sudeste. 2 EPAMIG/Sul. 3 Embrapa Arroz e Feijão. **(NÃO ESTA NA RELAÇAO)**

plinio@epamig.br

Palavras-chave: *Oryza sativa*; melhoramento arroz; cultivares

O processo de indicação de cultivares de arroz para plantios comerciais é contínuo e dinâmico, periodicamente recomendam-se novas cultivares em substituição àquelas menos produtivas e/ou com menor aceitação comercial. É dentro desta linha de ação que a EPAMIG e a Embrapa Arroz e Feijão, por meio do Programa de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado, testa a cada ano diversas linhagens e cultivares, em diferentes locais de Minas Gerais, visando oferecer as melhores opções aos orizicultores, no que tange à escolha de cultivares apropriadas às suas lavouras cultivadas em várzeas. Foram avaliadas 152 linhagens elites de arroz, quanto à produtividade de grãos e várias outras características, no período de 2004/2005 a 2015/2016. Em cada ano agrícola os ensaios VCU's foram conduzidos com 25 genótipos (linhagens e cultivares testemunhas), nos campos experimentais da EPAMIG de Leopoldina, de Lambari e de Nova Porteirinha. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por cinco fileiras de plantas de 5 m de comprimento, espaçadas de 30 cm (5 m x 1,5 m = 7,50 m2). A área útil considerada foi de 4 m centrais das três fileiras internas (4 m x 0,9 m = 3,60 m2). Em 21 ensaios VCU's realizados, a linha BRA 02691 destacou-se em produtividade de grãos, exibindo média ponderada de 6.544 kg/ha. Contrastando sua produtividade com as cinco cultivares testemunhas, verificou-se que a média da linhagem superou, estatisticamente, a média da cultivar Rubelita (5835 kg/ha). As médias de produtividade das demais testemunhas, Seleta, Rio Grande, Predileta, e Ourominas, não diferiram da média da BRA 02691. Em função do ótimo desempenho produtivo da linhagem BRA 02691, aliado ao bom comportamento quanto a resistência à doenças do arroz, resistência ao acamamento, boa qualidade culinária e industrial de grãos, foi possível lançar essa linhagem como nova cultivar de arroz irrigado, denominada BRSMG Alterosa. A cultivar enquadra-se no grupo moderno de planta, exibindo folhas eretas, alto perfilhamento, porte e ciclo médio (135 dias). Na análise de qualidade culinária dos grãos os resultados indicaram teor de amilose e temperatura de gelatinização intermediários, conferindo-lhe excelente 'qualidade de panela'. Seus grãos são translúcidos, soltos e macios após o cozimento, o que atende às exigências do mercado consumidor. Esta cultivar possui alto rendimento de grãos inteiros no beneficiamento (acima de 55%) e apresenta grãos da classe longo-finos (agulhinha), os mais valorizados no mercado brasileiro; e foi disponibilizada aos produtores mineiros em 2017. Ela constitui a 18a variedade de arroz de várzeas lançada pelo referido Programa de pesquisa. É recomendada para plantio comercial em todo o estado de Minas Gerais, em condições de irrigação por inundação contínua em várzeas.

Agradecimentos: Á FAPEMIG pelo apoio financeiro às pesquisas e concessão de Bolsas.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Ailton José Crispim Filho[1*]; Flávio Pereira dos Santos[1]; Nayana Valéria Costa[1]; Victor Rodrigo Carneiro Pinheiro[1]; Márcio Lisboa Guedes[1]; Marcela Pedroso Mendes Resende[1]

[1]Universidade Federal de Goiás.

*ailtonjcf@gmail.com

Palavras-chave: populações base; análise dialélica; potencial produtivo.

Uma estratégia para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de milho visando incrementos na produtividade de grãos é cruzar híbridos simples comercias para formação das populações base. A escolha dos híbridos cujos cruzamentos resultem nas melhores populações pode ser feita por meio da análise dialélica. O objetivo deste trabalho foi estimar as capacidades gerias e específicas de combinação (CGC e CEC) dos cruzamentos entre híbridos simples comercias de milho para produtividade de grãos, e identificar os mais promissores para formação de populações base. Onze híbridos simples comercias de alto potencial produtivo foram cruzados em esquema de dialelo parcial 6 x 5, em que o grupo I foi composto por seis híbridos com tipo de grão dentado (AS 1596 PRO3, BM 709 PRO2, BM 855 PRO2, SHS 7920 PRO, SHS 7990 PRO2 e RIBER 9110) e o grupo II por cinco híbridos com tipo de grão *flint* (30F53, LG3055 PRO3, HL 1480 PRO2, AS 1575 e LG6038 PRO2). Das 30 combinações possíveis, foram obtidas 25 combinações híbridas que foram avaliadas para peso de espigas (PE, kg parcela^{-1}) e produtividade de grãos (PG, kg ha^{-1}) na área experimental da Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, em delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Posteriormente, procedeu-se análise dialélica utilizando o método IV de Griffing. Houveram diferenças significativas para as estimativas de CGC para PE e PG nos dois grupos ($p < 0,05$), indicando que os híbridos se diferem quanto a frequência de alelos favoráveis para estes caracteres. Observaram-se estimativas de CEC significativa ($p < 0,05$) somente para PE. Os híbridos com maiores valores de CGC para PE e PG foram o BM 855 PRO2 do grupo I (PE: 0,447; PG: 1008,99) e o LG6038 PRO2 do grupo II (PE: 0,418; PG: 905,92), indicando que estes híbridos são superiores aos demais genitores dos seus grupos. Apesar de terem apresentado CEC não significativa ($p < 0,05$) para ambos caracteres, as demais estimativas de CGC e CEC indicam que essa combinação é a mais promissora, o que é confirmado pela média da produtividade do cruzamento. Portanto, os híbridos comerciais BM 855 PRO2 e LG6038 PRO2 tem potencial para a geração de populações base visando incremento de produtividade de grãos em milho.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPEG e UFG.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S3 DE MILHO EM CRUZAMENTOS *TOPCROSSES*

Willian dos Santos Junior[1]; Julio Cesar Conte[1]; Marcos Gabriel Abramoski[1]; João Pedro Rodrigues de Almeida[1]; Cristhofer Lechackoski[1]; Nathany Ribeiro Chiquito[2]; Francine Lautenchleger[3]; Marcos Ventura Faria[4*]

[1]Graduando, Agronomia, UNICENTRO; [2]Mestrado, Produção Vegetal, UNICENTRO; [3]Doutorando, Produção Vegetal, UNICENTRO; [4]Professor Associado, Departamento de Agronomia, UNICENTRO.

*juniormocelim@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; dialelo parcial; testador

Os *topcrosses* permitem a avaliação do mérito relativo de linhagens de milho em gerações iniciais de endogamia, em cruzamentos com testadores, possibilitando a seleção precoce das linhagens promissoras para a obtenção de novos híbridos. O objetivo com esse trabalho foi avaliar a aptidão agronômica de progênies S_3 de milho em cruzamentos *topcrosses* com testadores de base genética estreita. Foram avaliadas vinte e oito progênies S_3 em cruzamentos com a linhagens elite (LEM2 e LEM3) e o híbrido simples AG8025, formando o *topcross* 1 (TC1), *topcross* 2 (TC2) e *topcross* 3 (TC3), respectivamente. Os experimentos foram conduzidos na safra 2018/2019, no campus CEDETEG da UNICENTRO, em Guarapuava-PR. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por uma linha de 5m, com espaçamento de 0,5m entre linhas, com população equivalente a 72.000 plantas ha^{-1}. As características avaliadas foram altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento masculino (FM) e produtividade de grãos (PG - kg ha^{-1}). Foram obtidas estimativas dos componentes de variância e da herdabilidade no sentido amplo (h^2). Foi realizada a análise dialélica parcial (progênies vs. testadores). Para AP, AE e FM o TC2 (testador LEM3) proporcionou maiores estimativas da variância genética, enquanto que para a PG foi o TC3 (testador AG8025) que proporcionou maior discriminação da variabilidade entre as progênies. Houve efeito significativo da CGC dos testadores e das progênies, para todas as características. A CEC foi significativa para AP e AE. Para as características AP, AE e FM são desejáveis estimativas negativas da CGC, com intuito de reduzir o porte das plantas e ciclo. Considerando as estimativas negativas da CGC, duas vezes superiores ao desvio padrão, para a AP e AE se destacaram as progênies 42.1 e 111.2 e para FM a progênie 54.1. Para CGC da PG se destacam as progênies 2.1, 61.1, 193.1, e 251.1, cujas estimativas positivas foram supeiores a duas vezes o desvio padrão. Analisando a CEC dos *topcrosses* para AP e AE se destaca o TC1-111.2, cuja progênie apresentou CGC desejável. Para o FM o TC3-42.1 apresentou CEC com estimativas negativa e a progênie estimativas negativas de CGC. Para a PG o TC3-90.4 teve estimativas favoráveis da CEC da CGC da respectiva progênie. As progênies cujos *topcrosses* se destacaram para as características avaliadas deverão seguir no processo de endogamia no programa de melhoramento.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE PROGÊNIES S3 DE MILHO EM TOPCROSSES

Elida Auxiliadora Peralta Paiva[1]; [2]Vitor Seiti Sagae; [2]Willian dos Santos Junior; [2]Guilherme Lopes Alves; [3]Nathany Ribeiro Chiquito; [2]Diego de Paula; [4]Marcos Ventura Faria

[1]Doutoranda,Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR. [2]Graduando(a), Agronomia - UNICENTRO, Guarapuava-PR. [3]Mestranda, Produção Vegetal – UNICENTRO, Guarapuava-PR. [4]Professor Associado – Departamento de Agronomia - UNICENTRO.

elida_peralta@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; dialelo parcial; produtividade de grãos.

Em programas de melhoramento de milho a obtenção e a seleção de linhagens tem como finalidade o desenvolvimento de híbridos superiores. Esta seleção pode ser baseada nas estimativas da capacidade combinatória, obtidas a partir de análises dialélicas. Objetivou-se avaliar progênies S_3 de milho, quanto à capacidade geral e especifica de combinação (CGC e CEC). Foram avaliados 84 híbridos *topcrosses*, obtidos em cruzamento entre 28 progênies S_3 e três testadores de base genética estreita, um híbrido simples comercial (AG8025) e duas linhagens elites (LEM.2 e LEM.3). O experimento foi conduzido no *campus* CEDETEG da UNICENTRO, em Guarapuava-PR na safra agrícola 2017/18. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por uma linha de 5m, com espaçamento de 0,5m entre linhas, com densidade equivalente a 72.000 plantas ha^{-1}. Foram avaliados a produtividade de grãos (PG – $kg.ha^{-1}$) e o ciclo desde a semeadura até o florescimento masculino (CSFM – dias). Os dados foram submetidos à análise dialélica parcial (3 testadores = grupo I e 28 progênies = grupo II), incluindo apenas os F1's. Houve diferença significativa ($p<0,01$) entre os híbridos *topcrosses* para as variáveis avaliadas. Houve efeito significativo da CGC dos testadores para CSFM ($p<0,01$). A CGC das progênies foi significativa ($p<0,01$) para ambas as caraterísticas. Constataram-se efeitos significativos da CEC para PG e CSFM. Evidenciou-se maior importância dos efeitos aditivos para CSFM, podendo ser útil à seleção de genitores mediante estimativas da CGC, para a geração de híbridos mais precoces. Já para PG os efeitos não aditivos foram mais importantes. Decompondo a SQ da CGC, ressalta-se a importância do efeito dos testadores (grupo 2) para o CSFM em relação às progênies (grupo I), porém para a PG observou-se a maior parte da variação advinda das progênies. Na seleção de progênies com base na CGC, para o CSFM buscam-se valores negativos, objetivando maior precocidade, destacando-se as progênies 235.1, 94.3 e 61.1. Para a PG procuram-se selecionar progênies com estivas positivas da CGC, com destaque para 251.1, 152.1 e 227.4. As progênies selecionadas para ambas características e apresentaram estimativas desejáveis da CEC em combinação com pelo menos um dos testadores devem prosseguir no programa, avançando no processo de endogamia.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária e Grupo de Melhoramento de Plantas.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE COMBINATÓRIA E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS TOPCROSSES DE MILHO NA SEGUNDA SAFRA

Rodrigo Gomes[1]; Jocimar Costa Rosa[2]; Elmar Vornes Junior[3*]; Marcos Ventura Faria[3]

[1]Nidera Seeds Ltda; [2]Universidade Estadual de Maringá (UEM); [3]Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO).

*jr.wornes@gmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; dialelo parcial; produtividade de grãos.

O crescimento da produção de milho na segunda safra, que atualmente corresponde a cerca de 70% da área semeada no Brasil, impulsionou a mudança do mercado e suscitou mudanças de estratégias nos programas de melhoramento. Os objetivos com esse trabalho foram avaliar e identificar progênies promissoras para a geração de novos híbridos com elevado potencial produtivo em ambientes de segunda safra. Foram avaliadas 33 linhagens com elevada homozigose, oriundas de diferentes grupos heteróticos, em cruzamentos *topcrosses* com duas linhagens elite testadoras (uma adaptada a ambientes de verão e outra adaptada às condições de segunda safra), totalizando 66 híbridos simples *topcrosses*. Foram obtidos os dados de rendimento de grãos (kg ha^{-1}) em 9 localidades no período de segunda safra, sendo seis no Paraná (1-Toledo, 2-Palotina, 3-Assis Chateaubriand, 4-Campo Mourão, 5-Sertanópolis e 6-São Jorge do Ivaí) e três no Mato Grosso do Sul (7-Caarapó, 8-Itaporã e 9-Douradina), no ano de 2017. Foi realizada análise dialélica parcial (linhagens *vs.* testadores). A estabilidade dos genótipos foi avaliada conforme Schmidt e Cruz (2005) e AMMI (ZOBEL et. al., 1988). Houve efeito significativo dos genótipos, com produtividade média de 8.650 kg ha^{-1}. A maior média foi registrada no ambiente 6 (10.180 kg ha^{-1}) e a menor média no ambiente 4 (6.880 kg ha^{-1}). A herdabilidade da produtividade de grãos dos híbridos com o testador 2 foi superior a 50% nos ambientes 2, 3, 6, 7, 8 e 9, com destaque para o ambiente 9 (h^2 = 90,27%). Não houve diferença significativa para CGC dos testadores, porém houve diferença significativa para CGC das progênies, bem como da capacidade específica de combinação (CEC). Houve efeito significativo dos ambientes, das interações *topcrosses* x ambientes, CGC testadores x ambientes, CGC progênies x ambientes e CEC x ambientes. O testador 1 (verão) contribui positivamente para a CGC nos ambientes 6, 7, 8 e 9. O testador 2 (segunda safra) contribuiu positivamente para a CGC nos ambientes 1, 2, 3, 4 e 5, onde os híbridos com esse testador também tiveram médias superiores em relação ao testador 1. As progênies 21, 22, 31 e 32 tiveram as estimativas mais favoráveis da CGC em boa parte dos ambientes. Entre os *topcrosses* com maiores médias de produtividade nos ambientes de avaliação, se destacaram HS045, HS065, HS066 e HS055, dentre os quais HS045 e HS066 foram os mais estáveis.

Agradecimentos: CAPES e Nidera Seeds Ltda.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO UTILIZANDO ESQUEMA DE DIALELO CIRCULANTE

Juliana Bezerra Martins[1]; Priscilla Neves de Santana[1]; Ailton José Crispim Filho[1]; Jeová Rafael Rodrigues da Silva[1]; Renara Cristiele de Souza Silva[1]; Patrícia Guimarães Santos Melo[1]

[1]Universidade Federal de Goiás, UFG.

*juliana_agro26@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays* L.; CEC; CGC.

Para o programa de melhoramento genético é importante identificar populações com alta frequência de alelos favoráveis e variabilidade genética para os caracteres de interesse. Dessa forma, frequentemente são utilizados cruzamentos dialélicos para a formação de população base por meio de combinações de genitores superiores. Para estimar o desempenho dos genitores e das populações é usual empregar a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) que permite obter maiores informações sobre os genótipos. O objetivo do trabalho foi estimar a capacidade combinatória de híbridos comerciais de milho e o desempenho das populações obtidas por cruzamentos dialélicos para caracteres relacionados à produção de grãos. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Goiás em Goiânia-GO. Foram utilizados 20 híbridos comerciais de milho para obtenção das populações que foram avaliadas em delineamento látice triplo 6 x 6 com parcela de uma linha de quatro metros, espaçadas em 0,8 m com estande final de 5 plantas/metro. As variáveis analisadas foram peso de espiga (PE) e produção de grãos (PG). Utilizou-se a metodologia de dialelo circulante parcial em que o número de cruzamentos é dado por: , com genótipos e cruzamentos por genitor, assim, foram obtidas 30 populações. Houve efeito significativo para CGC dos dois grupos para as duas variáveis PE e PG, indicando que ao menos um genitor contribui de forma divergente nos cruzamentos. Assim é possível identificar híbridos que possuem alta frequência de alelos favoráveis nos dois grupos para combinações. Para CEC também houve diferenças significativas entre as estimativas, sendo que para PG foram identificadas quatro combinações superiores e seis para PE. Ao todo obtiveram quatro populações em comum para as duas variáveis. Verifica-se que há variabilidade genética para as variáveis entre os genitores dos grupos I e II. As diferenças encontradas entre PE e PG para CGC e CEC indicam a participação de efeitos aditivos (herdáveis) e não aditivos (não herdáveis) na expressão dos caracteres.

Agradecimentos: UFG; CAPES; CNPq; FAPEG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADES COMBINATÓRIAS DE LINHAGENS DE MILHO-PIPOCA PARA RESISTÊNCIAS A FERRUGEM POLISSORA E HELMINTOSPORIOSE EM MILHO-PIPOCA ESTIMADAS VIA *TESTCROSSES*

Divino Rosa dos Santos Junior[1]*, Rafael Nunes de Almeida1, Fábio Tomaz de Oliveira1, Yure Pequeno de Souza1, Janieli Maganha Silva Vivas1, Pedro Henrique Araújo Diniz Santos1, Marcelo Vivas1, Antonio Teixeira do Amaral Júnior

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF.

*juniorifagro@gmail.com

Palavras-chave: Linhagem, híbrido, testadores.

Os fungos se caracterizam como um dos principais microrganismos patogênicos na cultura do milho-pipoca, com destaque para as doenças foliares causadas pelos patógenos *Bipolaris maydis*, *Exserohilum turcicum* e *Puccinia polysora*. Apesar da disponibilidade de procedimentos que auxiliam no controle dessas doenças, o método mais eficiente é a utilização de cultivares resistentes. Neste contexto, o *testcross* se enquadra como uma estratégia de cruzamentos que tem como objetivo principal a avaliação da capacidade geral de combinação (CGC) das linhagens e capacidade específica combinações (CEC) em formações híbridas. Isso posto, o presente trabalho visou a estimar as capacidades combinatórias de linhagens endogâmicas, testadores e seus respectivos híbridos de milho-pipoca oriundos de *testcrosses* quanto a características agronômicas e de doenças caudadas pelos fungos *P. polyssora*, *E. turcicum* e *B. maydis*. O desenvolvimento deste trabalho se deteve em duas etapas, ambas realizadas em Campos dos Goytacazes, região Norte do Estado do Rio de Janeiro. A primeira etapa se ateve à obtenção dos híbridos oriundos dos cruzamentos de quinze linhagens endogâmicas (L681, L682, L683, L684, L685, L686, L688, L689, L691, L692, L693, L694, L695, L696 e L204) com os cinco testadores (L270, P1, PARA-172, L70 e L651). Na segunda etapa, realizada no período de segunda época de cultivo, em 2018, utilizou-se o arranjo dos tratamentos em blocos incompletos (látice 10 x 10) com três repetições, realizando as avaliações dos híbridos *testcross*es, juntamente com os cinco testadores, as quinze progênies *per se* e cinco testemunhas. A reação dos genótipos às doenças foliares foi quantificada por meio da estimação da incidência e severidade dos sintomas. Considerando o conjunto de características avaliadas para CGC, as linhagens que apresentaram valores positivos para a quase totalidade das características agronômicas – rendimento de grãos e capacidade de expansão –, foram L691 e L685; sendo que essas mesmas exibiram sinais negativos de CGC para as características de resistência a doenças. Por sua vez, L696 e L684 expressaram sinais negativos para todas as características relacionadas às doenças estudadas, mas, também, com estimativas negativas de CGC para as características agronômicas. Em relação aos testadores, o genótipo PARA – 172 apresentou estimativa de valores positivos para rendimento de grãos e estimativas negativas para quase totalidade das doenças, expressando, desta forma, potencial para resistência às doenças foliares. No que se refere à CEC para o conjunto de características avaliadas, os pares L696 x L651 e L683 x P1 possuem maior perspectiva de serem indicados como híbridos produtivos; bem como, L682 x L70 e L683 x P1 para baixa incidência e severidade a *P. polysora*; L696 x L270 para baixa severidade a helmintosporiose (*B. maydis e E. turcicum*); e L681 x L651 às três doenças.

Instituições de fomento: CAPES, FAPERJ, UENF.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERES DA ARQUITETURA DE PLANTA ERETA E SUA RELAÇÃO COM A PRODUTIVIDADE EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO

Greice Godoy dos Santos[1*]; Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]; Greice Rosana Kläsener[1]; Iuri Paulo Somavilla[1]

[1]Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS.

*E-mail: godoy.greice@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; variabilidade genética; correlação de Pearson.

O desenvolvimento de cultivares de feijão com arquitetura de planta ereta e alta produtividade de grãos atende à demanda dos produtores de feijão em vários países, por isso o estudo das correlações entre esses caracteres foi objetivo desse trabalho. Para tanto, quatro experimentos foram conduzidos em diferentes anos e épocas de cultivo, com 17 linhagens de feijão Mesoamericano. A arquitetura de planta ereta foi analisada por 12 caracteres (acamamento, nota geral de adaptação, inserção da primeira vagem, inserção da última vagem, altura da planta, comprimentos do primeiro, segundo, terceiro, quatro e quinto entrenós, diâmetros do hipocótilo e do epicótilo) e a produtividade de grãos foi determinada a 13% de umidade. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual e conjunta e de correlação de Pearson. Um efeito significativo de genótipo e/ou da interação genótipo x ambiente foi observado para todos os caracteres avaliados, exceto para o comprimento do primeiro entrenó e o diâmetro de hipocótilo. Alta correlação positiva foi obtida entre acamamento e nota geral de adaptação (r = 0,810), acamamento e inserção da primeira vagem (r = 0,792), inserção da primeira vagem e inserção da última vagem (r = 0,748), inserção da primeira vagem e altura de planta (r = 0,603) e inserção da última vagem e altura de planta (r = 0,979). Os comprimentos do segundo, do terceiro, do quarto e do quinto entrenós foram altamente correlacionados (r ≥ 0,823). Pares de caracteres altamente correlacionados mostram informações que são redundantes, por isso, não é recomendado selecionar para os dois caracteres simultaneamente. A avaliação da nota geral de adaptação e da inserção da primeira vagem, por sua vez, podem ser usadas em conjunto na seleção de linhagens de feijão com arquitetura de planta ereta, pois esses caracteres não foram correlacionados. Os comprimentos do quarto e do quinto entrenós mostraram correlação inversa com a produtividade de grãos, r = -0,574 e r = -0, 641, respectivamente. Os caracteres nota geral de adaptação, inserção da primeira vagem, comprimento do quarto e do quinto entrenós foram eficientes para caracterizar a arquitetura de planta ereta em feijão. A seleção indireta pelos menores comprimentos do quarto e do quinto entrenós é eficiente para aumentar a produtividade de grãos em linhagens de feijão Mesoamericano.

Agradecimentos: CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERES DA ESPIGA NA SELEÇÃO DE POPULAÇÕES NA GERAÇÃO F5 EM TRIGO

Valéria Oliveira Nizolli[1], Amanda Valentini Baseggio[1], Jennifer Villavicencio[1], Giordano Gelain Conte[1], Liamara Bahr Thurow[2], Cezar Augusto Verdi[1], Eduardo Venske[2], Antonio Costa de Oliveira[3]

[1] Aluno de Pós-Graduação do Programa de Pós-Graduação em Agronomia PPGA/FAEM, Universidade Federal de Pelotas, Campus C. do Leão. [2] Eng. Agr. Dr. do Programa de Pós-Graduação em Agronomia PPGA/FAEM. Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas. [3]Eng. Agr. Dr. Prof. do Programa de Pós-Graduação em Agronomia PPGA/FAEM. Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Pelotas.

val.nizolli@gmail.com

Palavras-chave: Parâmetros genéticos, Genética quantitativa, Populações segregantes.

O melhoramento genético é um processo contínuo no qual é de suma importância a constante avaliação dos genótipos e a estimação de parâmetros que auxiliem na predição dos ganhos no programa. Assim sendo, o objetivo desse trabalho foi comparar populações de melhoramento de trigo quanto a caracteres de espiga e componentes de rendimento, assim como estimar importantes parâmetros genéticos. Foram avaliadas cinco populações na geração F_5, as quais, obtidas através dos cruzamentos (1) CD104 x Cristalino; (2) Abalone x Nova Era; (3) CD104 x Raízes; (4) Cristalino x Nova Era; (5) Onix x Raizes. Os genitores também foram avaliados. O experimento foi conduzido à campo no ano agrícola de 2016, utilizando o delineamento experimental de blocos casualisados. Foram avaliados os caracteres: comprimento de espiga (CE), massa de espiga (ME), número de grãos da espiga (NGE), massa de grãos da espiga (MGE) e massa de mil grãos (MMG). Foi realizada análise de variância ($p \leq 0,05$) e o teste de médias de Tukey ($p \leq 0,05$), utilizando o software Rbio. Na análise de variância houve significância para todos os caracteres estudados. Para CE três populações diferiram da cultivar Nova Era; em relação à ME, todas as populações foram superiores às cultivares Abalone e Nova Era; quanto à NGE, as populações 3, 4 e 5 também se mostraram superiores às cultivares Abalone e Nova Era; no que se refere à MGE, apenas uma das populações expressou superioridade em relação às cultivares avaliadas; no que tange à MMG, quatro populações tiveram médias superiores às cultivares CD104 e Onix. Logo, dentre as populações avaliadas, a 5 apresentou maior incremento simultâneo para os cinco caracteres avaliados. As estimativas de herdabilidade se enquadraram como altas para todas as variáveis, sendo a mais baixa para MMG (0,75) e a mais alta ME (0,97), demonstrando elevado controle genético para estes caracteres. Em conclusão, é promissora a realização de seleção para os caracteres avaliados nas populações desenvolvidas.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPERGS.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERES DA QUALIDADE TECNOLÓGICA E MINERAIS E SUA RELAÇÃO COM COMPOSTOS FENÓLICOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO ANDINO

Iuri Paulo Somavilla[1*]; Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]; Greice Rosana Kläsener[1]; Henrique Caletti Mezzomo[1]; Skarlet De Marco Steckling[1]

[1]Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS.

*iuri.somavila@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; coloração dos grãos; correlação de Pearson.

Os grãos de feijão Andino dos tipos rajado (tegumento creme com rajas vermelhas) e mosqueado (tegumento vermelho com manchas creme) têm grande demanda na gastronomia nacional e internacional. Por isso, é importante conhecer com mais profundidade a qualidade tecnológica e a concentração de minerais e de compostos fenólicos, bem como as correlações entre esses caracteres, em linhagens de feijão Andino. Para tanto, foi realizado o cruzamento entre as cultivares Hooter (rajado) x Cal 96 (mosqueado) e os segregantes obtidos foram avançados pelo método Descendência de uma Única Semente. As linhagens Andinas na geração F5:7, os parentais e 10 cultivares (testemunhas) foram avaliadas em um experimento látice simples 8 x 8, em cultivo de safrinha 2018. Os caracteres da qualidade tecnológica determinados foram massa de 100 grãos e coloração dos grãos (valores de L*, a* e b*) em um colorímetro. O valor de L* caracteriza a luminosidade (branco ao preto), a* e b* referem-se as cromaticidades a* (verde ao vermelho) e b* (azul ao amarelo). A concentração de potássio, fósforo, cálcio, magnésio, ferro, zinco e compostos fenólicos foi obtida em grãos crús. As seguintes análises estatísticas foram realizadas: análise de variância e de correlação de Pearson. O efeito de tratamento foi significativo para todos os caracteres avaliados, exceto para a concentração de zinco. A massa de 100 grãos apresentou correlação positiva com a concentração de fósforo (r = 0,669) e negativa com a concentração de cálcio, magnésio e compostos fenólicos (r ≥ -0,725). Altas estimativas de correlação foram obtidas entre L* e a* (r = -0,994), L* e b* (r = 0,995) e a* e b* (r = -0,980), entretanto, apenas os valores de L* e b* mostraram correlação positiva de moderada a alta magnitude (r ≥ 0,617) com a concentração de potássio, magnésio e ferro. Dentre os pares de minerais avaliados, correlação negativa e de alta magnitude foi observada apenas entre o fósforo e o cálcio (r = -0,883). Os compostos fenólicos apresentaram correlação positiva com a concentração de cálcio (r = 0,608) e de magnésio (r = 0,966). As linhagens de feijão rajado possuem alta concentração de potássio, magnésio e ferro, por isso o seu uso em dietas pode contribuir para a nutrição e a saúde dos consumidores.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERES DA QUALIDADE TECNOLÓGICA E NUTRICIONAL E SUA RELAÇÃO COM FITATOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO

Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1*]; Greice Rosana Kläsener[1]; Henrique Caletti Mezzomo[1]; Skarlet De Marco Steckling[1]

[1]Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS.

*nerineia@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; coloração dos grãos; correlação de Pearson.

Os grãos de feijão apresentam grande variabilidade genética para os caracteres da qualidade tecnológica, concentração de minerais e fitatos. Todavia, um estudo mais aprofundado sobre as correlações entre esses caracteres em linhagens de feijão Mesoamericano não foi encontrado na literatura. Para tanto, uma população homozigota recombinante de feijão Mesoamericano foi obtida pelo cruzamento entre as cultivares BRS Esteio e SCS 205 Riqueza. As linhagens obtidas apresentaram grãos pretos e carioca (tegumento bege com estrias marrons) e foram avaliadas em geração $F_{5:7}$ em um experimento látice simples 11 x 11 em cultivo de safra 2017. A qualidade tecnológica foi analisada pela massa de 100 grãos e pela coloração dos grãos determinada em um colorímetro pelos valores de luminosidade (L*: varia do branco ao preto), cromaticidade a* (a*: varia do verde ao vermelho) e cromaticidade b* (b*: varia do azul ao amarelo). A concentração de seis minerais (potássio, fósforo, cálcio, magnésio, ferro e zinco) e dos fitatos foi avaliada e usada para caracterizar a composição nutricional. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e o coeficiente de correlação linear de Pearson foi estimado a partir da matriz de correlação fenotípica. Diferença significativa foi observada para todos os caracteres avaliados, indicando que existe variabilidade genética para os caracteres da qualidade tecnológica e para a concentração de minerais e de fitatos nas linhagens de feijão Mesoamericano. A massa de 100 grãos não foi correlacionada com nenhum dos caracteres avaliados. Os valores de L*, a* e b* foram altamente correlacionados ($r \geq 0,998$) em feijão carioca e preto e mostraram alta correlação negativa com as concentrações de potássio, fósforo, cálcio, zinco e fitatos ($r \geq -0,746$) e alta correlação positiva ($r \geq 0,971$) com a concentração de magnésio. Estimativas de correlação positiva e predominantemente de alta magnitude foram obtidas para a maioria dos pares de minerais avaliados. Os fitatos foram inversamente correlacionados com a concentração de magnésio ($r = -0,892$) e diretamente correlacionados ($r \geq 0,832$) com a concentração de potássio, fósforo, cálcio e zinco. As linhagens de feijão preto apresentam alta concentração de potássio, fósforo, cálcio, zinco e fitatos, enquanto que as linhagens de feijão carioca se destacam pela alta concentração de magnésio. Essas linhagens poderão ser usadas em dietas visando a melhoria da nutrição e da saúde dos consumidores.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Caracterização de genótipos de feijoeiro tipo carioca quanto à eficiência do uso do fósforo em Latossolo Vermelho Eutrófico

Daiana Alves da Silva[1*]; João Guilherme Ribeiro Gonçalves[1]; Jose Antonio de Fatima Esteves[1]; Noelly Maria Zimpel Trecenti[1], Sérgio Augusto Morais Carbonell[1], Alisson Fernando Chiorato[1].

[1]Instituto Agronômico de Campinas, Centro de Análises e Pesquisa Tecnológica do Agronegócio dos Grãos e Fibras, 13020-902, Campinas, SP, Brasil.

*daiagrouel2002@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., estresse abiótico, fósforo.

Este trabalho teve como objetivo caracterizar 75 genótipos de feijoeiro em vasos de 5 L preenchidos com Latossolo Vermelho Eutrófico e areia (3:1) quanto à eficiência de uso do fósforo (P). O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado em esquema fatorial 2 × 75, sendo o primeiro fator constituído por duas doses de P e o segundo fator, por 75 genótipos, com seis repetições. Para aplicação dos tratamentos Doses de P, utilizou-se Superfostato simples para a correção do solo de baixa fertilidade, contendo teor de fósforo de 11 mg dm^{-3}, da seguinte forma: Dose restritiva: 60 kg ha^{-1} de P_2O_5 e Dose controle: 120 kg ha^{-1} de P_2O_5. Foram avaliadas no estádio de pré-florescimento (R-5) as características de parte aérea: índice relativo de clorofila, altura de planta, número de nós por planta, área foliar e massa seca de parte aérea; e as características do sistema radicular: comprimento, área, volume, diâmetro e massa seca. Na maturidade fisiológica (R-9) foram avaliados os componentes de produção e produtividade. Os dados foram analisados por meio de análises de variância individuais, seguida de teste de médias Scott-Knott ($p<0,05$), análise GGE-biplot e classificação gráfica. Por meio da análise de variância verificou-se: A. Efeito para p fator Dose de P para todas as características de parte aérea e quanto aos componentes de produção e produtividade; B. Efeito significativos para o fator Genótipo para todas as características avaliadas; C. Efeito significativo para a interação Dose de P x Genótipo para a massa de cem sementes e para os caracteres do sistema radicular: comprimento, área e volume de raiz. O teste de médias foi eficiente no agrupamento dos genótipos para todas as características, mas com o intuito de eleger os genótipos que apresentaram o melhor desempenho considerando todas as variáveis foi realizada a análise GGE-biplot de relação entre variáveis em que se observou a formação de três grupamentos. No primeiro grupo observou-se a relação entre o número de vagens, número de sementes, número de sementes por vagem e produtividade de grãos e os genótipos de maior destaque para essas características foram: CNFC 10470, IAC Ybaté, L 476-2, BRS Requinte e LH 2. No segundo grupo observou-se a relação entre as variáveis do sistema radicular e de parte aérea, sendo destacados os genótipos: IPR Eldorado, CR-1-6-1-1, IAPAR 80, MAR 2 e IPR Siriri. O terceiro grupo é representado pela massa de cem sementes e os genótipos de maior destaque foram: IAC Alvorada, IAC Carioca Pyatã, H96A28-P4-1-1-1-1, IAC Aruã e A 449. Vinte dois genótipos foram classificados como eficientes e responsivos ao uso do P, destacando-se: IPR Eldorado, CNFC 10470, SXB 746, IAC Carioca Akytã e H96A31P2-P4-1-1-1-1.

Agradecimentos: CAPES e FAPESP pelo apoio financeiro.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO UTILIZANDO MEDIDAS REPETIDAS NO TEMPO DE CARACTERES FISIOLÓGICOS E FENOLÓGICOS

Antonio Pizolato Neto[1*]; Diuli Caroline Pilon[1]; Bruno Henrique Pedroso Val[1]; Priscila Lupino Gratão[2], Lígia de Oliveira Amaral[1]; Antonio Orlando Di Mauro[1]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil. [2] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária, CEP 14884-900, SP, Brasil.

*antoniopizolatoneto@gmail.com

Palavras-chave: Estresse abiótico; *Glycine max* L.; reposição de água no solo.

Eventos de seca têm aumentado nas últimas décadas, estando estes associados às mudanças climáticas. Previsões indicam que extremos climáticos tenderão a aumentar secas mais frequentes e prolongadas. Com isso, é de grande importância estudar a complexidade das respostas que as plantas apresentam como forma de tolerância ou não aos eventos de seca. Sabe-se que tais mecanismos dependem do genótipo e do estádio fenológico de desenvolvimento. O objetivo desse trabalho consistiu em caracterizar genótipos de soja quanto ao déficit hídrico por meio de caracteres fisiológicos e fenológicos, com o intuito de encontrar possíveis genitores que possam ser utilizados em processos de hibridação de programas de melhoramento, visando tolerância ao estresse hídrico. Para tanto, foram estudados nove estádios fenológicos (VG, R1, R2, R3 R4, R5.1, R5.3, R5.5 e R6), três genótipos de soja (MG/BR 48, PI 416937 e M 7908 RR) e 2 lâminas de água (50 % e 100 % da reposição da evapotranspiração diária). A análise dos dados foi realizada utilizando-se do conceito de medidas repetidas no tempo com um fator longitudinal, exceto na variável número de vagens totais e peso de grãos por planta. Foram obtidas as médias ajustadas dos efeitos fixos e as comparações de médias foram realizadas pelo teste de Scott-Knott ($P<0,05$). As características avaliadas foram: temperaturas do ar ambiente (TA) temperatura da folha (TF), concentração intercelular de CO_2 (Ci), condutância estomática (GS), taxa de assimilação líquida de CO_2 (A), transpiração (E), eficiência do uso da água (EUA), eficiência intrínseca do uso da agua (EIUA), eficiência instantânea de carboxilação (EIC), eficiência fotossintética (FvFm), teor relativo de clorofila (TC), índice de vegetação por diferença normalizada (NDVI), número de vagens totais (NVT) e peso de grãos por planta (PG). Todos os parâmetros foram melhor caracterizados no estádio fenológico R5, sendo o déficit hídrico um fator limitante para os mesmos. O uso de medidas repetidas apresentou-se como ótima ferramenta para avalição dos genótipos submetidos ao déficit hídrico. As características avaliadas nesse trabalho indicam efeitos significativos em relação ao nível de déficit hídrico e genótipos. Os estádios fenológicos de avaliação influenciam as variáveis analisadas, indicando o R5 como melhor estádio de avaliação. O genótipo PI 416937 é o que apresenta maior tolerância ao déficit hídrico, indicando que pode ser usado para hibridações visando o melhoramento para esta característica.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq – Proc. nº 141938/2017-0) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA EM EXPERIMENTOS DE VALOR DE CULTIVO E USO NO ESTADO DE SÃO PAULO

Julia Godoy Alexandrino[1]; Ligia de Oliveira Amaral[1]; Antonio Pizolato Neto[1]; Lucas Berger Munaro[1]; Viviane Formice Vianna[1]; Antonio Orlando Di Mauro[1]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil.

*jugodoyalexandrino@gmail.com

Palavras-chave: *Glycine max*; registro de cultivares; proteção de cultivares.

A cultura da soja (*Glycinemax* (L.) Merrill) é a oleaginosa cultivada de maior importância comercial, por isso sua constante expansão torna-se fato de grande interesse em áreas de importância agrícola. Para que ocorram recomendações seguras, os programas de melhoramento têm grande colaboração no desenvolvimento de cultivares superiores e adaptados. Algumas características agronômicas são desejadas para que o registro e proteção desses cultivares possa ser realizado. Algumas destas avaliações são realizadas nos Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). O objetivo desse trabalho é a caracterização de genótipos superiores de soja visando o registro de novos cultivares para o Estado de São Paulo. Para tanto, foi conduzido um experimento, no município de Jaboticabal-SP, no ano agrícola 2018/2019, com um total de 24 genótipos, sendo 20 linhagens avançadas pertencentes ao Programa de Melhoramento de soja da FCAV/UNESP Jaboticabal, e quatro testemunhas comerciais, M5947IPRO, M6210IPRO, AS3680IPRO, TMG 1175 RR. As características agronômicas avaliadas foram altura de plantas na maturidade (APM), altura de inserção das vagens inferiores (AIV), peso de 100 sementes (PC) e produtividade de grãos (PG). O experimento foi instalado no delineamento em blocos ao acaso, com três repetições, totalizando 72 parcelas. Cada parcela foi composta por quatro linhas de cinco metros, e 0,50 metro de espaçamento entre linhas. As análises estatísticas foram realizadas por meio de modelo misto, pela metodologia REML/BLUP para determinação dos valores genotípicos preditos, baseados na média ajustada. Os seis genótipos que se destacaram em produtividade foram o G10, G8, G13, G15 e G17, além da testemunha comercial AS3680IPRO. Com relação ao PC, os genótipos de destaque foram G9, G11, G4, G18, G10 e G13. Dentre esses genótipos, o G10 e o G13 se encontram entre os seis mais produtivos. No parâmetro altura de planta, os genótipos que obtiveram entre 80 e 100 cm foram G11, G2, G12, G20, G6, G19, G14, G10, G3, além das testemunhas M6210IPRO e AS3680IPRO, sendo que os genótipos G12, G20, G14, G2, G10 e a testemunha AS3680IPRO também se encontravam entre 10 e 15 cm de AIV. O G10, de genealogia FT-Cometa x Paraná, foi o genótipo de destaque quando levamos em consideração o conjunto de parâmetros avaliados, pois o mesmo se encontra entre os seis mais produtivos, de maior peso de cem sementes, superando a produtividade e PC das testemunhas comerciais adotadas, apresentando também altura de planta e altura de inserção das vagens inferiores apropriada, sendo, portanto, um genótipo altamente promissor para recomendação e futuro registro desta linhagem, como novo cultivar de soja, para a região avaliada, a depender dos dados em estudos adicionais complementares.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM POR MEIO DE ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Jocarla Ambrosim Crevelari[1]; Flávia Nicácio Viana[2]; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves[3]; José Arantes Ferreira Júnior[4]; Laila Cecília Ramos Bendia[5]; Flávio Henrique Vidal Azevedo[6]; Vivane Mirian Lanhellas Gonçalves[7]; Gabriela Alves Brazil[8]; Messias Gonzaga Pereira[9].

[1,2,3,4,5,6,7,8,9]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro-UENF, Campos dos Goytacazes, RJ.

[*1]jcrevelari@yahoo.com.br

Palavras-chave: grupo heterótico; características morfoagronômicas; análise multivariada.

As análises multivariadas são importantes ferramentas para analisar relações genéticas entre características e materiais vegetais melhorados. A análise por componentes principais consiste em transformar um conjunto original de variáveis em outro conjunto de dimensão equivalente, com propriedades importantes, que são de interesse em estudos de melhoramento. Possibilita avaliar a importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados. O objetivo do trabalho foi caracterizar híbridos de milho para silagem, por meio de características morfoagronômicas, utilizando-se a análise de componentes principais. Para tanto, foram selecionados 19 genótipos e um testador o Piranão 12 todos pertencentes ao grupo heterótico "Dent". Os genótipos foram cruzados com um único testador o Piranão 12. Os ensaios de avaliação dos híbridos *topcrosses* foram implantados simultaneamente na Escola Técnica Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes-RJ e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba em Itaocara-RJ no ano agrícola 2013/2014. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições, com 24 tratamentos, 19 híbridos *topcrosses* e cinco testemunhas. Cada parcela foi constituída por uma linha de 5,0 m de comprimento com espaçamento entre linhas de 1,0 m e entre plantas de 0,20 m. As características morfoagronômicas avaliadas foram: florescimento (FLOR), altura média de plantas (AP) em m, altura média de inserção da primeira espiga (AE) em m, diâmetro médio do colmo (DC) em mm, produtividade de grãos no ponto de silagem (PGS) em kg ha-1 e produtividade de massa verde (PMV) em kg ha^{-1}. As análises foram efetuadas com o auxílio do programa GENES. As análises revelaram que os dois primeiros componentes principais explicaram 80,99% da variância contida nas variáveis originais. O componente principal 1 (CP1) e o componente principal 2 (CP2) contribuíram com 50,22% e 30,77%, da variação dos dados, respectivamente. As características que contribuíram na discriminação dos genótipos no CP1 foram: AP, AE, PGS e PMV. Enquanto em CP2 as variáveis com maior poder discriminatório foram: FLOR, DC, PMV e PGS. As características morfoagronômicas em destaque nos dois primeiros componentes principais CP1 e CP2 são consideradas importantes para a seleção de híbridos de milho para silagem. As associações entre os grupos de características e os híbridos avaliados revelaram que os híbridos 10 (UENF-2208), 11 (UENF-2209), 12 (UENF-2210), 14 (UENF-2202) e 16 (UENF-2204) apresentaram elevado potencial morfoagronômico por apresentarem maior PGS, PMV, AP e AE em CP1. Para o CP2 os híbridos 4 (UENF-2205) e 9 (UENF-2207) apresentaram maior potencial para DC e FLOR. A análise de componentes principais permitiu identificar quais características morfoagronômicas são importantes na caracterização de híbridos de milho para silagem. Revelou que os híbridos avaliados apresentaram elevado potencial para serem utilizados em programas de melhoramento e recomendados aos agricultores das respectivas regiões.

Agradecimentos: FAPERJ e UENF.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA PARA RESISTENCIA A PERCEVEJOS VISANDO O REGISTRO E PROTEÇÃO DE CULTIVARES

Alice Pereira Silva[1]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1]; Júlia Godoy Alexandrino[1]; Viviane Formice Vianna[1]; Emanoel Sanches Martins[2]; José Baldin Pinheiro[2]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil. 2 Escola Superor de Agricultura Luiz de Queiroz, ESALQ/USP, Departamento de Genética, CEP 13418-900

licep_silva@hotmail.com

Palavras-chave: *Glycine max;* fatores bióticos; resistência à insetos

Para a cultura da soja, inúmeros são os fatores que contribuem para redução de sua produtividade e ganhos econômicos, sendo estes, condições ambientais desfavoráveis e danos ocasionados por fungos, nematóides e insetos-pragas. Os percevejos sugadores de sementes afetam não só a qualidade das sementes, como o valor comercial dos grãos. Uma estratégia complementar ao uso de inseticidas para controle dessas pragas é a utilização de cultivares resistentes. O programa de melhoramento genético de soja da ESALQ/USP visando a resistência a percevejos e elevação da produtividade em soja, desenvolveu linhagens avançadas superiores, que se encontram na etapa de caracterização. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar alguns genótipos provenientes do programa de melhoramento genético de soja da ESALQ/USP, verificando se os mais resistentes aos danos por percevejos, são também os de melhor padrão comercial; visando auxiliar na seleção de genótipos superiores e com potencial para registro e proteção de cultivares. Para tanto, foram avaliados 31 genótipos de soja no ano agrícola 2018-2019, na FCAV/UNESP, Jaboticabal-SP, sendo 25 linhagens avançadas e 31 testemunhas comerciais (NIDERA, IAC100, PRODUZA, BRS511, BRS3388, AS3730). Foram avaliados os caracteres, peso de sementes boas (PSB), utilizado como um dos critérios para classificar os genótipos mais resistentes aos danos por percevejos e com características de padrão comercial FCAV/UNESP Jaboticabal. Também foram utilizadas escala de notas de 1 a 5 para avaliação de valor agronômico (VA), onde nota 1 significa baixo valor e 5, alto. A mesma escala foi utilizada para avaliação de acamamento (AC), onde 1 é ereto e 5 acamado. As plantas também foram avaliadas para altura de planta na maturidade (APM), sendo ideal de 70 a 100 cm e peso de cem grãos (PCG) em gramas, além da produtividade de grãos (PG) e peso de sementes boas (PSB) em $kg.ha^{-1}$. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, sendo as parcelas constituídas de quatro linhas de cinco metros e espaçadas de 0,5m, em 4 repetições. Foram verificadas diferenças significativas entre os genótipos para todas as características avaliadas. Dentre todos os genótipos avaliados, sete tiveram destaque em todas características avaliadas.O VA variou de 3 à 4,75, AC de 1 a 2,3, APM de 71,7 à 82,05 cm, PCG de 12 a 14,5g, PG de 3074,4 à 3756,42 $kg.há^{-1}$ e PSB de 2505,4 à 3035,2 $kg.ha^{-1}$. Na conversão de sementes boas em porcentagem, observou-se um alto valor de resistência nestes genótipos, variando de 78,01 à 87,69%. As estimativas de herdabilidade (h^2) dos genótipos para todas as características variaram de 62,41 a 93,67%. Ressalta-se que os genótipos destacados apresentam alto grau de resistência, estão dentro do padrão comercial e possuem, portanto, potencial para registro e proteção de cultivares para a região avaliada.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPESP

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO E FENOLÓGICO DE CULTIVARES COMERCIAIS DE SOJA DE DIFERENTES GRUPOS DE MATURIDADE

Márcio da Silva Gomes[1]; Ana Paula Lira Costa[1]; Antonio Pizolato Neto[1]; Lígia de Oliveira Amaral[1]; Luis Fernando Alliprandini[2]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1*]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil. [2] Bayer Brazil – Crop Science - Monsanto do Brasil Ltda, CEP 86600-000, PR, Brasil.

*shu.trevisoli@unesp.br

Palavras-chave: *Glycine max.*; recomendação de cultivares; ciclo.

Devido à alta influência do fotoperíodo no desenvolvimento fenológico e consequentemente na produtividade das cultivares de soja (*Glycine max* L. Merrill.), é de extrema importância a classificação correta dos genótipos em grupos de maturidade e, a partir disto, a recomendação adequada destes genótipos para cada região. A variação deste fator, quando associado a uma recomendação inadequada, interfere diretamente no desenvolvimento das plantas, podendo ocasionar perdas severas na produtividade de grãos. Mediante o exposto, o objetivo do presente trabalho consistiu em avaliar o desenvolvimento e desempenho de 31 cultivares comerciais de soja com grupos de maturidade variando de 5.5 a 8.7, de acordo com a classificação atual. O experimento foi conduzido na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da FCAV/UNESP Jaboticabal, no ano agrícola 2018/2019 em delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela foi composta por quatro linhas de cinco metros de comprimento, com espaçamento de 0,5m entre linhas, totalizando 62 parcelas. Foram avaliados os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), peso de 100 sementes (PC) e produtividade de grãos (PG). Com os dados gerados, foram realizadas análises de variância e comparação de médias pelo teste de Tukey (5%) utilizando o software GENES. A análise de variância indicou que, as cultivares diferiram entre si para todas as características avaliadas. Os coeficientes de variação (CV%) ficaram abaixo de 20% para todos os caracteres, variando de 2,2% para NDM a 17,7% para PG, o que indica uma alta precisão experimental e homogeneidade dos tratamentos entre repetições. O teste de médias apontou os genótipos 23 (4141.15 Kg/ha), 16 (4124.60 Kg/ha), 12 (4038.95 Kg/ha), 17 (4037.40 Kg/ha), 21 (4024.95 Kg/ha) e 18 (3959.40 Kg/ha) como os de melhores desempenhos produtivos. A cultivar correspondente ao tratamento 15, apresentou maior peso de cem sementes com média de 22.10g. Para as demais características, os três tratamentos com maior média de produtividade apresentaram respectivamente NDF de 42, 37 e 33 dias, NDM de 110, 105 e 109 dias, APM de 97.1, 89.8 e 86.9 cm e AIV de 18.4, 17.1 e 14.4 cm, valores estes considerados dentro da faixa ideal, para cultivos mecanizados e em áreas de rotação com cana de açúcar, por apresentarem ciclos reduzidos. Pode-se dizer que, a partir das análises realizadas, é possível caracterizar os genótipos avaliados com relação ao seu desempenho fenológico e produtivo, para a região de Jaboticabal – SP.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

COMBINING ABILITY FOR AGROMORPHOLOGICAL AND PHYSIOLOGICAL TRAITS IN DIFFERENT GENE POOLS OF COMMON BEAN SUBJECTED TO WATER DEFICIT

Isabella Mendonça Arruda[1]; **Vânia Moda-Cirino**[2]; Alessandra Koltun[3]; Douglas Mariani Zeffa[3]; Getúlio Takashi Nagashima[2]; Leandro Simões Azeredo Gonçalves[1]

1Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, Paraná, Brasil. 2Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), Londrina, Paraná, Brasil. 3Universidade Estadual de Maringá (UEM), Maringá, Paraná, Brasil.

* isabellamendonca92@gmail.com

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L; drought; diallel.

Water stress is one of the main limiting factors for bean crops, negatively affecting grain yield and seed quality. Thus, the objective of this study was to evaluate the inheritance of agromorphological and physiological traits related to drought tolerance in order to identify promising combinations. The experiment was carried out in a greenhouse with a partial diallel scheme between three drought tolerant genotypes (IAPAR 81, BAT 477 and SEA 5), and nine widely grown cultivars in Brazil (BRS Estilo, IAC Alvorada, IPR Campos Gerais, IPR Uirapuru, IPR Nhambu, BRS Esteio, IPR Garça, BRS Radiante and DRK 18), in a randomized block design with four replicates. The plants were grown in pots with substrate under 80% of pot capacity until they reached the stage R5, when water supply was restricted to 30% for 20 days in the pots under stress treatment. A wide variability for the agromorphological and physiological traits was observed. Water deficit reduced plant performance for most agromorphological traits and altered their physiological metabolism. Additive and non-additive effects are involved in the genetic control of the majority of agromorphological and physiological traits both under water stress and control (well-watered) conditions. The parental genotypes BAT 477 (group I) and IAC Alvorada, IPR Uirapuru and BRS Esteio (group II) may be included in breeding programs aiming at improving drought tolerance in common bean since they present high positive general combining abilities for agromorphological traits. The crosses IAPAR 81 × IPR Campos Gerais and SEA 5 × BRS Radiante resulted in the best combinations considering GY and TDB, when cultivated under water déficit.

Acknowledgments: This research was supported IAPAR and CAPES.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

COMBINING RUST RESISTANCE AND HIGH-YIELD IN SOYBEAN LINES

Maiara de Oliveira[1]; Emanoel Sanches Martins[1]; Diane Simon Rozzetto[1]; Alexandre Garcia[2]; Marcos Antonio de Godoy Filho[1]; Mariana Silva Vianna[1]; José Baldin Pinheiro*[1].

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – ESALQ/USP. [2]Tropical Melhoramento e Genética Ltda.

*jbaldin@usp.br

Key-words: Disease resistance; *Phakopsora pachyrhizi*; Plant breeding.

Breeding efforts in soybean have led to significant increases in productivity, however several biotic and abiotic factors make the work of breeders more difficult, seeking to develop cultivars resistant to these stresses. A disease that threatens crop sustainability is Asian soybean rust (ASR), which causes a decrease in productivity and increases the fungicide application in cropping systems. In Brazil the costs to control ASR are expensive, requiring 3 fungicide sprays and in some cases have limited efficiency. In this sense, the development of resistant cultivars appears as a promising strategy to minimize th impact of ASR. Nowadays, tolerance cultivars are most used to this purpose. However, there are still no cultivars with complete resistance to the pathogen. For this reason, the aim of this study was to evaluate elite soybean lines with resistance to ASR combined with high yields. Two experiments were carried out, one in the field and another in a greenhouse. In the field experiment, 299 soybean lines from the cross between adapted and exotic materials with resistance genes to rust (Rpps), and five commercial checks were evaluated in Piracicaba/SP, in the 2017/2018 season. The design was in 16x19 alpha-lattice with two replicates. Evaluated traits were: Number of days to flowering (NDF), Number of days to maturity (NDM), Plant height at maturity (PHM), Agronomic value (AV), lodging (L), 100 seed weight (HSW), grain yield (GY) and disease severity (SEV). For each trait, the components of variance and heritability were carried out through the mixed model approach with REML, and genotypic values of each individual were estimated by the best linear unbiased prediction procedure (BLUP). In the greenhouse experiment, the same 299 lines and four other checks, two resistants (Orba and Bing Nan) and two susceptibles (IAC 100 and CD 215), were evaluated in a completely randomized design with three replicates, each plot consisting of one plant. The observations were taken on lower and upper leaves for sporulating intensity (ESP1 and ESP2 respectively) and the genotypes were evaluated for the type of lesion (RB or TAN). Most of the characters evaluated in the field presented genetic variance smaller than the residual variance, determining the great influence of the environment on the expression of these traits, being a challenging to gain from selection. The heritability for SEV was 0.61, this value is considered intermediate, so the selection based on this characteristic may result in more resistant genotypes. For ESP1 and ESP2, heritability also presented high values. We also verified that there is difficulty in selection genotypes combining resistance to ASR and high yields. The genotypes LQ 169, LQ 55 and LQ 85 contain these two requirements, being promising for selection or inclusion in crosses for resistance to rust.

Agradecimentos: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Finance Code 001 and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq. Tropical Melhoramento e Genética Ltda for collaboration in the phenotyping of lines under controlled conditions.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

COMPOSIÇÃO MINERAL E TEOR DE PROTEÍNA EM GRÃOS DE FEIJÃO PERTENCENTES A DIFERENTES GRUPOS COMERCIAIS

Jessica Delfini[1,2]; Gabriela Chicarelli da Silva[2], Débora Bianca Jumes[2], Deyvid Willian Jumes[2], Abiezer Santana Dalolio[2], Gustavo Ruotulo[2], José dos Santos Neto[2], Leandro Simões Azeredo Gonçalves[1], Vânia Moda-Cirino[2]

[1]Universidade Estadual de Londrina (UEL). [2]Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR).

*jessica_delfini@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; biofortificação; diversidade genética.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) representa 50% do total de leguminosas utilizadas na dieta humana, por ser uma importante fonte de proteína, vitaminas e minerais (Ca, Cu, Fe, Mg, Mn, Zn). Considerando a grande importância do feijão na alimentação humana, a biofortificação, tem sido implementada nos programas de melhoramento em diversas partes do mundo, pois é considerada um meio viável e econômico no fornecimento de nutrientes para a dieta humana. No germoplasma de feijão existe uma grande variabilidade genética para os teores de nutrientes, portanto estudos visando conhecer essa variabilidade, são de grande importância para o desenvolvimento de cultivares biofortificadas. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade da composição mineral e o teor de proteína de cultivares e linhagens de feijão pertencentes a diferentes grupos comerciais. O ensaio foi estabelecido na safra das águas em Londrina-PR na estação experimental do IAPAR com 15 cultivares do grupo comercial carioca, 15 cultivares do grupo preto e 10 acessos do grupo especial. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com duas repetições. Para avaliação da qualidade nutricional dos grãos retirou-se uma amostra de 100 gramas de sementes que foram moídas para obter a farinha. O teor de proteína foi quantificado por espectrofotometria pelo método de Kjeldahl e para os teores de minerais (fósforo, potássio, cálcio, magnésio, enxofre, cobre, zinco, manganês e ferro) foi utilizada a metodologia que consiste na digestão nitroperclórica e a quantificação foi realizada utilizando em espectrofotômetro de emissão atômica (ICP). Os dados foram submetidos a análise de variância, correlação entre variáveis, análise de agrupamento (*heatmap*) e análise de componentes principais utilizando os softwares Genes e R. Para quase todos os nutrientes foi observado efeito significativo de genótipos, exceto para proteína, K, S e Fe, revelando que há diversidade entre os acessos estudados. O grupo comercial especial, apresentou os menores teores para a maioria dos nutrientes, exceto para proteína, enquanto que os grupos comerciais carioca e preto demonstraram resultados similares para os diferentes teores de nutrientes. O grupo carioca obteve os maiores teores de Mg e Cu e o grupo preto para P, K e Ca. A cultivar IPR Sabiá, do grupo comercial carioca, foi a que mais se destacou em relação aos demais genótipos. Os nutrientes Mg, Mn e Ca tiveram correlação positiva entre si, e o mesmo foi observado para Fe, Cu e Zn, enquanto que o P apresentou correlação com Zn, S e K e o teor de proteína se correlacionou negativamente com o teor de Ca. A correlação positiva entre os nutrientes favorece a seleção de plantas no melhoramento genético. Os acessos que se destacaram podem ser incorporados no programa de melhoramento do IAPAR, tornando possível o desenvolvimento de cultivares biofortificadas.

Agradecimentos: IAPAR e CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

COMPRIMENTO DE CÉLULAS-GUARDA E DENSIDADE DE ESTÔMATOS NA IDENTIFICAÇÃO DE HAPLOIDES MATERNOS INDUZIDOS *IN VIVO* EM MILHO

Mariana Martins Marcondes[1]; Rodrigo Gomes[2]; Vanderlei Aparecido de Lima[3]; Carlos Alberto Scapim[4]; Marcos Ventura Faria[1*]

[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO-PR), [2]Nidera Seeds Ltda, [3]Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), [4]Universidade Estadual de Maringá (UEM).

*ventura_faria@yahoo.com.br

Palavras-chave: *Zea mays* L.; indutor gimnogenético; R-navajo (*R1-nj*).

A descrição do marcador morfológico de coloração por antocianina *R-navajo* (*R1-nj*) em milho, em 1966, por Nanda e Chase, possibilitou a utilização de haploides *in vivo* em escala comercial. No entanto, devido à ocorrência da penetrância incompleta e expressividade variável do marcador *R1-nj*, muitos pesquisadores têm buscado características alternativas para complementar tal técnica na identificação dos haploides. O presente trabalho teve por objetivo avaliar o comprimento de células-guarda e a densidade de estômatos na classificação de diploides em meio a haploides putativos, no cruzamento de três híbridos de milho com dez indutores de haploidia, a partir de sementes previamente classificadas visualmente por meio do marcador fenotípico *R1-nj*. Foram retiradas amostras aleatórias de sementes de cada fração de ploidia, as quais foram semeadas. Foram produzidas impressões epidérmicas de células-guarda da parte abaxial de folhas do 3º e 4º nós contados a partir da base, de plantas crescidas em condições de campo. As lâminas obtidas foram fotografadas em microscópio de luz com lentes de aumento de 40x e 10x, respectivamente, para avaliação do comprimento das células-guarda (CCG) e da densidade de estômatos (DE). Durante a antese as plantas foram classificadas quanto à ploidia real pela avaliação *gold standard*. Tanto o CCG quanto a DE foram variáveis em relação ao híbrido, ao indutor e o nível de ploidia. O tamanho médio do CCG variou de 37,57 a 46,99 µm em plantas haploides, e de 52,69 a 62,26 µm em plantas diploides. A DE média foi de 24,43 estômatos/mm^2 e 13,63 estômatos/mm^2, para haploides e diplóides, respectivamente. A magnitude das diferenças apresentadas para CCG e DE foram suficientes para a eficácia na classificação das ploidias em milho. Comparando o CCG ao *gold standard*, as taxas máximas de FDR (*false discovery rate*) foram de 17,56% e de FNR (*false negative rate*) de 24,13%, e para DE as taxas máximas foram de 12,62% e 11,40%, nessa ordem. A média geral de acurácia alcançada pelo teste diagnóstico do CCG foi de 84,69% e para o DE foi de 87,97%. As elevadas taxas de FDR, FNR e acurácia indicaram que ambas as avaliações podem ser integradas em programas que incluem a tecnologia DH, no que diz respeito ao descarte de diploides em meio a haploides putativos.

Agradecimentos: CAPES e Nidera Seeds Ltda.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CONTRIBUIÇÃO GENÉTICA DOS PROGENITORES DAS CULTIVARES DE TRIGO DO RIO GRANDE DO SUL

André Luís Della Vecchia[1*]; Ricardo Lima de Castro[2]; Diego Inácio Patricio[2]; Eduardo Caierão[2]

[1]Curso de Agronomia da Universidade de Passo Fundo – UPF. Bolsista do PIBIC (CNPq). [2]Embrapa Trigo.

*andre.dellavechia98@gmail.com

Palavras-chave: genealogia; coeficiente de parentesco; variabilidade genética.

A variabilidade genética é fundamental para o sucesso dos programas de melhoramento de plantas, pois possibilita a obtenção de novas combinações de alelos favoráveis e, consequentemente, maiores ganhos de seleção. Além de essencial aos programas de melhoramento, a variabilidade genética é muito importante nos sistemas de produção agrícolas, tanto em relação à diversificação de espécies cultivadas, quanto em relação à variabilidade entre as cultivares de cada espécie. Nesse sentido, a estabilidade da produção de trigo frente às adversidades climáticas e às variações ambientais (entre locais e anos), bem como os riscos de epidemias e de aparecimento de novas pragas e raças virulentas de patógenos, dependem, entre outros fatores, da variabilidade genética entre as cultivares. Assim, estudos da genealogia das cultivares, coeficientes de parentesco e contribuições genéticas dos progenitores são relevantes. O objetivo geral deste trabalho foi avaliar a contribuição genética dos progenitores das cultivares de trigo indicadas para cultivo no Rio Grande do Sul (RS). Os objetivos específicos foram: (i) quantificar o número de progenitores; (ii) estimar o coeficiente de parentesco (relacionamento parental) médio de cada progenitor; (iii) identificar os progenitores com maior contribuição genética; e (iv) divulgar exemplos de aplicação prática do Sistema de Visualização de Dados Genealógicos de Cultivares (*Wheat Genealogy Data* – WGD), desenvolvido pela Embrapa Trigo. Foram avaliadas 15 cultivares indicadas para o RS (TBIO Toruk, TBIO Sossego, TBIO Sinuelo, TBIO Audaz, ORS 1403, ORS Madrepérola, TBIO Sonic, TBIO Noble, FPS Certero, TBIO Energia I, ORS Vintecinco, BRS Marcante, LG Oro, Celebra e TBIO Sintonia), que juntas representaram 81,8% da produção de sementes do Estado, na safra de 2018. O coeficiente de parentesco foi estimado pela contribuição média de cada progenitor na constituição genética das cultivares. Considerou-se que, a cada cruzamento, os genitores feminino e masculino contribuíram (cada um) com 50% da constituição genética da cultivar. As análises de genealogia e as estimativas de coeficientes de parentesco foram realizadas com auxílio do sistema computacional WGD. No total, foram quantificados 134 progenitores na genealogia das cultivares analisadas. O coeficiente de parentesco médio dos progenitores foi de 2,0%, variando de 0,001% a 30,0%. Os progenitores Quartzo (30,0%), Marfim (21,7%), Ônix (17,9%), ORL 95688 (16,3%), Avante (15,0%) e OR 1 (11,8%) apresentaram as maiores contribuições na constituição genética das cultivares. Os resultados permitem inferir que há variabilidade genética considerável entre as cultivares estudadas. Os progenitores mais frequentes são indicados para cruzamentos visando a explorar a capacidade geral de combinação.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE OS COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Marco Renan Félix[1]; Yasmin Vasques Berchembrock[1]; Douglas Goulart Castro[1]; Amanda Mendes de Moura[1], Tácio Peres da Silva[1], Flávia Barbosa Silva Botelho[1]

[1]Universidade Federal de Lavras. Lavras-MG, Brasil.

*mrenan05@hotmail.com

Palavras-chave: *Oryza sativa* L.; melhoramento de plantas; seleção indireta

Os programas de melhoramento da cultura do arroz (*Oryza sativa* L.) têm como objetivo principal a obtenção de cultivares mais produtivas associadas a outras características agronômicas de interesse. Nesse contexto o conhecimento da correlação entre caracteres é de grande importância para o melhoramento, pois a seleção para determinado caráter pode influenciar negativa ou positivamente outro. Assim, almeja-se com o auxilio do melhoramento genético a ampliação da produtividade de grãos para a manutenção e sustentabilidade da cultura do arroz no país em sistema de produção de sequeiro (terras altas). A produtividade de grãos é determinada por quatro componentes de produção: número de panículas por metro² (NP), porcentagem de espiguetas cheias (GC), número de espiguetas por panícula (GP) e peso de cem grãos, em gramas (PE). Desse modo, objetivou-se estimar as correlações existentes entre os componentes de produção na verificação do comportamento desses caracteres na produtividade de grãos, auxiliando no direcionamento da seleção pelo melhorista. Foram avaliadas treze linhagens elites do experimento de ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas – UFLA/MG, em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e Epamig. Os experimentos foram instalados em Lavras/MG nas safras 2017/18. O delineamento utilizado foi em de blocos casualizados com três repetições, em parcelas constituídas de cinco linhas de quatro metros, espaçamento de 0,40 metros entre linhas e densidade de semeadura de 80 sementes por metro. As características avaliadas foram os componentes de produção (NP, GC, GP e PE) e a produtividade de grãos (kg ha^{-1}). Foram realizadas as análises de variância individual, posteriormente, as variáveis foram submetidas à análise de correlações fenotípicas pelo método de Pearson, com base em dados médios. A significância dos coeficientes foi avaliada pelo teste t. As análises estatísticas foram realizadas com o auxilio do programa GENES. O resumo da ANAVA demonstrou que os tratamentos diferenciaram-se, significativamente, na maioria dos caracteres avaliados, exceto o (NP), ou seja, há variabilidade entre as linhagens avaliadas. Dentre as correlações fenotípicas avaliadas destacam-se GP/PROD e GC/PROD, apresentaram estimativas significativas e positivas de 0,77 e 0,37; determinando que a esterilidade de espiguetas em arroz de terras altas é um fator que afeta a produtividade de grãos. As correlações GP/PE, PROD/PE e NP/GC também foram significativas, porém negativas com valores de -0,66 -0,53 e -0,47 respectivamente, demonstrando que a planta perde eficiência no enchimento de grãos quando se aumenta o número de grãos por panícula. Dito isto, conclui-se que os componentes de produção devem ser avaliados pelo melhorista no momento da seleção, visando à redução da porcentagem de espiguetas estéreis, tendo como objetivo o aumento da produtividade pelas linhagens de arroz de terras altas.

Agradecimentos: UFLA, CAPES, EPAMIG, CNPq, EMBRAPA.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS EM SORGO SACARINO EM DIFERENTES CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE

Maiara Oliveira Fernandes[1]; Lucas Silveira Lopes[1]; Rafael Augusto da Costa Parrella[2], José Airton Rodrigues Nunes[1]; Thiago Tavares Botelho[1], Pakizza Sherma da Silva Leite[1]

[1]Universidade Federal de Lavras. [2] EMBRAPA Milho e Sorgo.

*biolucassilveira@gmail.com

Palavras-chave: *Sorghum bicolor, seleção indireta, rendimento de açúcares*

O programa de seleção recorrente (SR) de sorgo sacarino tem por objetivo aumentar o rendimento de açúcares (TBH), o qual está diretamente relacionado com o rendimento de etanol. Contudo, o TBH é um caráter influenciado direto e indiretamente por diversos outros caracteres, de forma que o conhecimento das correlações auxilia os melhoristas na definição de estratégias de seleção dos genótipos mais promissores. O objetivo deste trabalho foi verificar se as correlações genéticas entre os caracteres de interesse se alteram ao longo dos ciclos de seleção recorrente. Foram avaliadas 81 progênies, sendo 40 do ciclo 0 de SR, 40 do ciclo 1 de SR e 1 testemunha, em experimento conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária - Fazenda Muquém da Universidade Federal de Lavras – UFLA. O delineamento experimental foi o látice triplo 9x9, com parcelas constituídas de uma linha de 3,0 m e espaçamento entrelinhas de 0,6 m. As características avaliadas foram altura (ALT, m), produção de massa verde (PMV, t/ha), porcentagem de caldo extraído (EXT), teor de sólidos solúveis (SST, ºBrix), florescimento (FLOR, dias) e TBH. As análises uni e multivariadas foram realizadas em ambiente R. As variâncias genéticas foram significativas para todos os caracteres em algum dos ciclos 0 e 1 de SR, com exceção do SST. O padrão de associação entre os caracteres foi similar nos dois ciclos de SR. Em geral, os caracteres ALT, FLOR, PMV e TBH apresentaram elevadas correlações genéticas entre si, enquanto que os caracteres EXT e SST apresentaram baixa correlação com os demais caracteres em ambos os ciclos. O TBH, que é uma variável calculada a partir do SST, EXT e PMV, foi mais fortemente influenciado pelo PMV, devido à baixa variação observada para SST e EXT. As correlações genéticas demonstraram a viabilidade de seleção indireta, na medida que as progênies com melhor rendimento de açúcares associaram, em geral, maior tempo para florescimento, maior altura e maior produção de biomassa.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, CNPq e EMBRAPA Milho e Sorgo.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10° CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CO-SEGREGATION OF $F_{2:3}$ FAMILIES FROM CROSS JALO VERMELHO × CRIOULO 159 TO RACES 55 AND 1545 OF *Colletotrichum lindemuthianum*

Jaqueline Bezerra da Silva[1]*; Maria Celeste Gonçalves Vidigal[1]; Pedro Soares Vidigal Filho[1]; Giseli Valentini[1]; Larissa Fernanda Sega Xavier[1]; Vanusa Silva Ramos Martins[1]

[1]Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri) - Departamento de Agronomia - Universidade Estadual de Maringá (UEM) - Maringá - PR - Brazil.

*jaquelinebezerra.agro@gmail.com

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; *Colletotrichum lindemuthianum*; co-segregation.

The fungus *Colletotrichum lindemuthianum* is the bean anthracnose (ANT) pathogen and it is known to induce severe damage in the field. The most efficient and economical method to control this disease is to use resistant cultivars. Thus, genetic breeding programs develop strategies to identify disease resistance sources, also considering their knowledge about the genetic variability of this fungus. Co-segregation tests, when applied to investigate inheritance of genetic resistance of *C. lindemuthianum*, are able to clarify the cultivar reaction to different physiological races of the pathogen. Therefore, the purpose of this work was to asses inheritance resistance of the gene *Co-12* in Jalo Vermelho cultivar through co-segregation test for races 55 and 1545 of *C. lindemuthianum*. Seeds from parental cultivars were obtained from the bean germplasm bank of Núcleo de Pesquisa Aplicada à Agricultura (Nupagri/UEM). The Andean cultivar Jalo Vermelho carries the gene *Co-12*, responsible for resistance to races 55 and 1545 of ANT; however, cultivar Crioulo 159 is susceptible to both races. We performed co-segregation analysis on two 84 $F_{2:3}$ families samplings derived from cross Jalo Vermelho × Crioulo 159. Through hybridizations between Jalo Vermelho and Crioulo 159, we first obtained F_1 seeds, and consequently, F_2 and $F_{2:3}$ generation of seeds. We observed a segregation ratio of 23RR:40RS:21SS and fitted a Mendelian segregation ratio of 1RR:2RS:1SS, which confirmed the presence of a dominant gene that confers resistance to races 55 and 1545 (X^2= 0.285; p= 86.68%).Progeny tests revealed that the two $F_{2:3}$ samplings showed identical resistant and susceptible reactions for both races. A combination between the two putative genes (conferring resistance to the ANT evaluated races) was not observed. Our data suggest that that *Co-12* gene regulates resistance to races 55 and 1545 in Jalo Vermelho.

Acknowledgments: This research was financially supported by CNPq, Capes, Brazil.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CORRELATION NETWORKS AMOUNG SOYBEAN SEED QUALITY, CANOPY COVERAGE, AND GRAIN YIELD

Cleiton Renato Casagrande[1]; Gustavo César Sant' Ana[2*]; Anderson Meda[2], Alexandre Garcia[2], Aluízio Borém[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa. [2]Tropical Melhoramento e Genética SA.

*gustavosantana@tmg.agr.br.

Keywords: Phenomics, Drone, *Glycine max*.

Knowledge about the relationships among soybean traits is of great importance in breeding programs. Correlation networks analysis is an effective alternative for to understand the related responses and their magnitudes among traits of interest. The objective of this study was to estimate the genotypic correlations among traits related to seed physiological quality, canopy coverage and grain yield in soybean lines, and to determine linking structures among these traits. For that, we carried out an experiment in randomized complete block design, with four replications, in the city of Campo Mourão, Paraná, Brazil. We analyzed 97 soybean lines in the agricultural crop of 2018/2019. Before sowing, a seed sample, which was produced under same conditions, was used to evaluate the physiological quality by means of germination test, first count test, seedling length at three days, dry mass of seedlings at three days, emergence in sand, emergency speed index and seedlings dry mass in sand. The canopy cover was determined using an RGB camera coupled to a Phantom 4 Pro drone. The images were take on flights carried out in phenological stages V3-V4, V5-V6, V7-V8 and V9-R1, which were used for calculate the canopy coverage as the proportion of green pixels in each experimental plot. In addition, the gap present in each plot, in linear meters, were determined. We submitted the data to analysis of variance, and estimated the correlation among all traits evaluated, to make the genotypic correlations network. The plot quality, expressed by the length of gaps in meters, show negative correlation with traits related to seed physiological quality and canopy coverage, but did not show impact on grain yield. In addition, the seeds physiological quality of correlated positively with vegetative canopy development. Grain yield, a polygenic trait and with a strong environmental influence, presented a genotypic linear association of 0.7615 with the canopy coverage at the V9-R1 stage, indicating that a higher biomass at flowering provides higher grain yield. These values indicate the possibility of indirect selection for yield based on the canopy coverage in V9-R1. Correlation network analysis was efficient to estimate the relationships between characters, and can be very useful in decision making in soybean breeding programs.

Acknowledgment: CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CURVA DE EMBEBIÇÃO DE SEMENTES DE FEIJÃO-CAUPI SUBMETIDAS AO ESTRESSE SALINO

Raéder Correia de Souza[1*]; Maricelma Barbosa Nascimento[1]; Vanessa Silva Romanoski[1]; Paulo Roberto de Moura Souza Filho[1]; Adérico Júnior Badaró Pimentel[1]

[1]Universidade Federal do Oeste da Bahia.

*correiaraeder@gmail.com

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; estresse abiótico; germinação.

A salinidade do solo traz efeitos negativos à agricultura por afetar a produtividade das espécies cultivadas. Esses efeitos podem ser mitigados com o uso de cultivares tolerantes à salinidade. Assim, é premente o desenvolvimento de pesquisas que possibilitem conhecer o comportamento das cultivares quando semeadas nessas condições marginais de cultivo. Objetivou-se com esse trabalho avaliar a curva de embebição de sementes de cultivares de feijão-caupi em diferentes níveis de estresse salino. Para isso, foi conduzido um experimento em Esquema Fatorial, composto por três níveis do fator Cultivares (BRS Marataoã, BRS Pajeú e BRS Tumucumaque) e quatro níveis do fator Estresse Salino, obtidos por soluções de NaCl nas concentrações 50, 100 e 150 mM e o controle com água destilada. Os tratamentos foram dispostos em Delineamento em Blocos Casualizados, com quatro repetições, tendo como parcela um recipiente com capacidade para 170 mL. Em cada parcela, 20 sementes foram submetidas à embebição por imersão em 100 mL de água destilada ou solução correspondente ao nível de estresse. Para construção da curva de embebição a massa das sementes foi determinada 0, 1, 2, 3, 9, 15, 27, 39, 63, 87, 111 e 135 horas após a indução à embebição. Para pesagem as sementes foram retiradas do meio de embebição, enxugadas superficialmente com papel toalha, pesadas em balança analítica (0,001 g) e colocadas novamente para embeber em meio de embebição renovado. Analisou-se o Modelo de Curva de Embebição das cultivares; a Velocidade Média de Embebição até o Tempo de 15 Horas (% de embebição/hora); e o Teor de Umidade Final das Sementes (porcentagem de umidade em base seca). Pela análise dos Modelos das Curvas de Embebição observou-se que a cultivar BRS Marataoã e BRS Pajeú apresentam comportamento similar e diferem da cultivar BRS Tumucumaque. Para BRS Marataoã e BRS Pajeú a mudança da Fase I para Fase II da germinação ocorreu após nove horas de embebição, enquanto a cultivar BRS Tumucumaque alcançou a Fase II após três horas. Para os caracteres Velocidade Média de Embebição até o Tempo de 15 Horas e Teor de Umidade Final das Sementes não houve efeito significativo para a interação entre Cultivares e Estresse Salino ($p>0,05$). A comparação entre médias de cultivares para a Velocidade Média de Embebição até o Tempo de 15 Horas evidenciou que a Cultivar BRS Tumucumaque supera significativamente as demais cultivares e a cultivar BRS Marataoã supera a BRS Pajeú. Para o Teor de Umidade Final das Sementes a cultivar BRS Pajeú não difere significativamente das demais, enquanto a cultivar BRS Marataoã supera a BRS Tumucumaque. Conclui-se que as cultivares apresentam diferenças na curva de embebição de sementes e que a resposta das cultivares é independente dos níveis de salinidade, para os caracteres analisados.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA E HETEROSE EM GENÓTIPOS DE MILHO DA VARIEDADE UFG-SAMAMBAIA

Nayana Valéria Costa[1*]; Luma Mariano Cascão[1]; Juliana Bezerra Martins[1]; Marcos Lopes Rodovalho[2]; Patrícia Guimarães Santos Melo[3]; Lázaro José Chaves[3]

[1]Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. [2] Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. [3] Professor da Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

*nayanavcosta@gmail.com

Palavras-chave: Zea mays L.; melhoramento genético; vigor híbrido.

A depressão por endogamia e a heterose são fenômenos complementares que auxiliam na definição das melhores combinações híbridas para o desenvolvimento de genótipos superiores. O objetivo deste estudo foi estimar a depressão endogâmica e a heterose em genótipos de milho da variedade UFG-Samambaia. O experimento foi realizado na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, com 60 linhagens S_1 de milho derivadas da população UFG-Samambaia, em que 30 apresentavam grãos tendendo para dentados e 30 apresentavam grãos tendendo para duros. A partir das linhagens S_1, foram obtidas 60 linhagens S_2 e 60 híbridos, através do cruzamento das linhagens em esquema de *topcrosses* recíprocos intergrupos. Utilizou-se delineamento de blocos casualizados com quatro repetições e as variáveis analisadas foram: florescimento masculino (FM) e feminino (FF), intervalo de florescimento (IF), altura de plantas (AP) e de espigas (AE). Realizou-se análise de variância de grupos de experimentos, com decomposição de tratamentos para verificar a significância dos contrastes "linhagens S_1 x linhagens S_2" e "linhagens S_1 x híbridos". As médias dos genótipos foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância e, a partir delas, foram estimadas as porcentagens de depressão endogâmica e heterose. No contraste entre as gerações S_1 e S_2, observaram-se diferenças significativas para os caracteres FM, FF e AE. As estimativas de depressão endogâmica para os caracteres FM e FF foram de -1,82% e -1,30%, respectivamente. Estas estimativas são consideradas baixas em relação às obtidas para caracteres de baixa herdabilidade, o que evidencia que os efeitos de dominância são menos importantes para o FM e FF. Para o caráter AE, as médias das gerações S_1 e S_2 foram 0,85 metros e 0,89 metros, respectivamente, com estimativa de depressão endogâmica de -4,10%, o que não era esperado, uma vez que o processo de endogamia reduz o vigor e, consequentemente, o porte das plantas. Para o contraste entre as linhagens S_1 e os híbridos, observaram-se diferenças significativas para todos os caracteres avaliados. As estimativas de heterose foram de -4,90%, -5,71%, -21,95%, 11,41% e 12% para os caracteres FM, FF, IF, AP e AE, respectivamente. Os valores negativos para os caracteres FM, FF e IF indicam que os desvios de dominância atuaram predominantemente no sentido de diminuí-los, o que foi vantajoso, devido à redução no ciclo das plantas e aumento no sincronismo entre o florescimento masculino e feminino. Com base nos caracteres avaliados, conclui-se que a UFG-Samambaia é uma variedade promissora para a seleção de genótipos superiores visando à produção de híbridos ou melhoramento populacional.

Agradecimentos: CAPES, CNPQ e FAPEG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO GENETICAMENTE MODIFICADOS COMPARADOS A HÍBRIDOS DE MILHO CONVENCIONAIS NO BRASIL

Nara Oliveira Silva Souza[2*], Leandro Nogueira Ramos[1], Michelle Souza Vilela[2], José Ricardo Peixoto[2].

[1]Corteva Agriscience. [2]Universidade de Brasília - UnB.

*narasouza@unb.br

Palavras-chave: Resistência genética; *Spodoptera frugiperda*; versões transgênicas.

Este estudo avaliou o desempenho em produtividade de cinco híbridos (HP2251, HP5253, HP6490, HP8761 e HP0297). O objetivo deste trabalho foi comparar uma versão não transgênica (base genética convencional), uma transgênica (Bt) com o evento TC1507 e uma transgênica (Bt) com o eventos MON810 e TC1507, para cada um dos cinco híbridos. O experimento foi conduzido em lavouras comerciais na safra 2014/2015, com infestação natural de larvas da lagarta-do-cartucho e controlada com inseticidas. Três locais foram plantados no Distrito Federal, dois em Minas Gerais e três em Goiás. O delineamento experimental foi de blocos casualizados em esquema fatorial 5 x 3, 5 híbridos e 3 versões, em oito locais, com duas repetições. As parcelas experimentais foram de quatro linhas de cinco metros, considerando-se útil apenas as duas linhas centrais. Para estimativa de produção de grãos, as parcelas foram colhidas e o peso foi extrapolado para $kg.ha^{-1}$ e a umidade foi padronizada em 14%. Os dados de colheita foram submetidos à análise estatística utilizando o programa ASReml para obtenção das predições (BLUP) dos efeitos genotípicos e o processo de REML para a estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genotípicos. Não houve evidencias de diferenças de rendimento de grãos devido à presença ou ausência dos eventos transgênicos em estudo. As variações de produtividade dos híbridos observadas foram decorrentes da adaptabilidade destes genótipos à região centro oeste do Brasil em terras altas. Os eventos transgênicos deste estudo não foram os fatores determinantes para a redução de rendimento, indicando possível interação específica entre genótipos e eventos Bt. Portanto, um novo híbrido transgênico deve sempre ser comparado à sua contraparte convencional antes da decisão de lançamento no mercado.

Agradecimentos: Corteva Agriscience; Decanato de Pós-graduação da Universidade de Brasília.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DESEMPENHO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE SOJA EM ENSAIOS PRELIMINARES VISANDO A RECOMENDAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES.

Ana Paula Lira Costa[1]; Alyce Carla Rodrigues Moitinho[1]; Márcio da Silva Gomes[1]; Ruan Jardinetti Pereira[1]; Lucas Berger Munaro[1]; Viviane Formice Vianna[1]; Antonio Orlando Di Mauro[1]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil.

*analiracosta@gmail.com.

Palavras-chave: *Glycine max*; ensaios VCU; recomendação de cultivares.

O aumento da produção de grãos na cultura da soja ocorre em grande parte pela busca por genótipos com características agronômicas desejáveis. Dentre as várias etapas do desenvolvimento de novas cultivares, os Ensaios Preliminares, constituem-se em etapas anteriores aos Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) e são extremamente importantes para a definição dos genótipos que irão compor a etapa final de avaliação e recomendação de cultivares. O objetivo deste trabalho foi caracterizar um grupo de linhagens avançadas de soja visando identificar os genótipos que irão compor Ensaios de Valor de Cultivo e Uso, para a obtenção de futuros cultivares comerciais promissores. O experimento foi conduzido na área experimental da UNESP – Jaboticabal no ano agrícola 2018/19, pela avaliação de 47 linhagens avançadas e 3 cultivares comerciais como testemunhas (M5947IPRO, AS3680IPRO e TMG1175RR), em delineamento de blocos casualizados (DBC), com duas repetições. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre linhas. Os caracteres avaliados foram: número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturidade (APM), acamamento (AC), peso de cem sementes (PC), e produtividade de grãos (PG), obtidos a partir da colheita das plantas da área útil da parcela, as quais foram trilhadas e o peso dos grãos corrigidos a 13% de umidade, convertidos em kg ha-1. Os dados foram submetidos à análise de variância e agrupamento das médias dos genótipos para cada caráter pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, por meio do Software GENES. Em todas variáveis avaliadas, ocorreu diferença significativa para o teste F a 5% de probabilidade, indicando a existência de variabilidade genética. O coeficiente de variação (CV%) oscilou de 1,32 (NDM) a 30,86 (AC), sendo de 9,04% para o caráter produtividade de grãos, considerado adequado de acordo com as normas do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) para ensaios avançados. Em relação ao número de dias para maturidade, verificou-se que os genótipos apresentaram médias entre 104,0 a 122,5 dias. Para o caráter produtividade de grãos, os genótipos apresentaram valores de 1.610 a 5.000 kg ha-1, sendo que a média do experimento foi superior a 3.100 kg ha-1, apresentando nove genótipos com valores acima da média de produção obtida para o Estado de São Paulo no ano agrícola 2018/19 que foi de 3.039 kg ha-1. Os genótipos de melhor desempenho geral foram as linhagens 30, 29, 22, 32 e 24 que podem ser indicadas para comporem os Ensaios de Valor de Cultivo e Uso no próximo ano agrícola, visando futuros lançamentos de cultivares comerciais superiores para a região avaliada, que se constitui em importante região agrícola no Estado de São Paulo.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DESEMPENHO DE PROGÊNIES DE FEIJOEIRO DIFERINDO NO CICLO ORIUNDAS DE UM MESMO POOL GÊNICO

Thaís Lima Marques[1*]; Magno Antonio Patto Ramalho[2]; Ângela de Fátima Barbosa Abreu[3]; Daniel Cordelier Fonseca[3]

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

*limamarques.thais@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; dias para a maturação; produtividade de grãos.

O ciclo de cultivo do feijoeiro é bem curto em comparação a outras espécies. Da semeadura a colheita o ciclo dificilmente é maior que 80-90 dias. Contudo, mesmo com o reduzido número de dias para a maturação, tentativas estão sendo realizadas visando diminuir o ciclo do feijão, sobretudo para que a cultura possa ter mais flexibilidade em participar de sistemas de rotação com outras espécies. No entanto, o período do florescimento à maturação fisiológica é crucial na produtividade de grãos de uma planta e, portanto, a redução no ciclo deve afetar negativamente a produtividade. Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi comparar o desempenho de progênies de ciclo precoce e normal pertencentes ao mesmo pool gênico. Para isso foram obtidas populações segregantes oriundas do cruzamento entre cultivares de feijão carioca de ciclo precoce (BRS FC104) com as cultivares Pérola (pool gênico A), BRSMG Madrepérola (B) e BRSMG UAI (C). Na geração F_2 foram selecionadas visualmente no momento da colheita as plantas de ciclo precoce e normal obtendo-se as sementes das progênies $F_{2:3}$. Essas progênies foram ampliadas e na safra seguinte, safra da seca de 2019, foram avaliadas as progênies $F_{2:4}$. As progênies $F_{2:4}$ do grupo precoce foram avaliadas em experimento distinto das do grupo normal. Em cada experimento foram avaliados 81 tratamentos, sendo os quatro parentais como testemunhas e 77 progênies, sendo 30 oriundas do pool gênico A, 24 do B e 23 do C para o experimento precoce e 14 do A, 17 do B e 47 do C no experimento normal. O delineamento utilizado foi o látice triplo 9x9, sendo cada parcela constituída por duas linhas de dois metros com 10 sementes por metro. Observou-se que o ciclo variou de 66-79 dias para as progênies precoces e 76-85 dias para as progênies normais, comprovando a eficiência da seleção realizada em F_2. As progênies precoces pertencentes ao pool gênico A, foram muito semelhantes em relação ao ciclo das do B e C, porém com produtividade de grãos superior às demais. Com relação às progênies tardias, ocorreu o contrário. As pertencentes ao pool gênico A, foram as que apresentaram a menor produtividade. Independente do pool gênico a média das precoces foi 9% inferior em produtividade às normais. Contudo, quando se considera a produtividade de grãos/dia, as progênies precoces foram equivalentes a 5,03 g/dia, já as normais o valor foi 4,98 g/dia, estimativa essa muito semelhante. Essa produtividade em g/dia também foi semelhante dentro de cada pool gênico. Depreende-se que será difícil selecionar linhagens precoces com produtividade equivalente a uma linhagem de ciclo normal.

Agradecimentos: CNPq, UFLA.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIMENSÃO *in vitro* E *in vivo* DE ASCÓSPOROS DE LINHAGENS DE *Glomerella* spp. DO FEIJOEIRO

Ana Carolina Faria Martins[1]; Mariana Andrade Dias[2]; Fernanda Aparecida Castro Pereira[3]; Elaine Aparecida de Souza[4*]

[1,2,3,4]Universidade Federal de Lavras (UFLA),37200-000, Lavras, MG-Brasil.

*easouza@dbi.ufla.br

Palavras-chave: Comprimento e largura de ascósporos.; Antracnose.; Sarna.

A antracnose é uma das principais doenças fúngicas que afetam o feijoeiro comum. O agente etiológico é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum*. Em sua forma sexuada é denominado *Glomerella cingulata* f. sp. *phaseoli*, o qual produz peritécios contendo de um a oito ascósporos. A sarna é uma doença emergente, identificada recentemente nos campos de produção, que vem sendo associada ao gênero *Colletotrichum*, porém há dúvida quanto a espécie. A grande variabilidade encontrada no gênero tem sido associada à reprodução sexuada. Portanto, o objetivo deste trabalho foi analisar a dimensão de ascósporos de quatro linhagens de *Glomerella* spp. oriundas de lesão de sarna e antracnose do feijoeiro. Os experimentos foram conduzidos *in vitro* e *in vivo*. O experimento *in vitro* foi conduzido em DIC com parcela subdividida no tempo (11 dias e 18 dias após a incubação) com três repetições. A parcela foi constituída por uma placa de Petri com meio BDA contendo o isolado e incubada em BOD. O experimento *in vivo* foi conduzido em DIC com parcela subdividida no tempo em esquema fatorial 4x2 com três repetições. As linhagens foram inoculadas nas cultivares de feijoeiro Pérola e Majestoso. Foram realizadas inoculações nas plantas mantidas em casa de vegetação e em folhas e pecíolos destacados, os quais foram depositados em placas de Petri contendo papel umedecido e incubados em BOD. Na análise *in vitro* foram obtidos dois grupos distintos e apenas a linhagem 38-3A diferiu das demais, apresentando menor comprimento de ascósporos. Já na avaliação *in vivo* considerando folhas destacadas, na linhagem Pérola, houve diferença significativa apenas para o comprimento. Já na cultivar Majestoso, foram formados dois grupos distintos. Comparando-se cada linhagem nas duas cultivares, houve diferença significativa apenas na linhagem 13-1A1, a qual produziu ascósporos de maior comprimento na cultivar Majestoso. Na inoculação *in vivo*, realizada nas plantas em casa de vegetação, somente a linhagem 13-1A1 quando inoculada na cultivar Majestoso produziu peritécios até os 18 dias. Foram observados ascósporos de comprimento e larguras médias de 11,0 e 4,1 µm. Estes valores foram semelhantes aos encontrados na análise *in vitro* para a maioria das linhagens. Observou-se variabilidade para a dimensão de ascósporos entre as linhagens avaliadas, sendo essa característica passível de ser influenciada pela cultivar.

Agradecimentos: CNPQ, CAPES e FAPEMIG.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DISCRIMINAÇÃO DE HAPLOIDES E DIPLOIDES MATERNOS EM MILHO POR MEIO DE CARACTERÍSTICAS DE PLÂNTULA

Mariana Martins Marcondes[1], Vanderlei Aparecido de Lima[2]; Carlos Alberto Scapim[3]; Rodrigo Gomes[4]; Nathany Ribeiro Chiquito[1*]; Marcos Ventura Faria[1]

[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO); [2] Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) .[3]Universidade Estadual de Maringá (UEM); [4]Nidera Seeds Ltda.

*nathany_chiquito@hotmail.com

Palavras-chave: coleóptilo; indutor gimnogenético; radícula; R-navajo (*R1-nj*)

A tecnologia de duplo-haploides (DH) em milho tem sido bastante estudada por reduzir o tempo na obtenção de linhagens puras, otimizando mão de obra e custos operacionais nos programas de melhoramento. A identificação precoce dos haploides complementa o sucesso da utilização de DH em larga escala e a busca por protocolos eficazes para essa finalidade tem sido cada vez mais difundida. O objetivo com o presente trabalho foi avaliar estratégias de classificação, a partir de características de plântula, para detectar diploides em meio a haploides putativos, na indução de três híbridos de milho cruzados com dez indutores gimnogenéticos de haploidia, a partir de sementes classificadas pela expressão do marcador *R1-nj*. Essas sementes foram germinadas em rolos de papel e após 96 h em câmara BOD, as plântulas foram avaliadas quanto ao comprimento do coleóptilo (CC) e da radícula (CR), diâmetro do coleóptilo (DC) e da radícula (DR) e número de raízes seminais laterais (NRSL). Posteriormente, as plântulas foram transplantadas para o campo e, durante o florescimento, as plantas foram classificadas quanto à ploidia real pela avaliação fenotípica *gold standard*, por meio de características de vigor e fertilidade. As características de plântula foram variáveis em relação ao híbrido, ao indutor e ao nível de ploidia. De maneira geral, plantas diploides sempre apresentaram incremento das características avaliadas em relação às plantas haploides. Na média, independentemente do cruzamento de indução, a magnitude das diferenças entre plantas haploides e diploides foi de 10,64 mm para CC; 33,16 mm para CR; 0,32 mm para DC; 0,205 mm para DR e o NRDL foi de 1,11 raízes/planta. Em conjunto, considerando todas as características de plântulas atuando sobre o fenótipo, as taxas máximas encontradas para FDR (*False Discovery rate*) foram de 24,44% e para FNR (*False negative rate*) de 23,64%, sendo ainda que taxas mínimas iguais a 0% também foram encontradas. As taxas de FDR e FNR, bem como altos valores de AUC (*Area under curve*) (≥0,78) e acurácia (≥73,56%) indicaram que o teste diagnóstico baseado nas características de plântula, pode ser integrado no estágio de identificação de haploides e descarte de diploides, melhorando a eficiência na produção de linhagens DH.

Agradecimentos: CAPES e Nidera Seeds Ltda.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERSIDADE FENOTÍPICA E CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE SOJA

Ayza Camargos[1*]; Antonio Pizolato Neto[2]; Fabiana Mota da Silva[2]; Maurício Dutra Zanotto[1]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Botucatu. Departamento de Produção Vegetal, CEP 18610-034, SP, Brasil. [2] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil.

*ayzacamargos@gmail.com

Palavras-chave: *Glycine max* L.; qualidade fisiológica; multivariada.

Em função de identificar potenciais parentais a serem utilizados por um programa de melhoramento genético visando alta qualidade fisiológica de sementes e patamares ideais de produtividade, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade fenotípica através de caracteres agronômicos que afetam a produção e o potencial fisiológico de 32 comerciais brasileiras de soja, possibilitando futura seleção dos melhores genitores para compor um programa de melhoramento genético de soja direcionado ao Cerrado brasileiro. Foram avaliadas oito características fenotípicas: números de dias para o florescimento, número de dias para a maturidade, altura de planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós, número de vagens total, peso de 1000 sementes e produtividade; sete para qualidade fisiológica de sementes: dano por percevejo, dano mecânico, dano por umidade, vigor, germinação e envelhecimento acelerado. O experimento a campo foi conduzido na safra 2017_2018 sob delineamento inteiramente casualisado com 3 repetições em área experimental localizado no Sudoeste Goiano. Para as avaliações quanto à qualidade fisiológica, foi retirada uma amostra em bulk após beneficiamento de cada cultivar para condução dos testes de germinação, tetrazólio e envelhecimento acelerado a 48 hrs. As análises das características quantitativas foram conduzidas por técnicas de estatística multivariada e componentes principais, considerando as médias fenotípicas para estimar a distância Euclidiana e determinar a ligação entre grupos pelo método de Ward. Nos testes realizados em laboratório para qualidade fisiológica, o delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado (DIC), os dados foram submetidos à análise de variância, ao teste F e teste Scott-Knott a 5% e 1% de significância. Foram selecionadas as cultivares AS 3797IPRO, AS 7307RR, CD 2728 IPRO, CD 2820IPRO, TMG 2181IPRO, TMG 2183IPRO como possíveis genitores para compor o bloco de hibridações do programa de melhoramento visando alto potencial fisiológico e produção de sementes.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS ELITE DE FEIJÃO-COMUM ESTIMADA COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

Ana Rúbia de Sá Santos[1]; Laysla Morais Coêlho[2]; Rodrigo de Souza Silva[2]; Helton Santos Pereira[3]; Leonardo Cunha Melo[3]; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza[3]

[1]Faculdade Araguaia.[2]Universidade Federal de Goiás. [3]Embrapa Arroz e Feijão.

*thiago.souza@embrapa.br

Palavras-chave: *Phaseolusvulgaris*L.; Distância Genética, Variabilidade Molecular.

O feijoeiro-comum (*Phaseolusvulgaris* L.) é uma das leguminosas mais utilizadas na alimentação humana, por ser importante fonte de proteínas, carboidratos, vitaminas e minerais. Entretanto, sua produçãoéafetada por fatores bióticos e abióticos, sendo dedicado grande esforço no desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas às condições mais adversas que limitam a produção e a qualidade dos grãos. Sendo assim, a caracterização molecular de linhagens elite de feijoeiro-comum, a serem lançadas como cultivares ou mesmo utilizadas como genitores, é importante para que os melhoristas avaliem a variabilidade desse germoplasma e para a determinação de sua identidade genética. Assim, o objetivo desse trabalho foi analisar a diversidade genética de linhagens elite de feijoeiro-comum com marcadores microssatélites. Foram coletadas amostras foliares de 44 cultivares e linhagens elite do programa de melhoramento de feijão da Embrapa, avaliadas no ciclo de ensaios de VCU 2018/19, com grãos de diferentes classes comerciais: carioca, preto, rajado, branco, mulatinho, roxo, entre outras. A extração de DNA foi realizada pelo método CTAB e as amostras submetidas à reação de PCR-multiplex com 24 marcadores microssatélitesbem distribuídos no genoma do feijoeiro. A matriz de dissimilaridade genética entre os pares de genótipos foi estimada por meio do índice não-ponderado e utilizada para a construção do dendrograma de distâncias genéticas por meio do método UPGMA, com o auxílio do programa GENES. Com base na análise de agrupamento foram formados seis grupos. O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,93, evidenciando adequado ajuste entre a matriz de distâncias genéticas e o dendrograma. No grupo I, formado por seis genótipos, foi verificada a menor distância genética, a observada entre as linhagens CF240050 e CF840732 (d_{ij} = 0,04), sendo este grupo formado por linhagens de grãos branco e vermelho graúdo (DRK e LRK). Distâncias totais (d_{ij} = 1,00) foram observadas entre genótipos de outros grupos. O grupo II ficou caracterizado por linhagens de feijão rajado, roxo e mulatinho. Já o grupo III alocou apenas a linhagem CNFR 16997, de grão rajado. O grupo IV foi formado por 19 linhagens e cultivares de grãos carioca (17 genótipos) e preto (CNFP 16379 e CNFP 16384). O grupo V incluiu 11 genótipos de grãos preto, roxo, mulatinho e apenas um genótipo carioca.Por sua vez, o grupo VI foi formado apenas pela linhagem de grãos mulatinho, a CNFM 16012, sendo a mais divergente em relação a todos os outros genótipos analisados. Nota-se que há variabilidade genéticaentre as cultivares e linhagens do ciclo de ensaios de VCU 2018/19 da Embrapa, mesmo sendo germoplasma elite melhorado. Foi possível verificar também que os locos microssatélites utilizados foram capazes de discriminar todas as linhagens avaliadas, uma vez que a menor distância genética observada foi de 4,0% (diferente de 0,0%).

Agradecimentos: CNPq, FAPEG, Embrapa Arroz e Feijão e Universidade Federal de Goiás.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERSIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES BIOQUÍMICOS EM ACESSOS DE FEIJÃO DO INSTITUTO AGRONÔMICO DO PARANÁ

Alison Fernando Nogueira[1]*; Luriam Aparecida Brandão[1]; Leonel Vinicius Constantino[2]; Giovana dos Santos[1]; João Gabriel Macedo Mafla[2]; Camila Maria do Carmo[1] Leandro Simões Azeredo Gonçalves[2] Vania Moda-Cirino[1]

[1]Instituto Agronômico Do Paraná (IAPAR) [2]Universidade Estadual de Londrina (UEL).

*alllisonfernando@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris L.;* Melhoramento Genético; Alimento Funcional

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) tem um importante papel social, econômico e nutricional em diversos países do mundo, principalmente nos Africanos e da América Latina. Essa leguminosa é fonte de proteína, carboidratos, vitaminas e minerais, além de ser reconhecidamente um alimento funcional, devido à presença de compostos com atividade antioxidante que contribuem para a promoção da saúde. Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética relacionado ao conteúdo de compostos com potencial nutracêuticos de 40 acessos de feijão do banco de germoplasma do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR). Os grãos foram moídos e peneirada em malha de 60 *mesh*, uma suspensão foi preparada com 1,0 g de farinha em 10,0 mL de etanol 70% (v/v) e o sobrenadante foi separado para análises após filtração. A quantificação dos compostos fenólicos totais (CFT) foi realizada pelo método de Folin-Ciocalteau e os resultados expressos em mg de equivalente de ácido gálico (GAE) por 100 g massa seca. Os flavonoides totais (FT) foram quantificados a partir de uma curva padrão de quercetina, expressos em mg de equivalente de quercetina por 100 g de massa seca. A atividade antioxidante (DPPH) foi estimada pelo ensaio de sequestro de radicais DPPH• por espectrofotometria a 517 nm, e os resultados foram expressos como capacidade antioxidante equivalente a Trolox (TEAC) por 100 g de massa seca. Os dados foram submetidos a análise de variância (Anava), teste de agrupamento de médias Scott-Knott. Todas as análises estatísticas foram realizadas pelo software R utilizando os pacotes factoMiner e easyanova. Pela Anava foi observado efeito significativo para todas as características. O coeficiente de variação foi de 3, 4 e 5% para as características DPPH, FT e CFT, respectivamente. Os acessos do grupo comercial carioca e preto tiveram maiores concentrações de CFT. As cultivares cariocas TAA Gol (32,83 mg GAE 100 g-1) e IAC Formoso (36,56 mg GAE/100g) tiveram maiores concentrações desse composto. Para FT os feijões andinos e cariocas, tiveram maiores concentrações, sendo que os genótipos LPSIA-0907 (28,65 mg QE/ 100 g) e 0938 (28,43 mg QE/ 100 g) apresentaram as maiores médias. Para DPPH, os acessos do grupo andino apresentaram os maiores valores. O genótipo LPSIA-0938, junto com ao cultivar BRS Radiante, apresentaram maiores valores, com 459,99 e 458,79 µmol TEAC/100 g, respectivamente. Os acessos LPSIA-0938 e 0907 foram os melhores para as variáveis entre os andinos, no grupo comercial carioca os acessos IAC Formoso e TAA Gol e no grupo preto o acesso BRS Valente, podendo ser utilizadas como genitores superiores para uso nos programas de melhoramento genético visando genótipo com composição nutricional melhorada para alimentação humana.

Agradecimentos: Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR), Capes, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Laboratório de Ecofisiologia e Biotecnologia Agrícola (LEBA).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DOMINANCE EFFECTS CAN INFLUENCE GENETIC CONTROL OF POPPING EXPANSION IN POPCORN UNDER DIFFERENT WATER CONDITIONS?

Valter Jário de Lima[1*], Rosimeire Barbosa Bispo[1], Talles de Oliveira Santos[1], Jhean Torres Leite[1], Samuel Henrique Kamphorst[1], Shahid Khan[1], Fernando Rafael Alves Ferreira[1], Antonio Teixeira do Amaral Junior[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

*valter_jario@hotmail.com.

Keywords: Diallel; Hayman; Inheritance.

To know the mode of gene action and the inheritance of economically important traits of agricultural crops is essential to breeding programs. The objective of this work was to study the inheritance of popcorn popping expansion in environments with different water regimes. For this, a complete diallel was used, composed of eight parents and their 28 hybrids. The experiment, in a randomized block with three replicates, was conducted under well-watered (WW) and water stress (WS) conditions. The irrigation supply was stopped in the pre-flowering stage. The popping expansion (PE) was obtained by the volume and mass quotient of 30 grams of expanded grains. The analysis of variance and Hayman diallel analysis were performed. In WW and WS, genetic variability was observed for PE (p <0.01). The PE reduction was 8.88%, comparing the two environments. The presuppositions imposed by Hayman's methodology were validated. The mean degree of dominance revealed complete dominance effects in both conditions. The distribution of the alleles between the parents revealed values below 0.25 in WS and WW, indicating allelic symmetry. The relationship between dominant/recessive alleles was inconsistent, there was predominance of dominant homozygous forms in WW (2.47) and WS (1.74). The PE did not present genes with dominance in both environments. The broad- and narrow-sense genotypic coefficients of determination were high: 0.50 in WS, 0.56 in WW; and 0.84 in the WS 0.83 in the WW, respectively. The components associated with the effects of dominance were higher than those of additivity (D) in both environments. The correlation between Yr and (Wr + Vr) was practically null, with a slight tendency of the recessive alleles to be more important (with r = 0.01 in WS and r = 0.06 in WW). It was verified that none of the studied parents presented Wr + Vr superior to the theoretical values of the selection, showing the possibility of increase in PE by means of selection in the segregating population obtained from the diallel. In general, the inheritance of this trait was expressed in a similar way, regardless of the imposed water condition. Thus, breeding methods can be applied equally in WW and WS. The mean degree of dominance and the components associated with the dominance effects revealed dominance effects in PE trait, in WS and WW environments. Meanwhile, the number of dominant genes was close to zero and the coefficient of determination values was greater than 50%, indicating additivity. According to the literature, polygenes with additive gene action and dominant (mixed inheritance) can control PE expression. We suggest the occurrence of mixed inheritance for the characteristic. Thus, reciprocal recurrent selection becomes the most appropriate method for PE gains in both conditions (WW e WS) by capitalizing on additive and dominance effects.

Acknowledgments: CNPq, FAPERJ, UENF. This study was financed with the support of the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Ensino Superior -Brazil (CAPES) - Financial Code 001.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DUPLO-HAPLÓIDES DE MILHO SUPERDOCE OBTIDOS EM CASA DE VEGETAÇÃO

Otávio Gabriel Lalau Hoda[1], Vitor Joaquim de Lucena[1], Maria Eduarda Mariano de Oliveira[1], João Fernando Barreiro Freitas[2], Rosângela Maria Pinto Moreira[1], Josué Maldonado Ferreira[1]

Universidade Estadual de Londrina[1], Tropical Melhoramento & Genética[2].

josuemf68@gmail.com

Palavras-chave: *Zea mays* var. *saccharata*; Linhagens; Duplicação Cromossômica.

A adequação da tecnologia de duplo-haplóides para a cultura do milho superdoce é um importante passo para acelerar a obtenção de linhagens completamente homozigóticas, visando a síntese de novos híbridos. Os objetivos deste trabalho foram determinar a taxa de indução do indutor PI4001, em cruzamentos com populações de milho superdoce, e realizar a obtenção de linhagens duplo-haplóides em casa de vegetação. Cinco populações de milho superdoce e o híbrido DKB390 foram cruzados com o indutor PI4001, sendo as espigas avaliadas e as sementes classificadas quanto o padrão de marcação promovido pela expressão do gene *R1-nj*. As sementes foram classificadas como diplóides (embrião e endosperma púrpura), haplóides putativas (apenas endosperma púrpura) e não marcadas. As sementes haplóides putativas foram semeadas em bandejas com 64 células, contendo substrato orgânico, e mantidas em casa de vegetação. Na fase de duas a três folhas foi realizado o *roguing* das plântulas mais vigorosas, evidentemente diplóides, e o tratamento das plântulas aparentemente haplóides, com 100 µL/plântula da solução de colchicina (0,125%) e dimetilsulfóxido (0,5%), injetado 3 a 5 mm acima do meristema basal do caule, visando a duplicação cromossômica. As plântulas tratadas foram transplantadas para vasos de 15 L de solo com adubo orgânico, sendo realizadas três adubações de cobertura com 1g de uréia/vaso, com intervalos de 14 dias. A porcentagem de espigas com grãos bem marcados por população variou de 69,6% a 100%, evidenciando a existência segregação para inibição da expressão do gene *R1-nj* em algumas populações de milho superdoce. A porcentagem média geral de sementes haplóides putativas por espigas foi igual a 11,1%. Foi alcançada uma média de germinação de sementes haplóides putativas igual a 98,4%, contendo apenas 0,9% a 5,5% plantas realmente haplóides, indicando a ocorrência de elevadas taxas de falsos positivos, quando utilizado o indutor PI4001. Na etapa de autofecundação, todas as plantas produziram espiguetas com emissão de estilo-estigma, mas foi observada a ocorrência de 4,5% a 50% de plantas machos estéreis, indicando um efeito variável da duplicação cromossômica nos genótipos. Foi observada uma média de 18,2% de mortalidade das plântulas após a aplicação da colchicina, sendo possível obter sete linhagens duplo-haplóides de milho superdoce e duas de milho comum. O indutor PI4001 apresenta taxas variáveis de indução em cruzamentos com diferentes genótipos de milho e necessita passar por melhoramento visando o aumento da taxa de indução de haplóides verdadeiros. A realização deste trabalho, em casa de vegetação, permitiu a obtenção de linhagens duplo-haplóides de milho superdoce, sem ocorrência de danos por pragas ou doenças nas espigas D0 autofecundadas.

Agradecimentos: À Universidade Estadual de Londrina (UEL), à Tropical Melhoramento & Genética (TMG) e a Fundação de Apoio ao Desenvolvimento da UEL (FAUEL) pelo apoio na realização deste trabalho.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

É POSSÍVEL AUMENTAR A PRODUTIVIDADE DA SILAGEM DE MILHO SEM PREJUDICAR SUA QUALIDADE?

Marcela Pedroso Mendes Resende[1]; Angelina Luzia Ciappina[1]; Márcio Lisboa Guedes[1]; Luís Augusto Pureza Machado[1]; Marcos Lopes Rodovalho[1]; Patrícia Guimarães dos Santos Melo[1]

[1]Universidade Federal de Goiás.

*marcelapmr@ufg.br

Palavras-chave: *Zea mays* L.; teor de fibra; FDA.

O indicativo de digestibilidade da silagem é a fibra em detergente ácido (FDA), que fornece a quantidade de fibra não digestível pelo animal. Acredita-se que esse caráter está relacionado a outros caracteres bromatólogicos que interferem na qualidade e produção da silagem. O objetivo desse estudo foi avaliar se alguns caracteres influenciam direta ou indiretamente o teor de fibra em detergente ácido (FDA) em híbridos de milho. Foram avaliados 21 híbridos comerciais de milho recomendados para produção de silagem, especialmente para a região Centro-Oeste. O experimento foi realizado na primeira safra de 2017/2018, na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (UFG), em Goiânia-GO. Utilizou-se delineamento em blocos ao acaso com três repetições, e parcelas de uma linha de 4 m com 20 plantas. As plantas foram cortadas quando os grãos apresentavam 75% da linha de leite, sendo o corte manual a 0,20 m do solo. As plantas de cada parcela foram picadas por máquina forrageira com tamanho médio de partículas de 2 cm, e pesadas para determinação da produtividade de matéria verde (PMV, em $t.ha^{-1}$). Uma amostra foi levada para secagem em estufa de ventilação forçada a 55ºC por 72 horas para obtenção da produtividade de matéria seca (PMS, $t.ha^{-1}$). Outra amostra foi armazenada em mini silos e, após 120 dias, a porção central da silagem obtida foi homogeneizada, levada para secagem e moída em partículas de 1 mm. As análises bromatológicas foram realizadas no Laboratório de Nutrição Animal (LANA) da Escola de Veterinária e Zootecnia da UFG. Foram obtidos os teores de fibra em detergente ácido (FDA), de nutrientes digestíveis totais (NDT), de matéria orgânica (MO) e de matéria mineral (MM). Procedeu-se análise de trilha desdobrando as correlações fenotípicas entres os caracteres em efeitos diretos e indiretos sobre a FDA, utilizando o software Genes. Todos os caracteres apresentaram correlação fenotípica significativa com FDA, exceto PMS. Apesar disso, nenhum caráter apresentou efeito direto significativo sobre FDA; apenas efeito indireto, via FDN. Isso indica que é possível aumentar a produtividade da silagem (PMV e PMS), sem prejudicar a qualidade, e que os teores de MO e MM interferem na quantidade de fibras da planta, mas não necessariamente na parte que não é digestível pelo animal.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPEG e UFG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ECOPHYSIOLOGICAL MODELS IMPROVE PREDICTION ACCURACY IN GENOMICS-ASSISTED MAIZE BREEDING

Germano Costa-Neto1*; Giovanni Galli1; Roberto Fritsche-Neto1

1Departament of Genetics, "Luiz de Queiroz" College of Agriculture (ESALQ/USP).

*germano.cneto@usp.br

Key-words: envirotyping; crop growth models; genomic selection

Whole-genome prediction (WGP) is an interdisciplinary method to support artificial selection by speeding-up breeding decisions and optimizing costs. Currently, multi-environment WGP models are limited in exploring environmental-related factors, which may be the cause of their lower accuracy in reproducing complex patterns of genotype × environment interaction (G×E). Therefore, this study aimed to incorporate theoretical plant ecophysiology concepts into both the environment (E) and G×E modeling in a context of genomic prediction. For that, first, we developed a geographic information system (GIS) tool to collect environmental data, e.g., daily weather, soil class, and elevation. Then, crop growth models were used to process this data and produced empirical environmental markers across crop development stages, the so-called envirotype-markers. Finally, these envirotype-markers were used to build environmental relationship kernels (K_E), relying on the concept of frequency of occurrence of stressful and optimal events for crop growth and development. To implement ecophysiological-enriched WGP models, the K_E was used as the variance-covariance kernel of random environmental effects, which we can derive the G×E matrices by the Hadamard's product between genomic relationships matrices (K_A for additivity effects and K_D for dominance deviation) and K_E. As a proof-of-concept, we used two large multi-environment (MET) maize data sets and compared our model's prediction accuracy (PA) with benchmark GBLUP models, which assumes fixed environmental effects and block diagonal matrix for G×E deviations random effects. Cross-validation was based on the simultaneous sampling of genotypes (30% as testing population set) and environments (leaving-one-environment out). All models were implemented in BGGE R-package by running 15,000 iterations and 1,500 as burn-in. The improvement in PA from the benchmark GBLUP models was up to 36% (prediction of new G in known E), 27% (know G in new E) and 32% (prediction of full-new G×E). Furthermore, the residual variance was reduced by 63%, and phenotypic plasticity was better modeled across environments (increased of 28%), which indicates that K_E based models more realistically discriminate the physiological G×E drivers from stochastic noises. Moreover, it was observed an increase up to 61% (from 0.18 to 0.47) of in the genomic-heritability estimates, suggesting that our models can also promote higher genetic gains when used in early stages of breeding programs. The use of K_E based models may be a cost-effective alternative to increase MET selection efficiency, mainly applied to boost breeding for crop adaptation under environmental-limited conditions. Therefore, the ecophysiological-enriched WGP models allowed more accurate modeling of G×E patterns, raising opportunities for MET optimization, by reducing costs for experimental conductions and accelerating yield adaptability screening for target environmental factors.

Acknowledgments: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) and the Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITO DA DENSIDADE POPULACIONAL SOBRE O CRESCIMENTO E DESENVOLVIMENTO DE GENÓTIPOS DE *Salvia hispanica* L.

Adilson Ricken Schuelter[1,2*]; **Débora Pereira**[2]

[1]UDC Medianeira – Faculdade Educacional de Medianeira, Medianeira (PR). [2]UDC Centro – Centro Universitário Dinâmica das Cataratas, Foz do Iguaçu (PR). PR.

*adilson_schuelter@yahoo.com.br

Palavras-chave: produtividade; ajuste fitotécnico; sementes.

Salvia hispanica, denominada popularmente por chia, é uma espécie nativa da América Central, empregada por muitos séculos pelos povos pré-colombianos e que praticamente desapareceu com a colonização espanhola. A semente apresenta elevados teores de óleos, proteínas, substâncias antioxidantes e minerais, podendo ser utilizada para alimentação humana e animal. No Brasil seu cultivo começou a ser estudado recentemente, sendo que informações sobre germoplasma e o manejo fitotécnico são bastante escassos. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito de dois genótipos de chia submetidos a diferentes densidades populacionais. O experimento foi conduzido no período de janeiro/maio de 2019, em propriedade rural do Oeste do Paraná, localizada no município de São Miguel do Iguaçu/PR. O delineamento experimental empregado foi blocos casualizados em esquema fatorial, constituído pelos genótipos denominados de ChiaSE - Sementes escuras e ChiaSB – Sementes brancas, avaliados sob cinco densidades de populacionais (40.000, 50.000, 60.000, 70.000 e 80.000 plantas.ha^{-1}), empregando-se espaçamento entrelinhas de 0,5 m. As seguintes variáveis resposta foram avaliadas: Altura de planta (AP); Número de ramos (NR); Número de inflorescência (NI); Tamanho médio de inflorescência (TI) e Produtividade (PROD). Os resultados do experimento foram submetidos a análise de variância (ANOVA), empregando-se modelo estatístico DBC em esquema fatorial duplo, e, na sequência, realizou-se a análise de regressão para PROD. Pelos resultados da ANOVA, detectou-se diferença significativa pelo teste F para AP considerando-se o fator população e da interação genótipo x população. Nesse contexto, verificou-se comportamento diferencial para crescimento dos dois genótipos, sendo que para ChiaSB houve aumento substancial da AP com o incremento da população. Para variável NR, detectou-se apenas diferença significativa pelo teste F quando foi avaliada a resposta das Cultivares em plantio contendo população de 40 mil plantas.ha^{-1}, sendo que ChiaSE foi a que apresentou maior número médio de ramos. Pela avaliação do caractere NI, observou-se diferença significativa pelo teste F para fonte de variação Cultivar, e para o desdobramento do efeito de cultivar dentro da população de 40 mil plantas.ha^{-1}, tendo sido constatado que ChiaSE obteve maior número médio de inflorescências em relação ChiaSB. Para a variável TI, verificou-se apenas diferença significativa pelo teste F a 1% de probabilidade, com a análise do efeito das populações dentro da cultivar ChiaSE. Nesse contexto, populações de 50 e 70 mil plantas.ha^{-1} de ChiaSE apresentaram inflorescências maiores do que as de 80 mil plantas.ha^{-1}. Em relação a variável PROD, detectou-se que o genótipo ChiaSE foi mais produtivo em relação a população de ChiaSB, e que as maiores produtividades foram alcançadas em populações 50 e 70 mil plantas.ha^{-1} de ChiaSE. Enfim, com base nos genótipos testados e densidades populacionais empregadas, pode-se concluir que houve influência sobre o crescimento e desenvolvimento de plantas de chia, incluindo-se a produtividade.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa, instituições de ensino etc (opcional).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITO DA INCLUSÃO DO PARENTESCO GENÔMICO EM ANÁLISES DIALELICAS DE MILHO TROPICAL

Raysa Gevartosky[1*]; Júlia Silva Morosini[1]; Fernando Garcia Espolador[1]; Miriam Suzane Vidotti[2]; Filipe Couto Alves[3]; Anna Rita Marcondes dos Santos[1]; Roberto Fritsche-Neto[1]

[1]Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – Brasil. [2]Universidade Federal de Goiás – Departamento de Melhoramento de Plantas, Brasil. [3]Michigan State University – Department of Epidemiology and Biostatistics, EUA.

*raysagevartosky@usp.br

Palavras-chave: efeito aditivo; dominância; modelagem diferencial

A incorporação da matriz de parentesco nas análises genético-estatísticas permite aumentar a acurácia na estimação dos componentes de variância e valores genéticos dos indivíduos. Neste contexto, a utilização de dados genômicos permite determinar o parentesco real entre indivíduos, pois captura o efeito da segregação mendeliana. Geralmente, as análises dialélicas tem como pressuposto que os genitores são não-aparentados, o que na grande maioria dos casos não representa a realidade dos programas de melhoramento. Diante do exposto, o objetivo foi elucidar o efeito da inclusão das matrizes de parentesco genômico aditivo e de dominância nas estimativas de analises dialélicas. Para isso, foram utilizados 906 híbridos de milho tropical, obtidos por dialelo desbalanceado a partir de 49 linhagens endogâmicas. Estes foram avaliados em dois locais (Piracicaba-SP e Anhembi-SP), dois anos (2016 e 2017) e dois regimes de N (baixo - BN e ideal - IN). Os experimentos foram dispostos em blocos aumentados de Federer, com duas testemunhas comerciais. As características avaliadas foram produtividade (PG), altura de plantas (AP), altura de espiga (AE) e o índice Média Harmônica (MH). As linhagens foram genotipadas com 616.201 SNPs. A partir destes, realizou-se o *Call Rate* (CR > 0.90) e a eliminação de marcadores heterozigotos para compor a matriz dos híbridos. Nesta, os procedimentos *Minor Allele Frequency* (MAF < 0.05) e desequilíbrio de ligação (LD < 0.90) foram empregados, totalizando 34.571 SNPs de alta qualidade. Os valores fenotípicos foram ajustados para delineamento experimental considerando bloco como efeito aleatório e genótipo como fixo. Em seguida, os valores genotípicos foram preditos usando equações de modelos mistos REML/BLUP. Nesta etapa, três modelos foram considerados: (I) genitores não-aparentados, com matriz de variância-covariância correspondente a uma identidade; (Ga) modelo aditivo, com incorporação da matriz de parentesco genômica aditiva para genitores; (Ga+Gd) modelo aditivo-dominante, no qual além da Ga para os genitores, foi considerada a matriz de parentesco genômico de dominância entre os híbridos. Observou-se que, com a incorporação de informação genética no modelo, ou seja, de I para Ga+Gd, houve aumento na variância aditiva e na herdabilidade no sentido restrito. Ademais, em todos caracteres, a variância genética total aumentou do modelo I para Ga e decresceu do Ga para o Ga+Gd. Isto indica que houve maior eficiência na capitalização da variância de dominância ao adicionar informação de parentesco genômico entre os indivíduos. As capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação pouco mudaram entre os modelos para todos os caracteres. Por exemplo, a correlação mínima entre as CGC foi 0,98 entre os modelos I e Ga+Gd e 0,82 para as CEC entre os modelos Ga e Ga+Gd. Conclui-se que informação de parentesco genômico aumenta a captação de variância genética aditiva e melhora as estimativas genéticas proporcionalmente ao nível de incorporação no modelo.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP – Processo 2017/25549-6), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITO DO ESTRESSE SALINO NA GERMINAÇÃO E EMERGÊNCIA DE SORGO BIOMASSA

Maricelma Barbosa Nascimento[1*]; Raéder Correia de Souza[1]; Vanessa Silva Romanoski[1]; Paulo Roberto de Moura Souza Filho[1]; Adérico Júnior Badaró Pimentel[1]

[1]Universidade Federal do Oeste da Bahia.

*maricelmaagro@gmail.com

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; estresse abiótico; cultivar.

O sorgo é uma espécie amplamente cultivada em regiões quentes e secas, onde se destaca na produção de grãos e forragem. Além do uso na alimentação humana e animal, a pesquisa agrícola tem se voltado para o estudo e utilização dessa cultura como fonte de biomassa vegetal para geração de energia. Por ser comumente cultivado em áreas marginais, onde ocorrem estresses abióticos, faz-se necessário o conhecimento do comportamento de cultivares desse tipo de sorgo em ambientes de produção com essas características. Assim, o presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar o efeito do estresse salino sobre a emergência de plântulas de sorgo biomassa. O experimento foi instalado em Esquema Fatorial, com o fator Cultivares constituído por dois níveis (BRS 716 e CMSXS 7016) e o fator Estresse Salino composto por cinco níveis, induzidos por solução de NaCl nas concentrações 30, 60, 90, 120 mM e o controle com água destilada. Os tratamentos foram dispostos em Delineamento em Blocos Casualizados, com três repetições. A parcela foi constituída por um recipiente retangular (18x11x3,5 cm), preenchido com areia lavada, onde foram semeadas 30 sementes e em seguida adicionado 120 mL de água destilada ou solução corresponde a cada nível de estresse. Feito isso, as parcelas foram mantidas em ambiente com temperatura controlada em 25 °C e fotoperíodo de 12 horas. O substrato de semeadura foi mantido na capacidade de campo pela adição de água destilada. Os caracteres avaliados foram o Número de Plantas Emergidas Seis Dias Após a Semeadura (NPE-6-DAS) e o Número de Plantas Emergidas Dez Dias Após a Semeadura (NPE-10-DAS). Aos seis dias, foram consideradas emergidas as plântulas que apresentaram coleóptilo com 5 mm de comprimento acima da superfície do solo. Aos dez dias, foram consideradas emergidas as plântulas que apresentaram desenvolvimento completo da primeira folha. A análise de variância evidenciou efeito significativo ($p < 0,05$) de Cultivares e Estresse Salino, para o NPE-6-DAS, e de Estresse Salino, para o NPE-10-DAS. A cultivar BRS 716 apresentou média de 15 plantas emergidas aos seis dias após a semeadura, enquanto a CMSXS 7016 apresentou média de 21 plantas. Aos dez dias, a média das cultivares BRS 716 e CMSXS 7016 foi 17 e 21 plantas emergidas, respectivamente. Para o fator Estresse Salino a análise de regressão polinomial demonstrou que o modelo de equação de primeiro grau explica o número de plantas emergidas em função dos níveis de salinidade para o NPE-6-DAS ($y = 29,202 - 0$, e $R^2 = 0,89$) e para o NPE-10-DAS ($y = 31,166 - 0,1978x$ e $R^2 = 0,90$). Conclui-se que o estresse salino reduz a emergência de plântulas de sorgo biomassa e que a resposta das cultivares é independente dos níveis de salinidade.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITO DO PACLOBUTRAZOL SOBRE O CRESCIMENTO E DESENVOLVIMENTO DE CHIA (*Salvia hispanica* L.)

Elaine Cristina Disner[1]; Diogo Dembocurski[1]; Adilson Ricken Schuelter[1,2*]

[1]UDC Medianeira – Faculdade Educacional de Medianeira, Medianeira (PR). [2]UDC Centro – Centro Universitário Dinâmica das Cataratas, Foz do Iguaçu (PR). PR.

*adilson_schuelter@yahoo.com.br

Palavras-chave: regulador do crescimento; floração; sementes.

A chia é uma planta que apresenta semente rica em substâncias como óleo, proteínas e fibras, tendo crescido seu uso nos últimos anos, devido aos benefícios comprovados à saúde humana. Botanicamente, esta espécie é classificada como anual, autógama com frequente alogamia, que apresenta hábito de crescimento determinado, podendo alcançar de 1-2 metros de estatura, onde se encontram inseridas folhas opostas e nas terminações das brotações, as inflorescências. Como a indução floral em chia é determinada pela redução do fotoperíodo nas regiões subtropicais, e se o plantio for realizado na primavera/início do verão, pode levar ao crescimento vegetativo excessivo, resultando frequentemente no acamamento. Assim, é de fundamental importância a identificação de alternativa que permita antecipar o florescimento, e consequente redução do porte visando a produção de sementes. Como no mercado de agroquímicos encontram-se produtos do grupo de triazois, como o Paclobutrazol (PBZ), utilizado em algumas culturas por promover redução do crescimento vegetativo e antecipação do crescimento. o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito das doses de PBZ sobre o crescimento e desenvolvimento e florescimento dessa espécie. O experimento constitui na semeadura em bandeja contendo substrato comercial, realizando-se o transplante das mudas com quatro folhas definitivas para vasos (20L) contendo mistura de solo:areia:esterco (3:1:1), acrescida de 20 $kg.ha^{-1}$ de Nitrogênio, 80 $kg.ha^{-1}$ de P_2O_5 e 40 $kg.ha^{-1}$ de K_2O. Quinze dias após ao transplantio, realizou-se aplicação de 150 mL das soluções: T1. Água destilada; T2. 11,25 mg de PBZ; T3. 22,5 mg de PBZ; T4. 45 mg de PBZ; T5. 90 mg de PBZ.O delineamento experimental empregado foi inteiramente casualizado com 7 repetições, sendo que a unidade experimental foi constituída por uma planta/vaso. A avaliação do experimento consistiu na anotação semanal para altura, espessura de colmo, e para número de folhas, brotos e nós até início do florescimento. Com o pleno florescimento, efetuou-se a contagem do número e tamanho médio das inflorescências, e foram determinados pigmentos cloroplastídicos em discos foliares. Os resultados revelaram que o aumento da dose de PBZ promove redução do crescimento em altura pelo encurtamento de entrenós, diminuição da espessura caulinar, antecipando florescimento com maior número de inflorescências em T4 e T5. Constatou-se também que, com exceção de T5, houve a formação de primórdios foliares nas extremidades dos ramos ao invés de inflorescências. Pela análise dos pigmentos cloroplastídicos de discos foliares extraídos com DMSO detectou-se apenas diferença significativa no tratamento T4. Enfim, os resultados desse trabalho permitem concluir que o Paclobutrazol tem efeito direto sobre o crescimento e desenvolvimento da planta, resultando na antecipação do florescimento. Contudo, torna-se necessário a realização de experimentos que avalie o efeito de menores doses de PBZ via solo e por meio da aplicação foliar.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITOS GÊNICOS DA RESISTÊNCIA A *Bipolaris maydis* EM MILHO-PIPOCA SOB NÍVEIS CONTRASTANTES DE NITROGÊNIO NO SOLO

Yure Pequeno de Souza[1*], Railan Nascimento Ferreira Kurosawa[1], Juliana Saltires Santos[1], Fábio Tomaz de Oliveira[1], Divino Rosa dos Santos Júnior[1], Janieli Maganha Silva Vivas[1], Pedro Henrique Araújo Diniz Santos[1], Marcelo Vivas[1], Antônio Teixeira do Amaral Júnior[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*yure_p-souza@hotmail.com

Palavras-chaves: *Zea mays* L. everta; Estresse Biótico; Estresse Abiótico.

Estudos específicos dos componentes necessários à ocorrência de doenças de plantas implicam na obtenção de respostas importantes para a compreensão das interações entre o patógeno, o ambiente e o hospedeiro. No entanto, a interação entre os fatores envolvidos pode ser tanto mais complexa quanto pode-se estudar esses fatores separadamente. Um bom exemplo dessa relação é observado a partir da oferta de nitrogênio e a reação das plantas às doenças fúngicas, uma vez que o nutriente em baixa ou alta disponibilidade pode modular a reação do hospedeiro quando exposto ao patógenos. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos gênicos envolvidos na resistência genética de milho-pipoca a *Bipolaris maydis* sob condições contrastantes de nitrogênio no solo. Para isso, foram realizados cruzamentos em sistema dialélico completo, sem recíprocos, utilizando oito linhagens (S_7) do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro" – UENF. Foram obtidos 28 híbridos, os quais foram avaliados juntamente com os genitores em delineamento de látice triplo 6 x 6 em dois locais, em Campos dos Goytacazes e Itaocara – RJ, e em dois níveis de disponibilidade de nitrogênio, baixo e ideal. Para a diferenciação dos experimentos quanto ao nível de nitrogênio aplicado foi adotada a seguinte estratégia em ambos os locais: para os experimentos com ideal disponibilidade de nitrogênio (+N), a adubação de cobertura para suplementação de nitrogênio foi parcelada em duas vezes, aos 30 e 40 dias após a semeadura, compreendendo 108 kg ha^{-1} de N. Quanto aos experimentos em baixa disponibilidade de nitrogênio (-N), as adubações nitrogenadas de cobertura corresponderam a 30 % do utilizado em alto N. A reação dos tratamentos a *B. maydis*, foi monitorada por meio da manifestação de sintomas pela infecção natural a campo, utilizando-se da estimativa da incidência e severidade dos sintomas, sendo que a incidência (IBM) foi avaliada pela distribuição de sintomas ao longo da planta, e a severidade (SBM) por meio da área foliar comprometida pelos sintomas na folha da primeira espiga. Os resultados das análises dialélicas de Griffing (1956) demonstraram importantes influências dos ambientes estudados sobre as características mensuradas; contudo, houve prevalência de efeitos gênicos não-aditivos no controle da resistência a *B. maydis,* destacando-se os híbridos L80 x P7 e L77 x P7.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ, UENF.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES EM RELAÇÃO A EFICIÊNCIA FENOTÍPICA

Luciana Aparecida Miguel[1]; Fernanda Souza Lopes[2]; Antonio Carlos Mota Porto[3]; Caroline Marcela da Silva[4]; Renato Coelho de Castro Vasconcellos[5]; Welison Andrade Pereira[6].

[1]Departamento de Biologia- Universidade Federal de Lavras;[2]Departamento de Biologia- Universidade Federal de Lavras[3]Departamento de Biologia- Universidade Federal de Lavras. [4]Departamento de Biologia- Universidade Federal de Lavras; [5]Departamento de Agricultura- Universidade Federal de Lavras.[6]Departamento de Biologia- Universidade Federal de Lavras.

luciana_apmiguel@hotmail.com

Palavras chave: *Sclerotinia sclerotiorum*; Seleção assistida por marcadores; seleção fenotípica; eficiência.

O feijão possui grande importância econômica, nutricional e social. Entretanto, a cultura sofre com a ocorrência de várias doenças, dentre estas, o mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*. Este fungo vem se destacando por causar consideráveis perdas, principalmente em lavouras irrigadas no inverno. Este trabalho teve como objetivo comparar o desempenho da seleção assistida por marcadores (SAM) em relação à seleção fenotípica, em progênies do XII ciclo de seleção recorrente do programa de Melhoramento do Feijoeiro da Universidade Federal de Lavras. Os experimentos foram conduzidos no Departamento de Biologia no Laboratório de Genética Molecular, utilizando materiais genéticos oriundos da geração $S_{0:1}$ do XII ciclo de seleção recorrente. O DNA obtido destas progênies foi submetido a PCR (Reação em cadeia da Polimerase) seguida de eletroforese vertical em gel de poliacrilamida a 6%, corado em solução de prata e solução reveladora, levado ao fotodocumentador para visualização e registro. Quinze pares de *primers* de marcadores microssatélites para o feijoeiro foram utilizados para selecionar as 21 melhores progênies pela SAM. Para a selecionar as 21 progênies via seleção fenotípica, utilizou-se o método de *Straw Test*, que consiste na inoculação do fungo na haste da planta e avaliação da progressão da lesão por meio de escala diagramática. A eficiência da SAM em relação a seleção fenotípica foi obtida a partir dos ganhos com a seleção assistida e seleção fenotípica. A estimativa do ganho com a SAM e da seleção fenotípica foi realizada pelo software RStudio. De acordo com os resultados, observou-se que apenas oito progênies foram selecionadas em ambos os métodos. Os valores obtidos foram de 4,74% para a SAM e 14,95% para a seleção fenotípica. Também foi calculada a eficiência da SAM (35,64%) para a resistência ao mofo branco por meio da expressão proposta por Hamblim e Zimmermann (1986). O resultado indicou que o método mais eficiente neste caso, foi o da seleção fenotípica, que apresentou desempenho 31,70% maior. Em teoria, o ganho obtido com SAM é maior, porém, fatores como erros com as estimativas de parâmetros de QTL e SAM, deriva genética e desequilíbrio entre QTL selecionado e não-selecionados, podem acarretar a redução com os ganhos na seleção assistida por marcadores em relação à seleção fenotípica. Dessa forma, por este trabalho pode-se concluir que a SAM apresentou baixa eficiência relativamente à seleção fenotípica. Possivelmente devido ao pequeno número de marcadores ligados a QTLs de resistência utilizados, e pequena variação genética existente entre as progênies para a resistência ao mofo branco podem explicar resultados como estes que foram observados.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, PPMG- UFLA.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTABELECIMENTO DE PROTOCOLO REGENERATIVO PARA CHIA (*Salvia hispanica* L.)

Matheus Canonica[1]; Claudio Bellon[2]; Adilson Ricken Schuelter[1,2]*

[1]UDC Medianeira – Faculdade Educacional de Medianeira, Medianeira (PR). [2]UDC Centro – Centro Universitário Dinâmica das Cataratas, Foz do Iguaçu (PR).

*adilson_schuelter@yahoo.com.br

Palavras-chave: micropropagação; desinfestação; germinação.

Salvia hispanica é uma espécie anual, originária da América Central, empregada por muitos séculos pelos povos pré-colombianos devido aos benefícios à saúde proporcionada pela semente. Com a crescente demanda por produtos com elevada qualidade nutricional, tem-se aumentado o interesse pelo cultivo da chia no Brasil. Assim, é de fundamental importância o conhecimento sobre germoplasma disponível e estabelecer estratégias para sua conservação. Nesse contexto, a micropropagação pode ser uma alternativa viável para chia, pois apesar de ser propagada via semente pode ocorrer perda rápida da capacidade de germinação. Além do que, por ser uma planta de dias curtos, a indução floral ocorre apenas em condições de outono/inverno do Sul. Assim, esse trabalho teve como objetivo estabelecer protocolos de desinfestação, germinação *in vitro* e de micropropagação em chia. Na Etapa I do trabalho, sementes de chia foram inicialmente imersas em água estéril (D1 - 20 minutos) ou em solução de álcool 70% por 30 segundos (D2), 1 minuto (D3) ou 2 minutos (D4). Na sequência, realizou-se o tratamento com hipoclorito de sódio (1%) por 20 minutos, e por último fez-se a tríplice lavagem com água estéril. Sementes desinfestadas foram inoculadas em meio de cultura MS e incubadas em BOD. Após 10 dias da implantação, constatou-se que todos os tratamentos foram eficientes para controle microbiano, sendo que D2 foi mais eficiente por não inibir o crescimento das plântulas. Na Etapa II, foram testadas diferentes concentrações do meio MS (T1 - 0%, T2 - 25%, T3 - 50% e T4 - 100%) sobre a germinação e crescimento de plântulas. Sementes desinfestadas conforme D2 da Etapa I foram incubadas em sala de crescimento com iluminância de 4000 lux, empregando-se lâmpadas fluorescente ou LED. Os resultados dessa etapa revelaram que o emprego de T4 sob iluminação com LED apresentaram os melhores resultados. Na Etapa III, segmentos caulinares de plântulas germinadas *in vitro*, utilizando-se os tratamentos D2 e T4, foram inoculados em tubos contendo 10 ml de meio de cultura MS sólido (6,5 $g.L^{-1}$; pH 5,8) suplementado com diferentes concentrações de ANA (0; 0,5; 1,0 mg^{-1}) e TDZ (0; 2,5; 5,0 mg^{-1}). Após a inoculação, os tubos foram incubados em ambiente com fotoperíodo de 16h, iluminância de 4000 lux e temperatura de 24 ± 2ºC. Pelos resultados obtidos nessa etapa, verificou-se maior proliferação de gemas axilares e formação de raízes em tratamentos contendo ANA. Em tratamentos contendo a combinação de ANA e TDZ verificou-se a formação de calos friáveis com consequente produção de gemas adventícias, que resultaram em brotações. Enfim, os resultados obtidos permitem concluir que, dependendo da relação entre os reguladores do crescimento há distinta resposta morfogenética, sendo que ANA e TDZ são determinantes para a produção de brotações oriundas de gemas axilares e adventícias, respectivamente.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTIMATIVA DO POTENCIAL DE POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS

João Cândido de Souza[2], Hilda B. Gloria[1], Leonardo de Freitas Viana[1]

1 Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG. 2 Professor Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG

cansouza@ufla.br

Palavras-chaves: milho híbrido; componentes de média; escolha de populações

A escolha de genitores para iniciar um programa de obtenção de linhagens é de extrema importância, visto que a escolha errada das populações acarretará perda de tempo e recursos. Uma das metodologias utilizadas é a estimativa dos componentes de média m+a' e d onde, m+a' representa os locos já fixados nas gerações inicias e d a variabilidade a ser liberada na população. Essas estimativas devem estar associadas a média alta da população. Neste trabalho, foi estimado o componentes de médias de 14 híbridos comerciais, visando a seleção dos mais promissores para extração de linhagens. Os híbridos F_1 e seus respectivos F_2 foram avaliados em experimentos em faixa com 3 repetições em parcelas de quatro linhas de quatro metros, espaçadas de sessenta centímetros entre linhas e vinte e cinco centímetros entre plantas. Foram colhidas as duas linhas centrais anotando-se o peso de grãos por parcela. Não houve variação entre os híbridos F_1 sendo que as médias variaram de 8,3 a 11,4 t/ha. Para a geração F_2 dos híbridos houve diferença significativa e as médias variaram de 3,6 a 6,8 t/ha. Foram estimados os componentes m+a' e d por parcela e os mesmos submetidos a análise de variância, não havendo diferença significativa para ambos. As estimativas de m+a' em porcentagem variaram de 0 a 40% e as de d variaram de 60 a 100%. Esses resultados mostram variablidade entre as populações avaliadas e a possibilidade de predizer as promissoras para extração de linhagens. Considerando as estimativas de m+a' e d associadas as médias populacionais as populações promissoras são as populações derivadas dos híbridos 2B810PW, 2ª620 PW e CD3612 PW.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES RELACIONADOS À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO EM CRAMBE

Lucas Barbosa de Castro Rosmaninho[1*]; Marianna Ferrarez Singulani[1]; Beatriz Pedrosa Monteiro da Silva[1]; Carolina S. Benjamin[1]; Luiz Antônio dos Santos Dias[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa (UFV).

*lucasbcrosmaninho@hotmail.com

Palavras-chave: agroenergia; *Crambe abyssinica* Hoscht; estresse hídrico; melhoramento de plantas.

O déficit hídrico é caracterizado pela disponibilidade insuficiente de água no solo para atender as demandas das plantas em um momento específico, comprometendo funções vitais das mesmas. O desenvolvimento de cultivares tolerantes é a alternativa mais efetiva na mitigação deste problema. O crambe (*Crambe abyssinca* Hostch), brássica oleaginosa, é exemplo de espécie de interesse agrícola que apresenta esta tolerância. A identificação e caracterização de genótipos tolerantes deve ser o primeiro passo do programa de melhoramento. Assim, o presente estudo teve como objetivo a avaliação e discriminação de genótipos de crambe quanto à tolerância ao déficit hídrico por meio de caracteres morfoagronômicos. Instalou-se o experimento em casa de vegetação, sob delineamento de blocos casualizados, com quatro blocos, em esquema fatorial 2 x 8, sendo dois ambientes (com e sem estresse) e oito genótipos (Linhagens FMS CR 1101, FMS CR 1106, FMS CR 1203, FMS CR 1305, FMS CR 1307, FMS CR 1312 e FMS CR 1326 e a cultivar FMS Brilhante). Os seguintes caracteres foram avaliados: altura de planta (ALT), altura do primeiro ramo produtivo (APR), diâmetro do caule (DC), número de ramos (NR), massa seca total (MS), produção de grãos (PROD) e peso de cem sementes (M100). As significâncias dos quadrados médios foram testadas pelo teste F ($p < 0,05$) com posterior estimação dos parâmetros genéticos. Coeficientes de correlações genotípicas (r_g), fenotípicas (r_f) e ambientais (r_e) entre as características avaliadas também foram estimados. Os genótipos apresentaram potencial para o melhoramento, devido a existência de variabilidade genética entre os mesmos. Os caracteres ALT, MS e PROD se destacaram por apresentar as maiores estimativas de razão b entre os coeficientes de variação genética e experimental (CV_g/CV_e), herdabilidade no sentido amplo em nível de média (h^2_m), coeficiente de variação genética (CV_g) e correlação intraclasse (r), revelando a possibilidade de ganhos genéticos com a seleção. Correlações fenotípicas (r_f) altas (r>0,7) e positivas foram observadas entre os caracteres MS x PROD e PROD x M100. As correlações genotípicas (r_g) entre os caracteres, com exceção de NR x MS, foram maiores e de mesmo sinal de suas respectivas correlações fenotípicas, o que revelou pouca influência do ambiente na expressão do fenótipo. Considerando os caracteres ALT, MS e PROD, foi possível observar que a cultivar FMS Brilhante e as linhagens FMS R 1326 e FMS CR 1106 reúnem a maior parte das características favoráveis à seleção, apresentando, portanto, potencial de tolerância ao déficit hídrico.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA

Osvaldo T. Hamawaki[1]; Carolina O. Silva[2]; Lorrayne L. Silva[2]; Makyslano R. Rocha[3]; Anna Regina T. Carneiro[3]; Daniela F. Resende[3]; Cristiane D.L. Hamawaki[3]; Athos G.G. Nascimento[2]; Ana Paula O. Nogueira[1]; Raphael L. Hamawaki[4]; Myckell R. Campos[5]

[1]Professor da Universidade Federal de Uberlândia. [2]Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, UFU. [3]Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, UFU. [4]Estudante de Ph.D em Plant Breeding University Carbondale, Illinois. [5]Estudande de Graduação do Instituto de Ciências Agrárias, UFU.

*caroll_meyreles@hotmail.com

Palavras-chave: caracteres agronômicos; índices de seleção; melhoramento.

O progresso genético obtido durante o processo de melhoramento é resultado da seleção de indivíduos considerados superiores para um ou mais caracteres de interesse agronômico. A probabilidade de estimar os ganhos a serem obtidos por determinada estratégia de seleção, permite orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, predizendo o sucesso do plano de seleção adotado, além de informar quais as estratégias que podem ser mais eficazes. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar diferentes estratégias para seleção de progênies de soja para caracteres agronômicos. O experimento foi realizado na estação experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais. Foram avaliadas 33 progênies $F_{4:5}$, obtidas pelo método descendente de uma única vagem, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres agronômicos avaliados foram: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós totais na maturidade e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância para verificar a existência de variabilidade genética. A seleção e a predição de ganhos foram realizadas por meio da seleção direta e dos índices de seleção, tais como: multiplicativo e distância do genótipo - ideótipo.Todas as análises estatísticas foram realizadas através do Programa Genes. O coeficiente de variação experimental oscilou de 4,4% (NDF) a 22,3% (AIPV), indicando alta precisão experimental. A seleção direta para número de dias para florescimento proporcionou o maior ganho indireto para produtividade de grãos (21,8%) em genótipos mais tardios, uma vez que apresentam maiores altura de planta e número de nós contribuindo para a produtividade de grãos. O índice de distância do genótipo-ideótipo resultou no maior ganho de seleção para produtividade de grãos com 30,9 %. Conclui-se que, a seleção direta para produtividade de grãos é a melhor técnica e a melhor estratégia de seleção é o índice de distância genótipo-ideótipo, o qual apresentou melhor distribuição entre os caracteres agronômicos.

Agradecimentos: Ao CNPq, Capes e a Fapemig pelo apoio financeiro.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTRATÉGIAS PARA SELEÇÃO SIMULTÂNEA DE LINHAGENS DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS, RESISTÊNCIA E TOLERÂNCIA À FERRUGEM ASIÁTICA

Leonardo Fioravante Gotardi [1]*; Fernando Garcia Espolador[1]; Júlia Silva Morosini[1]; Natal Antonio Vello[1]; Roberto Fritsche-Neto[1]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Departamento de Genética, Universidade de São Paulo.

*leonardo.gotardi@usp.br

Palavras-chave: *Phakopsora pachyrhizi*; estratégias de seleção; Multi-trait

Na soja a ocorrência da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) pode levar a drásticas reduções de produtividade, sendo, em casos extremos, as perdas de até 90%. O controle desta doença é comumente realizado com o uso de fungicidas, mas esta estratégia impacta nos custos de produção, além de haver redução na eficiência do controle ao longo do tempo. Como alternativa sustentável, estão o uso da tolerância e da resistência genética. Este trabalho teve como objetivo identificar estratégias de seleção visando maiores ganhos de simultâneos para produtividade, tolerância e resistência à ferrugem asiática em linhagens de soja. Para isto, foram utilizadas 648 linhagens oriundas de um dialelo parcial (27 x 2), geração $F_{4:5}$, avaliadas em dois experimentos: um com controle da ferrugem e outro sem. Em ambos, adotou-se o delineamento de blocos aumentados de Federer com 27 blocos, três testemunhas e parcelas de 1m². As características avaliadas foram massa de grãos por parcela na ausência da doença, resistência à ferrugem asiática e tolerância (índice de desempenho relativo médio harmônico). Quatro diferentes estratégias de seleção foram avaliadas: (a) apenas com base na produtividade; (b) apenas para tolerância à ferrugem asiática; (c) apenas para resistência à ferrugem asiática; e (d) utilizando a abordagem *multi-trait*. Os valores fenotípicos foram primeiramente ajustados para o delineamento (linhagens como efeito fixo e blocos como efeito aleatório) e, posteriormente, foram estimadas as melhores predições lineares empíricas não-viesadas (EBLUPs) das linhagens utilizando a matriz de parentesco de Malécot (*pedigree)* através do pacote ASReml-R. A partir dos EBLUPs das linhagens, foram estimados os ganhos de seleção diretos e indiretos com base em três intensidades de seleção: 10%, 25% e 50%. Em seguida, estimou-se o ganho de seleção para cada método e cenário. Observou-se que o método *multi-trait* proporcionou o maior ganho percentual médio em todas as intensidades de seleção avaliadas (19,30%, 14,31% e 8,51%, respectivamente). No entanto, a seleção com base apenas na massa de grãos apresentou menor variância, indicando maior estabilidade desta abordagem. Conclui-se que maiores ganhos simultâneos de seleção para produtividade, tolerância e resistência a ferrugem asiática pode ser obtido por meio do método multi-trait, indiferente da intensidade de seleção.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EXPRESSÃO DA HETEROSE PARA O CRESCIMENTO, *STATUS* HÍDRICO E O DESENVOLVIMENTO RADICULAR DE PLANTAS DE MILHO-PIPOCA

Antônio Teixeira do Amaral Junior[1*], Samuel Henrique Kamphorst[1], Valter Jário de Lima[1], Rosimeire Barbosa Bispo[1], Kátia Fabiane Medeiros Schmitt[1], Marcelo Moura Chaves[1], Eliemar Campostrini[1], Jose Luis Araus Ortega[2]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF. [2]Universitat de Barcelona, UB.

*amaraljr@uenf.br

Palavras-chave: Estresse hídrico; heterose; *Zea mays L. everta*.

A limitação hídrica do solo ocasiona elevadas perdas na produtividade agrícola. Nesse sentido, a heterose está sendo apontada para mitigar os efeitos nocivos desse estresse. Objetivou-se avaliar diferenças no crescimento, *status* hídricos e de características radiculares que possam estar envolvidas na expressão da heterose em milho-pipoca. Quatro linhagens e suas 12 combinações híbridas possíveis (incluindo recíprocos) foram avaliadas em casa de vegetação sob dois regimes hídricos (bem irrigada – WW; e com estresse – WS). As plantas foram cultivadas em tubos com 1,5 metros de comprimento. Avaliaram-se as trocas gasosas foliares (taxa de fotossíntese líquida – A; condutância estomática – *gs*; transpiração – E), a densidade de estômatos e de células epidérmicas, o conteúdo relativo de água, as medidas de crescimento e biomassa, os pigmentos foliares, a transpiração cumulativa e características radiculares de cinco seções de solo (densidade de peso radicular – RWD), espaçadas em 30 cm, até 150 cm, denominadas **a**, **b**, **c**, **d** e **e**. Realizou-se a análise de variância e o desdobramento de efeitos de genitores e progênies, bem como o cálculo das estimativas de heterose média. Na condição de controle e de estresse hídrico, a altura, biomassa aérea e características radiculares foram mais expressivas nos híbridos em comparação aos seus genitores. Elevados efeitos de heterose foram observados para as medidas de biomassa aérea, altura média de plantas e transpiração cumulativa, independente do regimento hídrico; todavia, mais expressivas em ambiente WS. Os híbridos não se diferenciaram de seus genitores para os caracteres A, *gs* e E nos ambientes estudados. Independentemente do tratamento hídrico, os valores da RWD foram superiores nos híbridos do que nos seus genitores. Com exceção da RWDa (0 – 30 cm), os valores de heterose para as RWDb, RWDc, RWDd e RWDe foram superiores no ambiente WS. Observou-se que os efeitos de heterose aumentam e são superiores para os caracteres RWD em extratos mais profundos do solo. A heterose nas características radiculares contribui para a expressão de maiores taxas de crescimento dos híbridos, particularmente sob condições de estresse hídrico.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GANHOS ESTIMADOS DE SELEÇÃO NO RENDIMENTO DE GRÃOS COM E SEM TESTE DE PROGÊNIE EM MILHO VARIEDADE

Felipe Bermudez[1*]; Cristiano Nunes Nesi[1]; Alberto Höfs[1]

[1]Epagri / Centro de Pesquisa para Agricultura Familiar (Cepaf), C.P. 791, 89801-904 Chapecó, SC.

*felipepereira@epagri.sc.gov.br

Palavras-chave: *Zea mays*; Seleção direta; Melhoramento de milho.

O teste de progênie tem sido muito utilizado em plantas alógamas para a seleção em caracteres de baixa herdabilidade. O objetivo deste trabalho foi estimar o ganho de seleção em rendimento de milho sem e com teste de progênie. Para isso, foram avaliadas 144 famílias de meios-irmãos em bloco de recombinação com duas repetições na safra 2016/17 e, posteriormente, foi realizado o teste de progênie com três repetições na safra 2017/18. Os experimentos foram conduzidos na área experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina, Centro de Pesquisa para a Agricultura Familiar (Epagri/CEPAF), em Chapecó-SC, e os materiais genéticos são pertencentes ao Programa de Melhoramento Genético de Milho Variedade da Epagri. O delineamento experimental utilizado foi o látice quadrado 12x12, com avaliação do rendimento de grãos (em $kg.ha^{-1}$). Todas as análises foram realizadas no ambiente R e as pressuposições da análise de variância foram atendidas nos dois experimentos. No bloco de recombinação, não houve diferença significativa entre os tratamentos na análise de variância, mesmo com mais de 5.500 $kg.ha^{-1}$ de amplitude de variação. Istopode ter ocorrido devido ao reduzido número de repetições, fornecendo apenas 1 grau de liberdade. Além disso, foi estimada a herdabilidade (0,18) e foi simulada uma seleção massal, onde o ganho de seleção foi estimado considerando a seleção entre progênies de 10% dos materiais mais produtivos, o que resultou em ganho de 180,32 $kg.ha^{-1}$. Para o teste de progênie foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos ($p<0,01$), e herdabilidade de 0,34. O ganho de seleção estimado foi de 1.102,54 $kg.ha^{-1}$. Em ambos os experimentos o coeficiente de variação experimental foi de aproximadamente 19%. A diferença no valor do ganho estimado de seleção é explicada pelo maior número de repetições no teste de progênie, o que também proporciona maior herdabilidade. Além disso, no teste de progênie a unidade de seleção é diferente da unidade de recombinação, o que resulta em modificação no valor atribuído ao “”, que é o controle parental utilizado na fórmula do ganho de seleção, passando de 0,5 na seleção massal para 2,0 no teste de progênie. Portanto, o teste de progênie em milho pode ser utilizado para a seleção de genótipos com maior rendimento em programas de melhoramento que utilizam a seleção recorrente.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENETIC CORRELATIONS AMONG MORPHOPHYSIOLOGICAL ATTRIBUTES IN POPCORN INBRED LINES UNDER DIFFERENT WATER CONDITIONS

Jhean Torres Leite[1*], Valter Jário de Lima[1], Samuel Henrique Kamphorst[1], Ismael Albino Schwantes[1], Gabrielle Souza Mafra[1], Uéliton Alves de Oliveira[1], Lauro José Moreira Guimarães, Antônio Teixeira do Amaral Junior[1]

[1] Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF.

torresjhean@gmail.com

Key-words: Drought, roots, photosynthese

Water restriction reveals itself as the abiotic stress of potential most damaging to agriculture, causing numerous losses in food production. Genetic improvement programs for popcorn should understand the morphophysiological responses of plants under stress condition, in the attempt to select for efficient use of water and or drought tolerance efficiently. The objective of this study was to characterize efficient and inefficient popcorn inbred lines in the use of water for root and physiological attributes. Efficient lineages (P2 and P3) and water-inefficient lineages (L61 and L63) were used under two distinct water regimes (well-irrigated - WW and water stress - WS). The experiment was carried out in a randomized complete block design with five replications in a greenhouse located at the Research Support Unit (RSU) of the Center of Sciences and Technologies Agricultural (CSTA) of the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Each experimental unit was composed of PVC tubes, with a diameter of 0.20 and 1.00 m in length, with one plant per tube. The plants received full irrigation until the V6 stage; from that period, stress was imposed, with the suspension of irrigation. The following characteristics were evaluated: leaf width (LW); leaf length (LL); mean plant height (PH); root length (RL); stem diameter (SD); dry mass of roots (DMR), relative chlorophyll content (SPAD); photosynthetic rate (A); transpiration rate (E); stomatal conductance rate (gs); internal CO_2 concentration (Ci); chlorophyll fluorescence (Fv / Fm) and foliar temperature (FT). The data were analyzed by analysis of variance, genetic correlations between the characters and, through track analysis, the direct and indirect effects were analyzed between the variables. The track was composed by main variable - CR, first chain - morphological variables and second string - physiological variables. In WS, only the first chain SD variable showed a direct effect (1.68) and total (0.62) on the main variable. In WW, no characteristic had a significant positive effect on the main variable. In the second chain, the variable SPAD presented total (0.91) and direct (1.17) effects on the main variable in WS. The characters used in the trail analysis were sufficient to explain the variation observed in RL only for the environment with water stress. The indirect selection via SPAD and SD will promote increments in RL, thus becoming an efficient alternative in the selection of efficient genotypes in water use in environment under water deficit.

Acknowledgment: CNPq, FAPERJ, UENF. This study was financed with the support of the Coordination of Improvement of Personnel of Higher Education in Brazil (CAPES) - Financial Code 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10° CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENETIC PARAMETERS RELATED TO GAS EXCHANGE AND PRODUCTION COMPONENTS IN COWPEA POPULATIONS UNDER DROUGHT

Sacha Manuelly da Silva Lobato[1]; Lucélia de Sousa Paula[2]; Allan Klynger da Silva Lobato[3].

[1]University Federal Rural of the Amazon, Basic and Applied Plant Research Center. [2]University Federal Rural of the Amazon. [3]University Federal Rural of the Amazon.

*lobatosms@gmail.com.

Keyword: Cowpea; Genetical enhancement; Drought.

The drought is the main abiotic stress in several crops, which studies on tolerance to drought are affected by the high number of genes and intense genotype × environment interaction. However, the gas exchange can represent a new approach with high detection efficiency. This study aims to evaluate the genetic parameters, to determine the population performances based in data linked to gas exchange and production components, as well as to answer if the gas exchange can be useful to select *Vigna unguiculata* populations with tolerance to drought, using six populations from crosses between BR3-Tracuateua (sensitive to drought) and Pingo de ouro-1-2 (tolerant to drought). The results suggest that gas exchange and production components are influenced by the combination of alleles present in the parents (P_1 and P2), because the predominant allelic interaction is additive, but dominance also occur with minor contribution. This result is crucial for breeding programs, mainly in autogamous species like *Vigna unguiculate*, because the selection can be facilitated due to superior individuals frequently produce segregating with better performance. The mean estimates higher in segregating populations combined with the high variance and additivity reveal the presence of transgressive segregation. This effect can be considered as a source of genetic variability due to promote the descendants new characteristics that are not expressed in the parents, allowing the selection of promising genotypes to parentals BR3-Tracuateua × Pingo de ouro-1-2. Our results revealed that the production components and gas exchange, mainly grain production, water-use efficiency and carboxylation instantaneous efficiency presented the higher values to means and variances in F_2 generation. In general, additive variances were higher if compared dominance variances, suggesting intense additive allelic interactions on characteristics evaluated. Gas exchange is efficient to select cowpea populations with tolerance to drought because present high correlation coefficients with production components, such as between grain production and carboxylation instantaneous efficiency (0.91), as well as grain production and water-use efficiency (0.89).

Acknowledgments: CNPq; UFRA; NPVBA.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENOMIC REGIONS AND CANDIDATE GENES ASSOCIATED WITH THE COMMON BEAN RESPONSE TO *Meloidogyne incognita*

Willian Giordani[1]; Alisson Fernando Chiorato[2]; Augusto Lima Diniz[1]; Antonio Augusto Franco Garcia[1]; Maria Lucia Carneiro Vieira[1*]

[1]Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". [2]Instituto Agronômico de Campinas.

*mlcvieir@usp.br.

Key words: *Phaseolus vulgaris*; GWAS; Root-knot nematode.

Southern root-knot nematode (RKN; *Meloidogyne incognita)* is among the most damaging agricultural pathogens due to its ability to infect roots of almost every crop species. There are reports of up to 90% losses in common bean yield owing to RKN attacks, and because of the lack of resistant cultivars, the control strategies rely on expensive and low efficient chemical nematicides. In addition, the complex and laborious phenotyping procedures have hindered the incorporation of nematode screenings into breeding programs. For common bean, this task is particularly challenging since little has been done to discover resistance genes or develop markers to assist selection. Among the few studies, our research group has carried out a RNA-seq using a moderately resistant cultivar at 4 and 10 days after inoculation (DAI) and found approximately 800 differentially expressed genes, evidencing the complexity of the host reaction. Thus, this study aimed to identify genomic regions and candidate genes underlying the common bean response to *M. incognita* via genome-wide association studies (GWAS). For the GWAS, a genetically diverse panel of 175 common bean genotypes was used; 150 from the Mesoamerican gene pool and 25 from the Andean. Phenotypic data was collected in five replicates by a novel high-throughput assay, in absence of soil. The seeds were germinated and transferred to growth pouches in which the plants were cultivated with nutritive solution in a controlled-environment chamber. When tertiary root tips had emerged, the plants were inoculated with 1,500 second-stage juveniles. Approximately 30 DAI, the roots were infused with erioglaucine, making it possible to count egg masses and score root galls. Genotyping was realized by genotyping-by-sequencing (GBS), which allowed the identification of 10,362 SNPs. The GWAS were performed using the FarmCPU software. Once identified associations, the corresponding genomic regions were investigated and genes putatively involved in resistance were examined using the previously published RNA-seq dataset. Confirming the panel diversity, a high range of RKN response was detected, with average egg masses varying from 21 to 378 and gall scores from 0 to 4. For both traits, the Mesoamerican genotypes presented higher resistance, even though there was great variability within pools. The genetic correlation between eggs masses and gall scores was 0.58, and their heritabilities were 0.46 and 0.53, respectively. GWAS revealed SNPs associated with gall formation (Chr1, 2, 4, 5, 10 and 11) and egg mass production (Chr7). In these genomic regions, at least 15 genes were uncovered as putative resistance genes from which six were differentially expressed according to the previous RNA-seq results. Although these findings still require validation, they open new perspectives to improve the selection efficiency for nematode resistance in common bean. Furthermore, the candidate genes are valuable resources for functional validation trails and eventually genomic edition.

Acknowledgements: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Finance Code 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, grant number 454329/2014-8; and also grant 2018/09069-7, São Paulo Research Foundation (FAPESP).

GRUPOS HETERÓTICOS NO GERMOPLASMA DE MILHO-PIPOCA UFCA

Cicero Cordeiro Pinheiro[1]; Sydney Pereira Galvão[1]; Samira Alexandre da Silva[1]; Maria das Dores Amaro dos Santos[1]; Sérgio Manoel Alencar Sousa[1]; João Paulo Amorim dos Santos[1]; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Silvério de Paiva Freitas Junior[1].

[1]Universidade Federal do Cariri – UFCA/ Crato – CE.

*cicerocordeiro99@gmail.com

Palavras-chave: Diversidade; Melhoramento; *Zea mays everta.*

O objetivo do presente trabalho foi analisar a dissimilaridade genética entre onze acessos de milho-pipoca (Populações de polinização aberta), através de características morfoagronômicas (quantitativos e qualitativos). Os acessos de milho-pipoca, pertencentes a Coleção de Germoplasma da Universidade Federal do Cariri – UFCA. Foi utilizado o delineamento experimental em blocos ao acaso, com quatro repetições. As parcelas foram compostas por linhas de 3,0 metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de semeadura de 0,90 m e distribuídas a 0,20 m entre plantas, totalizando 15 plantas por linha. Foram avaliadas as características morfoagronômicas representadas nos descritores do milho-pipoca (31 características qualitativas e 17 quantitativas). Para avaliação foi considerado um total de 5 plantas de cada parcela, e cinco espigas de cada parcela. As variáveis foram analisadas e foram estimadas as distâncias genéticas com base no algoritmo de Gower. Após a estimação das matrizes de distâncias genéticas realizados os agrupamentos pelo método hierárquico de ligação média entre grupos. O ponto de corte para determinação do número de grupos em cada agrupamento foi definido conforme expressão proposta por Mojena. A consistência dos métodos de agrupamentos foi avaliada pelos coeficientes de correlação cofenética (CCC), em que as significâncias dos CCC foram examinadas pelo teste de Mantel. O CCC encontrado foi de 61,19% e foi utilizado para verificar a consistência dos agrupamentos realizados. Com o método de agrupamento baseado na ligação média não ponderada (UPGMA), obtido pela matriz de distância de Gower, os onze acessos apresentaram um alto nível de dessemelhança, ficando os genótipos devididos em 5 agrupamentos, que foram divididos a partir do ponto de corte no valor 83% escolhido por ser o ponto que mostrava maior mudança abrupta. No grupo I, tem-se os genótipos Dona Iva, SE 013, Urug 298 e Viçosa viçosa; o grupo II contendo os genótipos Arm arg e urug 298 roxo; no grupo III ficaram alocados os genótipos Brs Angela e Unb 2c5; no grupo IV ficaram Angela 2° geração e Para 172; e no grupo V, composto por um único genótipo, o Sam. A maior distância genética observada foi entre as populações BRS Angela e Angela 2° geração, o que pode implicar em cruzamentos heteróticos entre essas populações.

Agradecimentos: UFCA

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

HERANÇA DO COMPRIMENTO DO PRIMEIRO INTERNÓDIO EM SOJA

Cristiane D.L. Hamawaki[1]; Carolina O. Silva[2]; Bruno M. Nunes[1]; Salvador J.M. Neto[1]; Morgana A.J. Teixeira[2]; Osvaldo T. Hamawaki[3]; Ana Paula O. Nogueira[3]; Raphael L. Hamawaki[4]; Milaine C. Santos[5]; Luiz H.A.G. Girotto[5]

[1]Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia UFU. [2]Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UFU. [3]Professor da Universidade Federal de Uberlândia [4]Estudante de Ph.D em Plant Breeding University Carbondale, Illinois. [5]Estudande de Graduação do Instituto de Ciências Agrárias, UFU.

*caroll_meyreles@hotmail.com

Palavras-chave: *Glycine max*; melhoramento genético; descritor.

Parte do grande sucesso da soja no Brasil, deve-se aos programas de melhoramento genético de várias instituições de pesquisa e universidades brasileiras. Com a promulgação da Lei de Proteção de Cultivares, que garante os direitos dos obtentores de novas variedades vegetais, fez com que o melhoramento genético atingisse maior importância, estimulando o desenvolvimento de novas cultivares por instituições públicas e privadas. Ao proteger uma cultivar, ela deve apresentar distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade, obtidos pelo teste DHE, que consiste na caracterização morfológica, fisiológica, bioquímica ou molecular nos diferentes estádios de desenvolvimento da planta. Os 37 descritores obrigatórios e adicionais utilizados na diferenciação de cultivares de soja são insuficientes. Alguns caracteres da fase vegetativa, como o comprimento do primeiro internódio, podem ser úteis nessa diferenciação, porém são limitados os conhecimentos sobre o padrão de herança destes caracteres. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar parâmetros genéticos para o comprimento do primeiro internódio em soja. O experimento foi realizado na estação experimental Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia-UFU, no município de Uberlândia, Minas Gerais. Foram utilizadas para o cruzamento biparental, as cultivares UFUS 7415 (P1) e TMG 7161 (P2). Foi realizado a hibridação entre os genitores para a obtenção de sementes F1, no ano agrícola de 2017. O avanço da geração F1 para obter a geração F2 foi no ano de 2018. Em casa de vegetação, foram conduzidas as gerações dos parentais e F1. Em janeiro de 2018, 20 indivíduos de cada parentais e 261 indivíduos da população F2 foram semeados em campo, adotando a semeadura em linhas espaçadas em 0,5m e 0,3 m entre plantas. O comprimento do primeiro internódio foi mensurado em plantas individuais em estádio vegetativo V3, com auxílio de uma régua. Realizou-se a análise de gerações com o Programa Genes. A variação fenotípica foi de 2,239 e genotípica de 1,010. O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo foi 45,118%, demostrando que a variância genética explicou cerca da metade da variância fenotípica e, que esse caráter também é influenciado pelas condições ambientais. O número de genes para o caráter estudado foi de 5,89. Conclui-se que o comprimento do primeiro internódio em soja é de natureza quantitativa.

Agradecimentos: Ao CNPq, Capes e a Fapemig pelo apoio financeiro.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

HETEROSE EM HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Flávio Pereira dos Santos[1]; Ailton José Crispim Filho[1]; Laís Lopes de Castro[1]; Márcio Lisboa Guedes[1]; Luma Mariano Cascão[1]; Patrícia Guimarães Santos Melo[1].

[1] Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil.

*flavioagron@gmail.com

Palavras-chave: *Zea mays;* melhoramento de milho, dialelo completo.

Teoricamente, híbridos simples de milho exploram o máximo de heterose, já que apresentam maior proporção de locos em heterozigose. Entretanto, com o avanço do melhoramento genético, híbridos duplos têm mostrado grande potencial produtivo, além de serem mais facilmente obtidos. O presente trabalho teve como objetivo estimar a heterose de híbridos duplos de milho para produtividade de grãos. O experimento foi realizado na safra 2018/2019, na área experimental da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO. Foram avaliados 15 híbridos duplos de milho provenientes do cruzamento entre seis híbridos simples comerciais em esquema de dialelo completo. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições, em parcelas de uma linha de 4 m com 20 plantas e estande de 62.500 plantas por hectare. Os híbridos foram avaliados para peso de espigas (PE, em $t.ha^{-1}$) e produtividade de grãos (PG, em $t.ha^{-1}$) e, posteriormente, procedeu-se análise dialélica utilizando o modelo matemático-estatístico 4 de Gardner e Eberhart. Foram observados efeitos significativos apenas para heterose específica e heterose varietal, indicando que existe variação na contribuição de cada genitor para o desempenho dos híbridos e que há presença de efeitos não aditivos na expressão das variáveis PE e PG. As estimativas de heterose varietal variaram de -2,22 $t.ha^{-1}$ a 3,63 $t.ha^{-1}$ para PE, e -0,602 $t.ha^{-1}$ a 0,966 $t.ha^{-1}$ para PG. As estimativas de heterose específica variaram de -2,5 $t.ha^{-1}$ a 2,4 $t.ha^{-1}$ para PE, e de -1,96 $t.ha^{-1}$ a 1,73 $t.ha^{-1}$ para PG. Quatro híbridos duplos que tinham o híbrido simples 30F53 como genitor apresentaram heterose acima de 30%, indicando que esse híbrido apresentou boa complementariedade com os demais para os locos que contém efeitos não aditivos.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPEG, UFG.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IAC 1849 Polaco: cultivar carioca de feijoeiro com ciclo precoce e tolerante ao escurecimento do grão

Sara Regina Silvertrin Rovaris[1]; João Guilherme Ribeiro Gonçalves[1]; Daiana Alves da Silva[1]; Sérgio Augusto Morais Carbonell[2*]; Alisson Fernando Chiorato[2]; Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas (IAC); [2]Pesquisador do Centro de Grãos e Fibras (IAC)

*scarbonell@iac.sp.gov.br

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; feijão; tegumento carioca.

No desenvolvimento de cultivares de feijão precoce é imprescindível que esta apresente elevado rendimento de grãos e comportamento previsível, aliados a adaptação ao local de cultivo. Com o objetivo de atender as demandas da cadeia produtiva do feijão carioca e oferecer um produto de alta qualidade ao consumidor, foi desenvolvida a cultivar IAC 1849 Polaco com grão carioca. Na safra de 2012 o programa de melhoramento genético de feijoeiro do Instituto Agronômico de Campinas realizou o cruzamento entre a cultivar IAC Imperador e o genótipo crioulo, Branquinho, dando início ao desenvolvimento da cultivar IAC 1849 Polaco, originalmente denominada linhagem Gen 78-1A-59. Durante quatro gerações (F_2 a $F_{2:5}$) foram realizadas diversas seleções de plantas priorizando as plantas resistentes a antracnose e a murcha de fusarium, ciclo curto e tolerante ao escurecimento precoce de tegumento. Em 2016 a linhagem foi submetida a ensaios de Valor de Cultivar e Uso (VCU) por dois anos, em três épocas de cultivo em 18 ambientes do estado de São Paulo. A linhagem apresentou produtividade superior às cultivares comerciais BRS Pérola e IAC Milênio e atingiu 97% da produtividade da cultivar IAC Sintonia a mais produtiva do ensaio. A cultivar IAC 1849 Polaco apresenta como principais características o ciclo médio de 75 dias, grãos carioca de tegumento creme com listras de coloração marrom claro, tolerante ao escurecimento precoce do grão, peso médio de 1.000 sementes de 240 gramas, resistência ao patógeno da antracnose e moderadamente resistente a mancha angular, a murcha de fusarium, ao crestamento bacteriano e a murcha de Curtobacterium. A cultivar IAC 1849 Polaco é recomendada para o cultivo na época das águas, da seca e de inverno nos Estados de São Paulo, nas safras das águas e seca nos estados do Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IAC 1850: cultivar carioca de feijoeiro para alta produtividade

Alisson Fernando Chiorato[2]; Sérgio Augusto Morais Carbonell[2*]; João Guilherme Ribeiro Gonçalves[1]; Daiana Alves da Silva[1]; Sara Regina Silvertrin Rovaris[1]; Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas (IAC).; [2]Pesquisador do Centro de Grãos e Fibras (IAC)

*@iac.sp.gov.br.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; resistência ao escurecimento

O Brasil é o terceiro maior país produtor de feijão comum, sendo cultivado principalmente nos estados do Paraná, Minas Gerais, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás, São Paulo, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Rio de Janeiro. Entretanto, o progresso genético obtido no feijão nas últimas décadas, apresenta níveis de rendimento abaixo do seu potencial, demonstrando a necessidade do desenvolvimento de cultivares com maiores rendimentos e qualidade de grãos. Com o objetivo de atender as demandas da cadeia produtiva do feijão carioca e oferecer uma cultivar de alta qualidade ao consumidor, foi desenvolvida a cultivar IAC 1850. Na safra de 2012 o programa de melhoramento genético de feijoeiro do Instituto Agronômico de Campinas realizou o cruzamento entre as linhagens Seleção 940 x Seleção 847 dando início ao desenvolvimento da cultivar IAC 1850, originalmente denominada como linhagem Gen90-4A-160. Durante quatro gerações (F_2 a $F_{2:5}$) foram realizadas diversas seleções de plantas priorizando as seguintes características: porte de planta, ciclo, produtividade, tolerância ao escurecimento precoce dos grãos e as principais doenças do feijoeiro. Em 2016, a IAC 1850 foi submetida a ensaios de Valor de Cultivo e Uso (Ensaios de VCU) por dois anos; em três épocas de cultivo: águas, seca e inverno totalizando 36 ambientes obtendo-se uma produtividade média de 2.857 $kg.ha^{-1}$, correspondendo a 16% de superioridade quando comparado as cultivares testemunhas: IAC Milênio e BRS Perola que apresentaram produtividade média de 2463 $kg.ha^{-1}$. Após todas as avaliações a cultivar foi lançada com a denominação IAC 1850, apresentando ciclo médio de 90 dias; grãos tipo carioca; peso médio de 1.000 sementes de 280 gramas; tolerante ao escurecimento precoce e resistente à antracnose, moderadamente à mancha angular, moderadamente ao crestamento bacteriano e moderadamente à murcha de Curtobacterium. A cultivar IAC 1850 é recomendada para o cultivo na safra das águas, da seca e de inverno para os Estados de São Paulo e Goiás, e para as safras das águas e da seca nos estados do Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IAC Nuance e IAC Tigre: cultivares de feijoeiro para mercados especiais

Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves[1]; João Guilherme Ribeiro Gonçalves[1]; Daiana Alves da Silva[1]; Sérgio Augusto Morais Carbonell[2*]; Alisson Fernando Chiorato[2]; Sara Regina Silvestrin Rovaris[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas (IAC). [2]Pesquisador do Centro de Grãos e Fibras - IAC

*scarbonell@iac.sp.gov.br.

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

O melhoramento genético do feijoeiro, visando atender novos nichos do mercado nacional e a exportação de grãos no mercado internacional, vêm buscando desenvolver novas cultivares com grãos diferentes do tipo carioca e preto, classificados como "grãos especiais". Mas, devido à falta de cultivares adaptados e com alta produtividade de grãos, a sua produção, no Brasil, ainda é muito incipiente. Buscando apresentar novos produtos tecnológicos à cadeia produtiva do feijão no Brasil, o Programa de Melhoramento Genético de Feijoeiro do Instituto Agronômico (PMGF-IAC) registrou no Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA/RNC), em 2016, as cultivares de grãos especiais IAC Nuance (nº 36017) e IAC Tigre (nº 36014), provenientes dos cruzamentos entre a cultivar Hooter e a linhagem Gen99TG8-83 e as cultivares North Dakota e IAPAR 31, respectivamente. As plantas F2 de cada cruzamento foram inoculadas com antracnose e selecionadas as resistentes, prosseguindo o avanço de gerações e seleção das plantas com caracteres agronômicos desejáveis. As linhagens GenOTG07-4 (IAC Nuance) e GenOTG07-10 (IAC Tigre) destacaram-se e em 2010 iniciou-se os ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) para estas linhagens de grãos especiais. A IAC Nuance tem ciclo de 75 dias, grão rajado tipo Cranberry, hábito de crescimento determinado (Tipo I) e peso de mil sementes de 510 gramas. A IAC Tigre tem ciclo de 85 dias, grão com tegumento creme com pontuações marrom (Tipo Pinto Beans), hábito de crescimento indeterminado (Tipo II) e peso de mil sementes de 350 gramas. Essas cultivares são moderadamente resistentes para a antracnose, mancha angular, crestamento bacteriano e murcha de fusarium e curtobacterium, As cultivares IAC Nuance e IAC Tigre apresentaram produtividade média de 2.157,54 $kg.ha^{-1}$ e 2310,61 $kg.ha^{-1}$, respectivamente, não diferindo estatisticamente das testemunhas. Também não foram observadas diferenças estatísticas significativas em relação às testemunhas para tempo médio de cozimento (minutos) e teor de proteína bruta (%). As cultivares são recomendadas para o cultivo na época das "águas", "seca" e "inverno" no Estado de São Paulo. Sendo indicadas, também, para as épocas das "águas" e da "seca" no Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IDENTIFICAÇÃO DE FONTES E OBTENÇÃO DE FAMÍLIAS S_1 DE MELOEIRO RESISTENTES À RIZOCTONIOSE

Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva[1]; Frederico Inácio Costa Oliveira[1,2]; Leticia Moreira Vasconcelos[1]; Alexya Vitoria Félix Carvalho[1]; Fernando Antonio Souza de Aragão[1,2]*

[1]Universidade Federal do Ceará; [2]Embrapa Agroindústria Tropical.

*fernando.aragao@embrapa.br

Palavras-chave: *Cucumis melo*; *Rhizoctonia solani*; resistência.

O meloeiro vem sendo largamente cultivado na região Nordeste do Brasil, onde são empregados cultivos intensos e plantios sucessivos, ao longo do ano. Em razão disso, muitos problemas fitossanitários relacionados a patógenos habitantes do solo, como a *Rhizoctonia solani*, têm se intensificado, acarretando perdas. A utilização de cultivares resistentes constitui uma medida estratégica no manejo integrado de doenças. Diante disso, esse trabalho teve por objetivo selecionar genótipos promissores de meloeiro com resistência à rizoctoniose bem como suas progênies. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação e no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE. Foram avaliados 32 acessos de meloeiro provenientes dos Bancos Ativos de Germoplasma de Meloeiro da Embrapa Hortaliças e de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro da Embrapa Semiárido. Famílias S_1, obtidas por meio de autofecundações das plantas resistentes selecionadas, também foram avaliadas. O inóculo foi preparado a partir de grãos de arroz, utilizando uma concentração de 150 mg.kg^{-}1 para infestação. No experimento envolvendo as progênies selecionadas, foi utilizado, adicionalmente, palito de dente infestado, inserido no colo da planta, a cerca de 1 mm do solo. O isolado de *R. solani* utilizado em ambos os experimentos foi o CMM-1068. Os acessos foram avaliados quanto à severidade da doença por meio de uma escala com cinco notas, sendo a média da severidade nos indivíduos de cada acesso usada para classificar os genótipos em cinco classes, variando de altamente resistente à altamente suscetível. As progênies selecionadas foram conduzidas por meio do método genealógico (Pedigree), sendo avaliadas 16 famílias S_1. A avaliação da divergência genética, tanto entre os acessos quanto entre as famílias S_1, foi realizada por meio do método de agrupamento UPGMA, com base na distância Euclidiana. Foi possível identificar 10 acessos classificados como resistentes e seis acessos obtiveram frequência de resistência igual ou superior a 40%. O maior destaque foi para os genótipos BAGMEL 100, CNPH 15-276, BAGMEL 27, CNPH 15-446 e CNPH 93-692, pois obtiveram os menores índices de severidade associado às maiores frequências de resistência. Para as progênies avaliadas foram observados ganhos em relação à geração S_0. A variação nas respostas observada entre e dentro dos acessos evidenciam a variabilidade genética presente no germoplasma, e as fontes de resistência selecionadas, bem como os ganhos apresentados nas suas progênies têm relevância direta para programas de melhoramento voltados a resistência a rizoctoniose.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IMPLICAÇÕES DAS PROPORÇÕES ALÉLICAS DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES PARA A SELEÇÃO DE PLANTA ERETA E COM COR DOS GRÃOS CLARA PERSISTENTE NO FEIJÃO CARIOCA

Roxane do Carmo Lemos[1]; Reberth Renato da Silva[1]; Ângela de Fátima Barbosa Abreu[2], Magno Antonio Patto Ramalho[1]

[1]Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil. [2] EMBRAPA Arroz e feijão/Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil.

*roxaneclemos@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; arquitetura de planta; qualidade dos grãos

Os melhoristas de feijão estão tendo dificuldade de associar plantas eretas com a produção de grãos do tipo carioca com a cor clara persistente. Uma alternativa para solucionar esse problema seria a obtenção de populações com diferentes frequências alélicas dos genes envolvidos na arquitetura da planta e o tipo de grãos. Objetivou-se com esse trabalho verificar se as proporções alélicas para o porte ereto e a cor clara dos grãos da população inicial influencia no sucesso com a seleção de plantas de feijão que associem porte ereto e grãos claros persistentes. Foram utilizados dois genitores, a cultivar Madrepérola (P_1), referência em grãos claros e a cultivar BRSMG-UAI (P_2), padrão em porte ereto. A partir da geração F_1 foram obtidas a geração F_2 (50% dos alelos de cada genitor), o retrocruzamento com a Madrepérola (75% dos alelos do P_1, grãos claros, e 25% dos alelos P_2, porte ereto) e o retrocruzamento com o genitor BRSMG-UAI (25% alelos grãos claros e 75% alelos de porte ereto). Foram obtidas em média 47 progênies $F_{2:5}$ de cada uma das três populações. Elas foram avaliadas em um experimento no delineamento látice triplo 12 x 12, com semeadura em novembro/2018 em Lavras, MG. Os caracteres avaliados foram: a produtividade de grãos em g/parcela; o porte das plantas, em uma escala de notas em que 1 foi atribuído às plantas prostradas e 9, às plantas completamente eretas; e o escurecimento dos grãos após 30 e 90 dias, em uma escala de notas em que 1 correspondeu ao grão escuro e a nota 5 ao grão claro. Procedeu-se as análises de variância para cada caráter. Constatou-se que a avaliação do escurecimento dos grãos aos 90 dias após a colheita permitiu maior discriminação das populações e maior estimativa de h^2 entre as progênies. Considerando a média das populações ocorreu o que era esperado, a população com maior frequência do genitor Madrepérola foi a de maior nota, ou seja, grãos claros e persistentes e a com maior frequência do BRSMG-UAI maior nota referente ao porte ereto. Das 141 progênies avaliadas possível identificar 37 que associaram boa produtividade de grãos, plantas mais eretas e grãos claros persistentes. Contudo, novas avaliações estão sendo feitas para confirmar os resultados.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e FAPEMIG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INDUÇÃO DE HAPLOIDIA EM HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO DE REGIÃO SUBTROPICAL

Vitor Seiti Sagae[1]; Sidrônio Lima da Silva Neto[1]; Iara Silveira Gonçalves[1]; Julio Cesar Conte[1]; Elmar Vornes Junior[1]; Marcos Gabriel Abramoski[1]; Rodrigo Gomes[2]; Mariana Martins Marcondes[2]; Nathany Ribeiro Chiquito[2]; Marcos Ventura Faria[3]

[1]Graduando(a), Agronomia, UNICENTRO, Guarapuava-PR; [2]Pós-graduando(a), Produção vegetal, UNICENTRO, Guarapuava-PR; [3]Professor Titular, UNICENTRO, Guarapuava-PR.

*vsagae@gmail.com

Palavras-chave: melhoramento genético, *Zea mays* L., indutores gimnogenéticos

A exploração do vigor híbrido nas plantas revolucionou a indústria de sementes, incrementando os aspectos produtivos das culturas que demonstram o fenômeno da heterose, possibilitando a obtenção de híbridos de alto teto produtivo, adaptados a diversas regiões climáticas e, muitas vezes, resistentes a pragas e doenças. Com relação ao milho, tais híbridos são provenientes do cruzamento entre duas linhagens, que atualmente podem ser obtidas através da técnica de duplo-haploides, que possui potencial para produzir uma linhagem pura em um único ano. O objetivo com este trabalho foi avaliar o desempenho de 10 indutores de haploidia gimnogenéticos quando cruzados com 5 híbridos comerciais (AS1677 PRO3, AG8780 PRO3, P1630 Hx, Fórmula, MG30A68 Hx). Os cruzamentos foram realizados no munícipio de Abelardo Luz - SC na safra agrícola 2016/2017 e foi obtido o total de 763 espigas em 49 dos cruzamentos realizados. Foi avaliada a frequência de haploides putativos por espiga (FHPE) por meio do marcador morfológico R-navajo (R1-*nj*) e, posteriormente, a taxa de indução total de cada cruzamento (TIT), a frequência de expressão do gene R1-*nj* (FDE). Foi realizado o teste de qui-quadrado, considerando uma taxa de indução esperada de 9%, definida a partir de dados de indução retirados da literatura. A FHPE variou de 0 a 23,5%, com destaque para os híbridos AG8780 PRO3 e P1630 Hx, em que cada um apresentou maior média para 5 dos 10 indutores testados. A TIT obtida ficou entre 0,5 a 18,3% com média de 7%, em que novamente os híbridos AG8780 PRO3 e P1630 Hx apresentaram as maiores médias, demonstrando serem mais passíveis de indução para os indutores testados. Houve cruzamentos que não expressaram o gene R1-*nj* e outros que possuíam características do marcador em todas as sementes, com média de 69,5% de expressão. De acordo com o teste de qui-quadrado 83,7% dos cruzamentos apresentaram valores significativos de taxa de indução. Dentre os cruzamentos com médias significativas, 34% apresentaram valores superiores à taxa de indução média definida a partir da literatura. Portando, existem indutores promissores para melhorar a eficiência no processo de duplicação cromossômica para obtenção de linhagens duplo-haploides. Dentre os indutores testados, o indutor 8 (média = 5,16%) e indutor 5 (média = 4,50%) mostraram-se mais eficientes para induzir a haploidia dos híbridos testados, com taxas de indução atingindo valores máximos de 17,8% e 15,9% respectivamente, variando de acordo com o genótipo dos híbridos.

Agradecimentos: CAPES (pela bolsa de doutorado e bolsa PET-Agronomia) e Nidera Seeds Ltda.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INFLUÊNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS ENTRE GENITORES TIPO ALIMENTO X TIPO GRÃO

Alyce Carla Rodrigues Moitinho1; Ana Paula Lira Costa1; Alice Pereira Silva1; Viviane Formice Vianna1; Antonio Orlando Di Mauro1; Sandra Helena Unêda-Trevisoli1

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal., Departamento de Produção Vegetal, Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n, 14884-900 Jaboticabal SP, Brasil.

*alycecarla022@hotmail.com

Palavras-chave: *Glycine max*; componentes principais; caracteres agronômicos.

A soja é a cultura oleaginosa mais relevante do sistema agrícola mundial, por ser fonte sustentável de proteína e óleo. A busca por genótipos superiores que apresentem características agronômicas de importância econômica é constante. Atualmente, são empregadas diversas metodologias no processo de seleção de genótipos superiores, e neste contexto, a análise multivariada é uma das mais indicadas devido à possibilidade de avaliar diversas características simultaneamente. Mediante o exposto, o objetivo deste trabalho foi detectar os caracteres que mais influenciaram o processo de seleção de progênies superiores de soja oriundas de cruzamentos entre genitores tipo alimento x tipo grão, por meio de análises multivariadas. O experimento foi conduzido na área experimental da UNESP - Jaboticabal no ano agrícola 2018/19, em delineamento experimental de blocos ao acaso, com duas repetições. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de cinco metros, espaçadas de 0,5 metro entre linhas, sendo a área útil formada pelos quatro metros das duas linhas centrais. Foram utilizados 136 genótipos em geração F_7, obtidos do cruzamento entre os genótipos tipo alimento ('BRSMG 790A' e 'BRSMG 800A') x tipo grão ('BRSMG 810C'). Os caracteres avaliados foram: número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), acamamento (AC), valor agronômico (VA), peso de cem sementes (PC), e produtividade de grãos (PG). Foi realizada uma análise de componentes principais (PCA) utilizando-se o software Statistica versão 10, onde todos os dados foram padronizados para que as variáveis contribuíssem com mesmo peso, consideradas variáveis importantes aquelas que apresentaram valores de correlações acima de 0,6, independentemente do sinal. A análise de componentes principais gerou um total de oito autovalores, onde observou-se que os três primeiros componentes foram superiores a um, sendo responsáveis por explicar 77,3% da variância total contida nas oito variáveis analisadas. Para o CP1 que reteve 43,35% da variação total dos dados, os caracteres que apresentaram maior contribuição para discriminar os genótipos foram: NDM (0,73), VA (- 0,90), PC (-0,97) e PG (-0,84). Para o CP2, com 19,80% da variação, os caracteres foram: AIV (-0,90) e para CP3, com 14,19% da variação dos dados, o caráter AC (-0,93) obteve maior contribuição. O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 e CP2 no total reteve 63,15% da variância e o formado pelos componentes CP1 e CP3 reteve 57,54% da variância. A utilização da análise de componentes principais foi adequada, sendo possível detectar os caracteres de maior influência no processo seletivo, onde podemos destacar os principais componentes de produção (PC e PG), além de VA, no primeiro componente, como sendo os de maior importância.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INTERACTION SOYBEAN GENOTYPES BY SOWING TIMES: SELECTING FOR DIFFERENT BRAZILIAN LATITUDES

Nathália Salgado Silva[1], Lucas Rabelo Campos[1], Emanoel Sanches Martins[1], José Baldin Pinheiro[1]

[1] Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP.

*nathalia.salgado@usp.br

Keywords: Adaptability; Recommendation.

The phenotypic expression of a genotype is in the function of the genetic and environmental components, and the interaction between them. Knowing that the environment refers to all characteristics external to the genotype, and that strongly influences the phenotypic expression, the breeding programs aim to select genotypes that are adaptable to different Brazilian regions, through selection by sowing times. Considering that the adaptability of a genotype depends mainly on its response to the photoperiod, relating to latitudes, and aware that the soybean is a species of short days, that is, the blooming is induced when the length of the day is smaller than the critical photoperiod of the cultivar, this work had as objective the identification of soybean genotypes that are adaptable to the Brazilian latitudes, represented by sowing times, in order to extend the recommendation of the materials to the different producing states. The experiment was conducted at the Genetics Department from ESALQ, in the 2017/18 season, at the sowing dates: 09/25 (E1), 10/ 23 (E2), 11/16 (E3) and 11/15 (E4). The experimental design consisted of RBD of two replicates, in a factorial of 1x4x258 (crop, seasons, genotypes). The analysis by the Genotype Main Effects and Genotype Environment Interaction Effects (GGE) model allowed a greater capture of the GxE in relation to the AMMI, in this way, it was continued with the analysis of the interaction by the GGE. The main components PC1 and PC2 represented 66% of the grain yield variation. The interpretation of the associations was performed by the analysis of the vertex of the sector in which each environment was allocated. Thus, by "Which Won Where / What" graph it is possible to infer about the best genotype in each environment, were identified: genotype 130 for E1, 104 and 134 for E2, 162 for E3. In the analysis of the "Relationship Among Environments" graph, the environments with the shorter vectors are less discriminating, which means that all genotypes tend to express similarly, and yet, little or no information on genotypic differences can be revealed in such environment. Thus, E4 should not be used as a test environment, while the others were more discriminants for the analysis. Regions with latitudes less than 10°S do not have as much photoperiod oscillation throughout the year, when compared to regions 40°S (9h - 15h of light). According to the latitude of the experiment (22°S) and sowing periods, the photoperiod was 12, 12.5 and 13h, respectively. Associating the environmental characteristics of the three sowing seasons with the Brazilian regions, it is possible to recommend the genotype 130 for the North and Northeast, genotypes 104 and 134 for the Central regions and the genotype 162 for the Southern.

Acknowledgment: Capes, CNPQ, PPGGMP/ESALQ

LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO COM ALTOS TEORES DE FERRO E ZINCO AVALIADAS EM VÁRIOS AMBIENTES

Túlio Cardoso Brito[1]; Ludivina Lima Rodrigues[1]; Lara Rodrigues de Queiroz[1]; Leonardo Cunha Melo[2]; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza[2]; Luís Cláudio de Faria[2]; Marcelo Sfeir de Aguiar[2]; Helton Santos Pereira[2,3].

[1]Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO. [2]Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO. [3]Orientador.

*tulio_patro@hotmail.com.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Biofortificação; Melhoramento genético.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa mais importante no consumo humano direto, e apresenta nutrientes essenciais para processos fisiológicos no organismo humano como o ferro e o zinco. A biofortificação consiste em uma estratégia usada para aumentar os teores dos nutrientes via melhoramento genético. O feijão apresenta grande potencial para tal estratégia, pois já apresenta altos teores desses minerais. O objetivo do trabalho foi selecionar linhagens de feijão preto que possuam altos teores de ferro e zinco. Foram utilizadas oito linhagens previamente selecionadas em trabalhos anteriores com base na avaliação de teores de ferro (TFe) e zinco (TZn) em dois ambientes. Essas linhagens são provenientes de um programa de desenvolvimento de genótipos superiores para altos TFe e TZn, no qual foram geradas e avaliadas 15 populações segregantes. Uma das populações selecionadas foi a BRS Requinte x G2358, que originou 25 linhagens de grão preto. Essas linhagens foram avaliadas em dois ambientes e foram selecionadas as oito linhagens para avaliação em nove ambientes: Ponta Grossa/PR, na seca/2017; Santo Antônio de Goiás/GO no inverno e águas em 2014 e 2017; Brasília, no inverno e águas/2017; e Frei Paulo/SE e Carira/SE, nas águas/2017. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições e parcelas de três linhas de três metros. As análises de teor de ferro e zinco foram realizadas por digestão acida da matéria orgânica, conforme técnica de espectrofotometria de absorção atômica por chama. Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas, teste de agrupamento de Scott & Knott, a 5% de probabilidade e também análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Annicchiarico. Houve diferença significativa entre as linhagens para os TFe e TZn, mostrando que existe variabilidade entre as linhagens e a possibilidade de seleção das melhores. As médias das linhagens variaram de 65,3b a 73,9a mg.kg^{-1}, para TFe e de 30,3c a 34,9a mg.kg^{-1}, para TZn. O efeito do ambiente também foi significativo para os dois caracteres, com médias variando de 64,6 a 74,6 mg.kg^{-1}, para TFe e de 19,4 a 47,4 mg.kg^{-1}, para TZn. Esse efeito foi responsável pela maior parte da variação total (50% para TFe e 88% para TZn), evidenciando que para obtenção de grãos com maiores teores desses minerais, o efeito do ambiente é importantíssimo. O efeito da interação entre linhagens e ambientes também foi significativo, indicando a importância da avaliação em diversos ambientes para a seleção de genótipos superiores para esses caracteres. A linhagem CNFP 18676 apresentou as médias mais altas para TFe (73,9a mg.kg^{-1}) e TZn (34,9a mg.kg^{-1}) e boa adaptabilidade e estabilidade para TFe (100,8) e TZn (104,1) e deve ser avaliada em ensaios em múltiplos ambientes para indicação de novas cultivares.

Agradecimentos: CNPq e Embrapa.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MACHINE LEARNING ALGORITHMS MAY AUTOMATE THE MAIZE DOUBLED HAPLOID SELECTION

José Felipe Gonzaga Sabadin[1*]; Giovanni Galli[1]; Ronaldo Borsato Jr.[1]; Leonardo Fioravante Gotardi[1]; Roberto Fritsche-Neto[1]

[1]Universidade de São Paulo (USP/ESALQ).

*felipe.sabadin@usp.br

Keywords: image analysis; haploid inducer; R-Navajo

Doubled haploid (DH) technique enables accelerating maize breeding programs by reducing the number of generations required to obtain new inbred lines. It consists of chromosome duplication of haploid individuals, which are usually identified by morphological markers. Traditionally, the discrimination among haploid and diploid seeds is done manually through visual identification of the *R1-nj* (marker) in the embryo and endosperm regions. However, the identification of putative haploids is not an easy task due to the time-consuming, differential phenotypic expression, and evaluator effect. Therefore, the objective was to verify the accuracy of discrimination between haploid (H), diploid (D) and marker inhibited (I) seeds by a machine learning algorithm using image analysis. Thus, a population of kernels was obtained by crossing a haploid inducer variety to two commercial hybrids. Then, the kernels were visually classified into H, D, and I classes by an expert researcher. A sample of 180 kernels from each class was collected, and RGB images (500x500 px) of single individuals were taken. The dataset was augmented by rotation to generate additional training data. The analysis was performed using a data mining algorithm (Color Histogram) to pre-process the training set to extract attributes (new variables extracted from images) for the classifier algorithm. Further, we used an algorithm (Correlation-based Feature Selector – CFS) to select the most informative attributes. Moreover, we used the Random Forest (RF) algorithm as kernel class classifier and verified the performance through classification accuracy (the number of correct predictions divided by the total number of predictions). All algorithms were run in Weka 3.8. The RF classifier was implemented into two schemes: using the full training set (FTS) and by 5-fold cross-validation (CV) with 5 replicates. The classification accuracy was 1.00 and 0.99 using FTS and CV, respectively. For FTS, the RF algorithm classifies all images correctly. Through CV scheme, 1.49% images were incorrectly classified, being 1.14% confused between D and H, 0.37% between H and I, and 0.01% between D and I categories. These results indicate the usefulness of the RF algorithm to classify and sort seed from induced crosses, reducing misclassification, costs, and time of evaluation.

Acknowledgment: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MELHORAMENTO GENÉTICO PREVENTIVO DO FEIJOEIRO-COMUM PARA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO AUREOLADO

Laysla Morais Coêlho[1]; Ana Rúbia de Sá Santos[2]; Paula Pereira Torga[3]; Márcio Elias Ferreira[4]; Helton Santos Pereira[3]; Leonardo Cunha Melo[3]; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza[3].

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Faculdade Araguaia. [3]Embrapa Arroz e Feijão. [4]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

*thiago.souza@embrapa.br

Palavras-chave: *Pseudomonas syringae pv. phaseolicola*; *Phaseolus vulgaris* L.; Psp.

A bactéria *Pseudomonas syringae pv. phaseolicola* (*Psp*) é o agente causal do crestamento bacteriano aureolado do feijoeiro, doença amplamente difundida no mundo. No Brasil, o patógeno é considerado um organismo quarentenário de alto risco para a produção de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), capaz de causar grandes perdas e prejuízos. A utilização de cultivares resistentes ao patógeno é um dos métodos de controle mais indicados. Com isso, foi instituído no Brasil um Programa Nacional de Melhoramento Genético Preventivo, coordenado pela Embrapa, o qual objetiva desenvolver cultivares com resistência genética a pragas quarentenárias de alto risco para a agricultura brasileira, antes que elas efetivamente entrem no território brasileiro com consequências negativas para a competitividade do agronegócio nacional. Assim, o objetivo desse trabalho foi desenvolver estoques genéticos de feijão-comum da classe comercial carioca com resistência ao crestamento bacteriano aureolado. Foram realizados retrocruzamentos utilizando como genitores doadores as fontes de resistência ao crestamento bacteriano aureolado BelNeb-RR1 (*Pse-6*) e ZAA-43 (*Pse-2*) e como genitor recorrente a cultivar BRS Estilo. Os cruzamentos foram realizados em telado com sistema de climatização por nebulização, na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás-GO. As plantas F_1 foram identificadas por genotipagem com marcadores SSR e utilizadas como genitoras doadoras nos retrocruzamentos seguintes, até a geração F_1RC_3. A cada ciclo de retrocruzamento foi realizada a genotipagem das plantas com 24 marcadores microssatélites bem distribuídos no genoma do feijoeiro. A similaridade genética das plantas RC_nF_1 com ao genitor recorrente BRS Estilo foi estimada com o auxílio do Programa Genes e selecionadas as plantas mais similares. Na geração F_1RC_3 foi monitorada a presença dos genes de resistência *Pse-6* e *Pse-2* com os marcadores SCAR SB10.550 e SCAR SAE15.955, respectivamente. Foram obtidas plantas de feijão carioca F_1RC_3 (> 97% do genoma de BRS Estilo) contendo individualmente os genes de resistência a *P. syringae* pv. *phaseolicola*. Os genes de resistência *Pse-6* e *Pse-2* apresentam ação dominante a conferem resistência a quatro (raças 1, 5, 7 e 9) e sete (raças 2, 3, 4, 5, 7, 8 e 9) das nove raças já conhecidas da bactéria. Isto é uma observação importante, visto que a potencial piramidização destes dois genes na mesma cultivar poderá protegê-la de quase todas as raças conhecidas da bactéria. Trata-se, portanto, da busca de soluções eficientes para o controle sustentável da doença, oferecendo soluções aos produtores para uma doença de alto risco para a produção de feijão no Brasil.

Agradecimentos: FAPEG, CNPq, Embrapa Arroz e Feijão e Universidade Federal de Goiás.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MODELO MISTO NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA ORIUNDOS DE POPULAÇÕES OBTIDAS ENTRE GENITORES COM DIFERENTES GRUPOS DE MATURIDADE

Lígia de Oliveira Amaral[1]; Júlia Godoy Alexandrino[1]; Alice Pereira Silva1; Alyce Carla Rodrigues Moitinho[1]; Antonio Orlando Di Mauro[1]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil.

*ligiaoamaral@hotmail.com

Palavras-chave: *Glycine max*; REML/BLUP; ciclo; caracteres agronômicos.

A cultura da soja (*Glycine max* L. Merrill), possui seu desenvolvimento altamente influenciado pelo fotoperíodo, afetando diretamente a fenologia e também a produtividade dos genótipos. Devido à variação de latitude, existe a necessidade de classificar e categorizar os genótipos por grupos de maturidade, facilitando a indicação dos genótipos mais adequados para cada região e manejo de cultivo. O objetivo deste trabalho consistiu em comparar duas populações de soja, oriundas de diferentes genitores com relação aos caracteres de produção e grupo de maturidade, visando uma maior eficiência na seleção de genótipos superiores para diferentes estratégias de manejo cultural. As populações foram obtidas do cruzamento entre BMX POTÊNCIA RR x BMX ENERGIA RR (P1) e do cruzamento entre BMX VELOZ RR x BRS 278 RR (P2), e foram conduzidas em experimentos na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da FCAV/UNESP Jaboticabal, SP, no ano agrícola 2017/2018. Foram avaliados 120 genótipos da P1 (geração F_6) e 220 genótipos da P2 (geração F_5), com quatro testemunhas intercalares, no delineamento de Blocos Aumentados de Federer, com parcela de uma linha de cinco metros de comprimento, espaçadas de 0,5m. Foram coletadas cinco plantas individuais em cada parcela, sendo obtidos os valores médios. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura de planta no florescimento (APF), altura de planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), acamamento (AC), valor agronômico (VA) e produtividade de grãos (PG). As análises estatísticas foram realizadas por meio do software SELEGEN, utilizando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) para obtenção dos valores genéticos preditos para os caracteres avaliados. Os BLUP's obtidos indicaram os genótipos mais produtivos da P1 como sendo o 78 (33.97g), 71 (22.74g) e 65 (22.61g). Para estes genótipos, os valores médios das demais variáveis foram NDF 33.69 dias, NDM 98.09 dias, APF 21.81cm, APM 73.46cm, AIV 12.79cm, AC 1.29 e VA 3.30. Na P2, os genótipos mais produtivos foram o 171 (15.028g), 116 (15.026g) e 56 (15.025g). Os valores médios para os demais caracteres foram NDF 30.02 dias, NDM 98.74 dias, APF 25.21cm, APM 79.24cm, AIV 10.96cm, AC 1.68 e VA 3.28. Estes resultados indicam que os genótipos mais produtivos de cada população possuem também as demais características agronômicas adequadas a cultivos mecanizados, podendo ser recomendados para a região avaliada, onde o uso de genótipos mais precoces são preferidos, para rotação com a cultura da cana de açúcar. As análises realizadas nos permite inferir sobre os genótipos com melhor desempenho em cada população, aumentando assim a eficiência na seleção de genótipos superiores.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MONITORAMENTO DA AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS DE *Pseudocercospora griseola* COLETADOS EM ANOS DIFERENTES NO ESTADO DE MINAS GERAIS

Nathalia Bottrel Maia Pereira[1], Paula Furtado de Pádua[1], Fernanda Castro Pereira[1], Adilson Junior Soares Alves[1], Elaine Aparecida de Souza[1]*

1Universidade Federal de Lavras, 37200-000, Lavras, MG – Brasil,

*easouza@dbi.ufla.br

Palavras chaves: Resistência genética; Phaseolus vulgaris; mancha angular.

A mancha angular do feijoeiro é uma doença causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola.* A obtenção de linhagens resistentes à doença é dificultada pela ampla variabilidade do patógeno. Dessa maneira, o objetivo deste trabalho foi analisar a agressividade de isolados de *P. griseola* de duas áreas de cultivo de feijão em dois anos. Foram coletadas folhas com lesões de mancha angular em campos de feijoeiro nos municípios de Lavras e de Lambari, no sul de Minas Gerais nas safras da seca dos anos de 2017 e 2018. A partir das lesões foram realizados os isolamentos de *P. griseola* para obtenção de culturas monospóricas. Os isolados obtidos foram conservados por meio do método de tiras de papel. Para o teste de agressividade, foram conduzidos 2 experimentos no delineamento de blocos casualizados com quatro linhagens de feijoeiro (BRSMG Madrepérola, Pérola, MAIII-16.159 e Ouro Negro) e 15 isolados de *P. griseola*, com três repetições. Para o preparo da suspensão de conídios, discos de micélio da colônia dos isolados de *P. griseola* foram repicados para tubos de ensaio contendo meio BDA (batata- dextrose- ágar) e mantidos à temperatura de 24°C na incubadora (B.O.D), por um período de 12 dias. As linhagens de feijoeiro foram semeadas em bandejas de poliestireno, de 162 células. As plântulas com oito dias foram inoculadas com uma suspensão de conídios do patógeno na concentração de $2x10^4$. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação com temperatura e umidade controladas (25ºC e UR 85%). A avaliação da reação das linhagens a *P. griseola* foi realizada 15 dias após a inoculação. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância. A comparação entre as médias foi realizada utilizando o teste-t e o agrupamento de Scott-Knott, ambos a 5% de probabilidade. A interação linhagens x isolados dos dois anos foi significativa, indicando que o comportamento dos isolados não foi coincidente. Para as linhagens Madrepérola e MAIII 16.159, os isolados de ambos locais não apresentaram diferença significativa entre os anos. Na linhagem Pérola, houve diferença significativa entre os anos de coleta tanto para os isolados de Lavras quanto de Lambari, sendo que os isolados de 2018 de ambos locais apresentaram maior reação de agressividade à mesma. Para a linhagem Ouro Negro, apenas os isolados de Lavras apresentaram diferença significativa entre os anos de coleta. Esses resultados evidenciam a dinâmica da população do patógeno e a necessidade do constante monitoramento do mesmo para uso nos programas de melhoramento.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

NOVAS LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA PRECOCE PARA ALTO RENDIMENTO DE GRÃOS EM PERNAMBUCO

Nayana Frutuoso de Morais[1]; Sávio Roberto Martins[1]; Yasmine Naciana Marinho dos Santos[1]; Richardson Rocha Sales[2]; Hecton Santos Pereira[3]; Antônio Felix Costa[4]; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Silvério de Paiva Freitas Junior[1].

[1]Universidade Federal do Cariri – UFCA. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. [3]Embrapa Arroz e Feijão. [4]Instituto Agronômico do Pernambuco - IPA.

*nayana_1996morais@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, seleção simultânea, produtividade.

O feijão-comum carioca atualmente apresenta no Estado do Pernambuco 88,9 mil ha de área cultivada, 603 kg/ha de produtividade e 53,6 mil t de produção, de acordo com a CONAB. O feijão carioca está submetido as mais diversas condições ambientais, com diferentes épocas de semeadura e cultivo, onde os fatores abióticos interferem na produtividade de grãos, devendo ser levados em consideração pelos programas de melhoramento. Estudos revelam que o potencial de rendimento de grãos, está diretamente ligado com as condições edafoclimáticas particulares, que cada ambiente representa; novas cultivares de feijão carioca com maior rendimento de grãos faz-se necessário para Pernambuco. Esse trabalho teve como principal objetivo, avaliar o desempenho produtivo de novas linhagens de feijão carioca em diferentes municípios no Estado do Pernambuco, Brasil. Em 2016, 11 genótipos de feijão carioca (oito linhagens precoces e semi-precoces e três controles), foram avaliados nas estações experimentais do Instituto Agronômico de Pernambuco – IPA, nos municípios de Caruaru, Arcoverde e Araripina. O experimento foi conduzido conforme delineamento em blocos, ao acaso, com três repetições, totalizando 99 parcelas experimentais. Cada parcela compreendeu quatro linhas de 4 m, espaçadas em 50 x 20 cm, totalizando uma população de 100 mil plantas ha^{-1}. Os dados de produtividade foram coletados nas duas linhas centrais, desconsiderando as linhas de bordadura, em seguida submetidos a uma analise de variância, e a diferença entre as cultivares e linhagens, foram investigadas através do teste de Tukey, a 5% de probabilidade, utilizando os recursos computacionais do programa Genes. O experimento teve boa precisão, com um coeficiente de variação abaixo de 15%. O coeficiente de determinação genotípica (H^2%) foi de 90,95, 94,62 e 95,01%, nos ambientes de Araripina, Caruaru e Arcoverde, respectivamente. Os maiores rendimentos de grãos, em Araripina, foram obtidos pelo controle BRS Notável e pelas linhagens CNFC 15502, CNFC 15874, CNFC 15873 e CNFC 15625. Com exceção do CNFC 15625, essas linhagens também apresentaram rendimentos acima da média geral no município de Caruaru, juntamente com a linhagem CNFC 15875. Em Arcoverde, as maiores médias de produtividade foram obtidas pelas linhagens CNFC 15626, CNFC 15874, BRS Notável, IPR Colibri e CNFC 15625.

Agradecimentos: IPA, Embrapa, UFCA e CNPq.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

NOVAS LINHAGENS DE FEIJÃO PRETO PARA ALTO RENDIMENTO DE GRÃOS EM PERNAMBUCO

José Jonas Gomes Cavalcante[1*]; Thalyta Batista Clementino[1]; Yanka Jordânia Leite Amorim[1]; Richardson Rocha Sales[2]; Hecton Santos Pereira[3]; Antônio Felix Costa[4]; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Silvério de Paiva Freitas Junior[1].

[1]Universidade Federal do Cariri – UFCA. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. [3]Embrapa Arroz e Feijão. [4]Instituto Agronômico do Pernambuco.

*josejonasgc@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*, seleção simultânea, produtividade.

O Estado do Pernambuco atualmente é responsável por 16,7 mil ha de área plantada, 638 kg/ha de produtividade, e 10,7 mil t de produção de feijão-comum do grupo comercial preto, de acordo com a CONAB. Ainda assim, sabe-se que as condições previsíveis como: clima, solo e técnicas agronômicas, e imprevisíveis como: distribuição de chuvas, temperatura, solo e geadas, contribui de forma direta para a interação genótipo x ambiente. No entanto, novas cultivares com características desejáveis, sobretudo estabilidade de produção, visando colaborar para o aumento da produtividade, devem ser lançadas para o Estado do Pernambuco. Esse trabalho teve como principal objetivo, avaliar o desempenho produtivo de novas linhagens de feijão preto em diferentes municípios no Estado do Pernambuco, Brasil. No ano-safra de 2012, 15 genótipos de feijão preto (12 linhagens e três controles) foram avaliados nas estações experimentais do Instituto Agronômico de Pernambuco – IPA, nos municípios; Ibimirim, Belém do São Francisco e Petrolina. O experimento foi conduzido conforme delineamento em blocos, ao acaso, com três repetições, totalizando 135 parcelas experimentais. Cada parcela compreendeu quatro linhas de 4 m, espaçadas em 50 x 20 cm, totalizando uma população de 100 mil plantas ha^{-1}. Os dados de produtividade foram coletados nas duas linhas centrais, desconsiderando as linhas de bordadura, em seguida submetidos a uma analise de variância, e a diferença entre as cultivares e linhagens, foram investigadas através do teste de Tukey, a 5% de probabilidade, utilizando os recursos computacionais do programa Genes. Percebe-se que o coeficiente de variação foi entre 18,19 e 32,12 %, representando, respectivamente, média e baixa precisão experimental. Para a estimativa do coeficiente de determinação genotípica (H^2%), observaram-se valores superiores nos ambientes; Ibimirim (77,11%) e Petrolina (73,25%) e médio para Belém do São Francisco (54,41%). As linhagens CNFP 10104, CNFP 10794, CNFP 15171, CNFP 15178, CNFP 15193 e CNFP 15207 apresentaram rendimento acima da média geral em Ibimirim. Em Belém do São Francisco, as linhas CNFP 15171, CNFP 15178, CNFP10104, CNFP 15177, IPR Uirapuru, CNFP 15198 e CNFP 15208 apresentaram maiores produtividades de grãos, respectivamente. A linhagem CNFP 15194 proporcionou o maior rendimento em Petrolina.

Agradecimentos: IPA, Embrapa, UFCA e CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

O CRESCIMENTO, *STATUS* HÍDRICO E O DESENVOLVIMENTO RADICULAR DE PLANTAS DE MILHO-PIPOCA APRESENTAM EFEITOS RECÍPROCOS EM CRUZAMENTOS?

Samuel Henrique Kamphorst[1*], Ludovico Caracciolo[2], Omar Vergara Diaz[2], Adrian Gracia-Romero[2], Valter Jário de Lima[1], Talles de Oliveira Santos[1], Antonio Teixeira do Amaral Júnior[1], Jose Luis Araus Ortega[2]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF. [2]Universitat de Barcelona, UB.

*samuelkampho@hotmail.com

Palavras-chave: Estresse hídrico; heterose; *Zea mays L. everta*.

A seca é o fator abiótico mais limitante para o crescimento e o desenvolvimento vegetal, causando um efeito intenso na produtividade de grãos. O conhecimento do controle genético dos caracteres-chave que garantem maior tolerância ao estresse hídrico, que podem ser obtidos por meio de cruzamentos dialélicos, auxiliam na seleção genitores, fornecendo valiosas informações para o melhoramento de plantas. Diante do exposto, objetivou-se investigar o mecanismo genético que controla características relacionadas ao crescimento, *status* hídrico e radiculares sob distintos regimes hídricos. Quatro linhagens S_7 e suas possíveis combinações híbridas (12), incluindo os recíprocos, foram avaliados em ambiente mantido a 100 % (WW) e 30 % (WS) da capacidade de campo, até a fase de pré-florescimento. As plantas foram cultivadas em tubos com 1,5 m de comprimento. Avaliaram-se as características: biomassa da parte aérea (BPA), altura de planta (AP), pigmentos foliares (clorofila (CHL), flavonóides (FLAV), antocianinas (ANTH) e índice base de nitrogênio (NBI), trocas gasosas foliares (taxa de fotossíntese líquida – A; condutância estomática – *gs*; transpiração – E), o conteúdo relativo de água (RWC), a transpiração cumulativa e características radiculares de cinco seções de solo (densidade de peso radicular – RWD), espaçadas em 30 cm, até 150 cm, denominadas **a**, **b**, **c**, **d** e **e**. Realizou-se a análise de variância individual. As análises de capacidade combinatória, geral (CGC) e específica (CEC), bem como dos efeitos recíprocos (REC) foram realizadas de acordo com o Método 1 da análise dialélica proposta por Griffing (1956). Considerou-se como fixo o efeito dos genótipos. Em condições WS e WW, os caracteres BPA, AP, CHL, FLAV, ANTH e NBI apresentaram diferenças significativas para CGC e CEC. Contudo, a magnitude dos componentes quadráticos evidencia a maior importância dos efeitos não-aditivos em relação aos demais. Diagnosticaram-se efeitos significativos de REC, no ambiente WW, para as características CHL, FLAV e NBI. Com base na análise dos valores dos componentes quadráticos, constataram-se magnitudes mais elevadas dos efeitos recíprocos em relação aos demais, para as características A, *gs*, E e RWC em WS; e, para gs e E, em WW. Para os caracteres radiculares RWDa, RWDb, RWDc, RWCd e RWDe, nos ambientes WS e WW, a significância da CEC e as maiores magnitudes das médias dos quadrados dos efeitos de ØsØs evidenciam a maior importância dos efeitos não-aditivos e, portanto, explorar a heterose torna-se de fundamental importância. Para o sucesso de programas de melhoramento para adaptação à seca, recomenda-se o uso de híbridos, devido aos efeitos gênicos não-aditivos serem responsáveis pelo controle de maior parte de caracteres de crescimento e radiculares, sobretudo em ambiente com *déficit* hídrico.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

OBTENÇÃO DE DUPLO-HAPLOIDES DE MILHO VIA ASSOCIAÇÃO DE PROTOCOLOS DE DUPLICAÇÃO CROMOSSÔMICA

Roberto dos Santos Trindade[1], Tácila Cristina de Azevedo[2], Mariana Rodrigues

Ribeiro[3], Ubiraci Gomes de Paula Lana[1], Isabel Regina Prazeres de Souza[1], Lauro José Moreira Guimarães[1], Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães[1]
[1]Embrapa Milho e Sorgo. [2]Faculdade Ciências da Vida. [3]Universidade Federal de Viçosa.

*roberto.trindade@embrapa.br.

Palavras-chave: *Zea mays* L.; Desenvolvimento de linhagens; inibidores de mitose.

A tecnologia de duplo-haploides (DHs) permite obter linhagens 100% homozigotas em tempo reduzido. Entretanto, a duplicação cromossômica, ou seja, a aplicação de inibidores de mitose para permitir a duplicação de cromossomos sem que haja divisão celular, é uma etapa crucial que demanda o aprimoramento contínuo e desenvolvimento de novos protocolos de duplicação a fim de ampliar a eficiência e a segurança deste processo na produção de linhagens DHs. O objetivo deste trabalho foi testar o efeito da associação de dois protocolos de duplicação cromossômica na obtenção de linhagens duplo-haploides de milho. O experimento foi realizado na Embrapa Milho e Sorgo, em Sete Lagoas, Minas Gerais, entre janeiro e julho de 2018. Para o experimento, foram utilizados haploides derivados dos genótipos-fonte 3100182x521343 (F1 do grupo heterótico Flint) e 5100331-4x371060-1 (genótipo S1 do grupo heterótico Dent), sendo aplicados dois processos de duplicação cromossômica com colchicina: via absorção radicular e via injeção no coleto. Na execução do experimento, 100 sementes haploides de cada fonte foram semeadas em bandejas plásticas de 50 células, contendo vermiculita como substrato. 15 dias pós-emergência foi realizado o primeiro tratamento com colchicina via radicular. Para tanto, plântulas foram removidas, tiveram suas raízes lavadas em água corrente e imersas por 6 horas em solução contendo colchicina (1g), DMSO (1ml) e Tween 20(1ml) diluídos em 1l de água deionizada. Após tratamento, houve a lavagem das raízes em água corrente para eliminar resíduos de colchicina, e transplantio para bandejas de 50 células com substrato comercial. 11 dias após o primeiro tratamento, deu-se aplicação de colchicina via injeção no coleto com seringas de 1ml com agulha hipodérmica, utilizando-se solução de 1,25g de colchicina e 5ml de DMSO para 1l de água deionizada. Visando aprimorar a aplicação da colchicina via injeção foi adicionado à solução um corante atóxico. Em cada planta foi aplicada uma dose de 100 µl e as plantas foram mantidas no escuro por 8 horas após aplicação. Dois dias após o último protocolo, as plântulas foram transplantadas para vasos com solo adubado, em casa de vegetação com temperatura e umidade controladas. Para cada genótipo-fonte, foram determinadas as porcentagens de plantas duplo haploides com pendões viáveis (com pólen), de espigas com sementes e de sementes/espiga. O genótipo-fonte 3100182x521343 teve 11,94% de plantas com pendões viáveis e espigas com sementes duplo-haploides, com uma média de 11 sementes/espiga. Já o genótipo-fonte 5100331-4x371060-1 teve 28,68% de pendões viáveis e espigas com sementes, com uma média de 10 sementes/espiga, superando resultados de literatura que reportam a obtenção de uma a três sementes por espiga em duplo haplóides utilizando métodos isolados de duplicação. Estes resultados demonstram o potencial da associação de protocolos de duplicação cromossômica para aumentar a produção de duplo-haploides em programas de melhoramento de milho.

Agradecimentos: FAPEMIG, CNPq e Embrapa Milho e Sorgo.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

OBTENÇÃO DE PROGÊNIES PRODUTIVAS DE CÁRTAMO DESENVOLVIDAS PELA FCA/UNESP

Beatriz Sousa Savio[1]; Giovani Stocco Gothardi[2]; Sebastião Soares de Oliveira Neto[3*]; Maurício Dutra Zanotto[4]

[1]Faculdades Integradas de Bauru – SP. [2]Faculdade Galileu. [3]FCA – UNESP Campus de Botucatu - SP / Faculdades Integradas de Bauru - SP. [4] FCA – UNESP Campus de Botucatu - SP.

*beatriz.sousasavio@gmail.com

Palavras-chave: melhoramento genético do cártamo; materiais superiores; novas cultivares.

A demanda por biocombustíveis vem crescendo junto com as pesquisas por fontes de energias alternativas. O cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) é uma cultura oleaginosa pouco pesquisada no Brasil, mas com cultivos expressivos em países como a Índia, México e Argentina. A variabilidade genética nas culturas agrícolas é importante como fonte de genes para posterior cruzamento e obtenção de novas variedades, através de diversos métodos de cruzamento e vem sendo explorada para o desenvolvimento de novos materiais produtivos. A produtividade e o teor de óleo são os principais pontos trabalhados no melhoramento do cártamo, onde busca-se principalmente materiais ricos em óleo, com alta produtividade, que atenda os critérios comerciais e que possa ser empregados na alimentação humana e animal. Foram realizados os avanços de geração de F3 para F4 entre os anos de 2017/2018 na Fazenda Experimental da FCA/UNESP em São Manuel – SP e de F4 para F5 em meados de 2018 nas dependências do Departamento de Produção e Melhoramento da FCA/UNESP em Botucatu – SP. As oito populações segregantes avaliadas foram obtidas através de cruzamentos entre acessos provenientes do banco de germoplasma Western Regional Plant Introduction Station (WRPIS), oriundos do Germoplasm Resource Information Nertwork (GRIN). Os avanços de gerações de F3 a F5 foram realizados pelo método *Single Seed Descent* (SSD). As populações foram avaliadas quanto ao: número de capítulos por planta (N°C), produção de grãos por planta (PROD), em gramas, peso de 1000 grãos (PMG), em gramas, e teor de óleo (%O), em porcentagem. Os dados foram submetidos às análises multivariadas de agrupamento pelo método completo utilizando a distância euclidiana e de componentes principais pelo software Minitab 17®. Em F4, a população P11 se destacou com as maiores médias para as características N°C, PROD e PMS, obtendo também %O superior (36,3%). Já em F5, a população P4 obteve as maiores médias de N°C (16,5), PROD (16g) e O% entre as maiores médias do experimento (23,1%). As populações continuam em processo de melhoramento e nos próximos anos novas cultivares produtivas de cártamo serão registradas junto ao RNC/MAPA.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

OPTIMIZING UAV-BASED PHENOMIC PREDICTION OF PLANT HEALTH AND GRAIN YIELD IN SORGHUM HYBRIDS

Giovanni Galli[1]; David W. Horne[2]; William L. Rooney[2]; Leonardo Fioravante Gotardi[1]; Roberto Fritsche-Neto[1]*

1University of São Paulo, "Luiz de Queiroz" College of Agriculture, Department of Genetics, Piracicaba, São Paulo, Brazil. 2Texas A&M University, Department of Soil and Crop Sciences, College Station, TX, USA.

*roberto.neto@usp.br

Keywords: HTP; UAS; multispectral

High-throughput phenotyping has enabled the acquisition of astonishing amounts of data. In this sense, finding informative HTP traits and phenological stage(s) would lead to significant optimization of HTP-assisted selection. Hence, the aims of this study were to: *i)* determine the optimal number of evaluation dates to predict plant health (anthracnose scores) and grain yield (GY); *ii)* assess the best (combination of) vegetation indices based on multispectral imagery in the prediction of plant health (anthracnose scores) and GY; *iii)* compare state-of-the-art algorithms to predict plant health (anthracnose resistance scores) and GY based on HTP traits. Experimentation was carried out using 32 hybrids in RCBD with 3 replications during the 2018 season in College Station, TX. Inoculation of *C. sublineolum* was performed and the hybrids response recorded to estimate the anthracnose AUDPC (area under disease progress curve). GY was measured based on the production of the plot. Vegetation indices (CIg, CIre, NDVI, NDVIre, MSR and MSRre) were estimated by remote sensing on five dates (69, 91,102, 119, and 127 days after sowing; DAS) using a multispectral camera boarded on a UAV to be used in phenomic prediction of AUDPC and GY under partial least squares regression (PLSR) and neural network (NN) algorithms. Predictions scenarios were set using two structures considering: single index but multiple flight dates as predictors; and combinations of indices in a single-flight date as predictors. Scenarios and algorithms were compared based on their predictive ability (PA; from -1 to 1). Results suggest that there is no increase in PA by combining multiple vegetation indices from the same flight. Therefore, using only the index with higher PA (e.g. NDVI or MSR for AUDPC with PA of 0.79; and any index but Cig with PA of ~0.57) is recommended. Similarly, combining measurements of a spectral index from multiple flights did not result in relevant PA increase for both main traits. Hence, a single flight for each trait provides enough information (e.g. 119 with PA of 0.82 for AUDPC; 102 with PA of 0.60 for GY). Nevertheless, the difference in PA of GY was only 0.02 from flights at 119 DAS (best for AUDPC) and 102 (best for GY). This means that prediction of GY and AUDPC could be done using a single flight (119 DAS) with minor accuracy loss. Regarding prediction algorithms, PAs of PLSR and NN were similar, but the first was generally better. In conclusion, utilizing PLSR with data from one flight (119 DAS) and a single index (NDVI or MSR) should suffice for indirect selection for GY and anthracnose resistance in sorghum and, potentially, increase selection efficiency.

Acknowledgment: The Allogamous Plant Breeding Laboratory team thanks Texas A&M University, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Finance Code 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) for the intellectual and financial support.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS ASSOCIADOS À QUALIDADE DA FIBRA DO ALGODOEIRO (*Gossypium hirsutum*)

Luís Gabriel Silva Alvarenga[1]; João Luís da Silva Filho[2]; Nelson Dias Suassuna[2] ; Marcela Pedroso Mendes Resende[1]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Algodão.

*luisgabriel543@gmail.com

Palavras-chave: genética quantitativa; métodos de melhoramento; seleção indireta.

A fibra do algodoeiro é a principal matéria-prima utilizada na indústria têxtil mundial. É determinada por diversos caracteres de herança complexa, influenciados pelo ambiente, e que podem ser negativamente correlacionados entre si, dificultando ganhos genéticos na seleção para qualidade de fibra. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para caracteres relacionados à qualidade da fibra do algodoeiro. A partir do cruzamento entre as cultivares de algodão BRS 336, convencional de fibra de alta qualidade, e DP 164 B2RF, transgênica e de fibra média, foram conduzidas duas populações: uma utilizando o método de melhoramento bulk, e outra a partir do retrocruzamento com a cultivar BRS 336. O delineamento utilizado em ambas populações foi o látice simples 12 x 12. Amostras da fibra de progênies $F_{5:6}$, conduzidas por bulk, e $F_{3:4}RC_3$, conduzidas por retrocruzamento, foram analisadas utilizando o aparelho *High Volume Instrument* (HVI), que avalia a qualidade da fibra através da mensuração dos caracteres comprimento (C), maturidade (MAT), uniformidade (U), *micronaire* (MIC), alongamento (ELG), índice de fibras curtas (FC), resistência (R), grau de amarelecimento (b) e reflectância (Rd), do índice de consistência de fiação (SCI) e do índice de fiabilidade (CSP), além desses, foi obtida ainda a porcentagem de fibra (PF). As análises de variância foram realizadas utilizando o *software* estatístico R e as correlações genéticas através do *software* Genes. Os valores de herdabilidade em sentido amplo foram obtidos através das esperanças de quadrados médios das análises de variância. Observaram-se diferenças significativas entre as progênies para R, MIC, PF, ELG, C e FC, confirmando a complexidade desses caracteres, já que ambas as populações se encontravam em gerações avançadas. As estimativas de herdabilidade variaram de 6,37% (Rd) a 66,96% (PF) nas progênies $F_{5:6}$ e de 6,64% (MIC) a 74,94% (C) nas progênies $F_{3:4}RC_3$. Esses valores em conjunto com a variabilidade genética apresentada, podem proporcionar altos ganhos de seleção nas duas populações. O índice CSP apresentou correlação negativa com PF, MAT e FC, e ganho indireto simultâneo em C e R, sendo possível o aumento da qualidade de fibra. Já o índice SCI apresentou correlação negativa com MIC e MAT, e ganho indireto em C. Conclui-se que as duas populações apresentam boas condições para a obtenção de ganho de seleção, e que a seleção indireta utilizando os índices CSP e SCI pode proporcionar aumento da qualidade da fibra, sendo necessário verificar o impacto dos caracteres que apresentaram correlação negativa com os índices na redução da qualidade da fibra.

Agradecimentos: Universidade Federal de Goiás, Capes e Embrapa Algodão.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA AO *Heterodera glycines* EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA ORIUNDAS DE CRUZAMENTOS TIPO ALIMENTO X TIPO GRÃO

Lilian Cristina Andrade de Araújo Teixeira[1]; Viviane Formice Vianna[1*]; Ivana Marino Bárbaro Torneli[1]; Antonio Pizolato Neto[1]; Antonio Orlando Di Mauro[1]; Sandra Helena Unêda-Trevisoli[1]

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal, CEP 14884-900, SP, Brasil.

*vfvianna@gmail.com

Palavras-chave: Glycine max; herança da resistência; nematoide de cisto da soja.

O nematoide de cisto da soja (*Heterodera glycines* Ichinohe) raça 3 (NCS3) causa perdas significativas de produção na cultura da soja, apresentando fácil disseminação e difícil controle. Entre os métodos de controle, destaca-se o uso de cultivares resistentes, por sua maior eficiência e menor custo. No presente estudo, objetivou-se verificar a adequação da variabilidade para resistência ao NCS 3 a um modelo aditivo-dominante, assim como estimar parâmetros genéticos em duas populações de soja, oriundas de cruzamentos entre um cultivar do tipo grão, portador de resistência ao NCS 3 ('BRSMG 810C') com cultivares tipo alimento, porém, suscetíveis ao NCS 3 ('BRSMG 790A'e 'BRSMG 800A'). Os cruzamentos foram: cruzamento A ('BRSMG 810C'x'BRSMG 790A') e cruzamento B ('BRSMG 810C'x'BRSMG 800A'). O experimento foi conduzido no delineamento de blocos casualizados, com sete repetições, compostos por igual número de plantas de cada geração (P_1, P_2, F_1, F_2, RC_r e RC_s), onde a testemunha intercalar foi o cultivar MG/BR 46 ('Conquista'). Aos sete dias da emergência das plantas, inoculou-se uma suspensão de NCS 3. Após 30 dias foram avaliadas plantas individuais, utilizando como critério o Índice de Fêmeas (IF). Estimou-se componentes de média, variâncias e parâmetros genéticos. O grau médio de dominância indicou a existência de locos com dominância, dominância parcial e outros com apenas efeito aditivo. Com os resultados do teste de escala e de escala conjunta, observou-se que as médias dos genótipos se ajustam ao modelo aditivo-dominante, sendo suficiente para explicar o caráter, não evidenciando interação epistática entre os genes que condicionam a resistência ao NCS 3, nos cruzamentos obtidos. A média de IF da geração F_1 foi maior que a média obtida dos genitores, indicando a presença de heterose. Na geração F_2, houve segregação transgressiva para suscetibilidade, em ambos os cruzamentos. Na decomposição não ortogonal da soma dos quadrados de parâmetros, considerando o modelo completo, observou-se que o modelo aditivo-dominante explicou 99,16% da variação no cruzamento A e 97,79% da variação no cruzamento B, com efeito aditivo predominante em ambos os cruzamentos. Pelo teste T, verificou-se que somente o efeito genético de aditividade foi significativo para o modelo completo, evidenciando a possibilidade de sucesso na seleção em populações segregantes. Os efeitos aditivos foram significativos, demonstrando que os ganhos preditos com a resistência do NCS 3 poderão ser alcançados. As estimativas do efeito de dominância foram diferentes de zero e positivos, o que indica que o efeito de dominância é no sentido de aumentar a expressão do caráter, ou seja, aumentando a suscetibilidade ao NCS 3 nestes cruzamentos. Os cruzamentos apresentaram acentuada variabilidade genética em F_2, possibilitando ganhos no processo seletivo.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP – Proc. nº 12/15448-4).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS DE GENÓTIPOS DE CEVADA NUA (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum Hook.* f.) SOB IRRIGAÇÃO NO CERRADO DO BRASIL CENTRAL

Rodolfo D Thomé[1]; Renato F Amabile[2]; Ricardo M Sayd[3]; Nara O S Souza[1]; Sara K S Rocha[1]; Juaci V Malaquias[2], Priscilla A G Thomé[1], Felipe A A Brige[3], Pedro Ivo A L Sala[1].

[1]UnB – Universidade de Brasília. Campus Darcy Ribeiro, CEP: 70.910-900, Brasília – DF. [2]Embrapa Cerrados – Planaltina-DF/Brasil. [3]Professor na Faculdade ICESP Brasília-DF/Brasil. dolfoagroplanufv@gmail.com, renato.amabile@embrapa.br, ricardo.sayd@icesp.edu.br, narasouza@unb.br, sarak.unb@gmail.com, juaci.malaquias@embrapa.br; priscillaguedes15@hotmail.com; felipebrige@gmail.com; pedroivo.sala@gmail.com

Palavras-chave: *Hordeum vulgare* L. var. *nudum Hook.* f.; Cerrado; melhoramento vegetal

A cevada -*Hordeum vulgare* L.- é um cereal de inverno importante para consumo direto, fabricação de medicamentos, dietéticos, rações e forragem para animais. A cevada nua - *Hordeum vulgare* L. var. *nudum Hook.* f.- tem interesse crescente pelos benefícios existentes no consumo humano desse grão, acarretados pelo alto teor de betaglucanas e elevado teor de proteínas. Objetivou-se avaliar os parâmetros genéticos e morfoagronômicos de seis genótipos de cevada nua, nos anos de 2017 e 2018, plantados em sistema irrigado, no Cerrado do Brasil Central. O experimento foi conduzido em Delineamento de Blocos Casualizados, com quatro repetições. Foram pautadas as variáveis: rendimento de grãos, classificação comercial (1ª, 2ª e 3ª), PMS, altura, acamamento e ciclo. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott a 1%. Dois (IACBOM175/85 e 295442), dos seis genótipos, diferiram estatisticamente, com maior rendimento, no ano de 2017, ambos estão no grupo de menor altura e menor acamamento, destaque para precocidade do genótipo 295442. No ano de 2018 o genótipo 295442 apresentou o maior resultado isolado, e está no grupo do maior PMS, junto com o genótipo 295400, que teve desempenho elevado no quesito classificação comercial de primeira, em média 79,75%. Ambos (295442 e 295400) tiveram baixo acamamento. O genótipo 299555, foi o que mais acamou. As ANOVAS evidenciam a existência de efeitos significativos dos genótipos, com base na análise estatística F, excetuando-se altura em 2017 e acamamento em 2018. A acurácia seletiva em acamamento e altura variam conforme o ano, de "baixa" a "alta". Já nas outras variáveis analisadas é sempre acima de 0,9, ou seja, "muito alta". Os coeficientes de variação ambiental (CVe) apresentaram pequena magnitude, com exceção do obtido em acamamento, aproximadamente 50%. O coeficiente de variação genético (CVg) discriminou-se superiormente em relação ao CVe, assim como, a variância genética comparada com a ambiental. Observou-se que as estimativas da herdabilidade no sentido amplo, para todos os caracteres em 2017, registraram valores superiores a 90%, indicando uma correspondência preditiva entre o valor fenotípico e o valor genético, apesar de em 2018 ser "muito baixa" para altura. As variáveis analisadas tiveram influência dos anos, exceto acamamento pela ANOVA-Fatorial Simples. Com isso o genótipo 295442 congregou bons resultados, foi o mais produtivo e se mostrou o mais adaptado à região, podendo fazer parte dos blocos de cruzamento e até mesmo pode chegar a ser disponibilizado, via Método de Introdução, para os produtores, quando comprovado no programa de melhoramento vegetal. Baixos CVe indicaram boa precisão experimental e, altos valores de herdabilidade, CVg e acurácia seletiva, evidenciaram condição favorável à seleção dos materiais para as características agronômicas avaliadas.

Agradecimentos: Agradeço a Embrapa pelo Pesquisador Dr. Renato Amabile e Amilton S Pires, a UnB representado pela Prof. Dr. Nara Souza e a toda minha família, Júlia, Roberto e Débora, principalmente à minha esposa Priscilla pelo apoio no trabalho.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS E DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE GRÃOS

Derivaldo Pureza da Cruz[1*]; Crislane Barbosa das Neves[2]; Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira[3]; Diondevon Rocha de Oliveira[1]; Camila Queiroz da Silva Sanfim de Sant'Anna[1]; Geraldo de Amaral Gravina[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense. [2]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [3]Universidade Federal de Sergipe – Campus do Sertão.

*deri.engineer@gmail.com

Palavras-chave: *Vigna unguiculata* (L.); variabilidade genética; potencial produtivo

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.], exerce um papel fundamental na dieta dos brasileiros como uma das principais fontes de proteínas, notadamente das regiões Norte e Nordeste do país, podendo ser consumido na forma de grãos verdes ou secos. Nos últimos anos, seu cultivo tem se expandido para outras regiões do Brasil como as regiões Centro-Oeste e Sudeste, alcançando expressiva produção, sendo o estado do Mato Grosso o de maior produtividade. De acordo com o IBGE, o Brasil ocupa a terceira posição na produção mundial, com uma área cultivada em torno 3,1mil hectares, e produção média de 1.083 kg ha^{-1}. Neste contexto, o trabalho teve como objetivo avaliar os parâmetros genéticos e a produtividade de genótipos de feijão-caupi. Avaliou-se 14 genótipos de feijão-caupi, oriundas da Embrapa Meio-Norte. O experimento foi conduzido no Instituto Federal Fluminense/Campus Cambuci no ano de 2018, foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. As variáveis analisadas foram produtividade de grãos (PG) em (kg/ha), peso de vagem (PV) expresso em (g) , número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos por vagem (PGV) expresso em (g) e peso de cem grãos (P100G) expresso em (g). Na realização das análises estatísticas foi utilizado o software GENES, 2013. Observou-se efeito significativo entre os tratamentos ($P \leq 0,05$) pelo teste F, para todas as variáveis, sendo as médias de tratamentos testadas pelo teste Scott-Knott a 0,05 de probabilidade. Os coeficientes de variação experimental foram considerados ideais e as herdabilidades atingiram patamares de moderados a alto. A relação do coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental demonstra a existência de variabilidade genética a ser explorada entre os genótipos. Os genótipos 3, 5, 6 e 9 apresentaram desempenho superior para produtividade de grãos.

Agradecimentos: UENF, IFF, FAPERJ, CNPq, CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS EM PROGÊNIES PRECOCES E TARDIAS DE SOJA

Vinicius Samuel Martins[1]; Adriano Teodoro Bruzi[2]; Frederico Dellano Souza Silva[3]; Laurenia Oliveira Pessoni[4]; Elaine Cristina Batista[5]

[1]Universidade Federal de Lavras

*viniciusmartins93@outlook.com

Palavras-chave: Glycine max (L.) Merrill; Parâmetros Genéticos; Florescimento.

O caráter dias para florescimento (DPF) em soja é influenciado por fatores genéticos e ambientais tais como fotoperíodo e temperatura. Logo objetivou-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos associados ao caráter dias para florescimento em progênies $F_{2:3}$ de soja. O experimento foi conduzido na safra 2018/19, em dois ambientes nos municípios de Lavras e Ijaci. Foram utilizadas progênies segregantes de duas populações FMT2 X BRS780RR e FMT3 X BRS780RR, em ambos os cruzamentos o primeiro genitor é de ciclo precoce e o segundo de ciclo tardio. O delineamento utilizado no ambiente 1 (Lavras) foi látice simples 13x13, composto de 160 progênies e 9 testemunhas, já no ambiente 2 (Ijaci) foi utilizado látice simples 11x11 totalizando 112 progênies e 9 testemunhas. As unidades experimentais foram constituídas de 1 linha de 2,0 m, espaçadas em 0,5 m. A semeadura foi realizada primavera-verão nos meses de outubro e novembro de 2018, respectivamente ao ambiente 1 e 2. O manejo e condução dos experimentos foram executados de acordo com as indicações citadas na literatura. Avaliou-se o caráter dias para florescimento. Os dados foram analisados com auxílio do software R. Foram estimados os componentes da variância genotípica), ambiental (), da interação genótipos-ambientes (), herdabilidade (), acurácia seletiva (rgg') e o coeficiente de variação ambiental (CVe). Foram obtidas as médias BLUP's, para o caráter. Os resultados da análise conjunta evidenciam boa precisão experimental com CVe de 2,64% e uma rgg' de 83%. Os componentes de variância genética e da interação genótipo x ambiente foram significativos. A variância genética significativa demostra existência de variabilidade entre progênies. Por seu turno, o componente de variância devido a interação reflete que o comportamento das progênies não foi consistente nos dois locais. A herdabilidade de 75% foi de média à alta magnitude. A média BLUP foi de 52 dias para florescimento entre as progênies com uma amplitude de variação de 12 dias. Demostrando a possibilidade de selecionar genótipos superiores.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; FAPEMIG; UFLA; GEN.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PRETO PARA O NORTE DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO

Maxwel Rodrigues Nascimento[1]; Rogério Figueiredo Daher[1]; Larissa Jaina da Silva de Oliveira[1]; Paulo Ricardo dos Santos[2]; Alexandre Gomes de Souza[2]; José Tiago Barroso Chagas[1]; Benedito Fernandes de Souza Filho[3]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. [2]Universidade Federal do Cariri. [3]IPESAGRO-RIO.

*maxwel.rn88@gmail.com

Palavras-chave: Phaseolus vulgaris L.; produtividade; interação genótipo x ambiente.

O feijoeiro-comum representa 50% do volume de grãos consumidos no mundo sendo considerado a principal fonte de proteína usada na alimentação humana em vários países da América Latina, África e Ásia. O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundial de feijão e seu cultivo é realizado em quase todos os Estados em diferentes sistemas de cultivo e épocas de semeadura. Apesar do feijão carioca representar 70% do mercado consumidor, o feijão preto é o mais consumido nos estados da região Sul do país, Rio de Janeiro, zona da mata de Minas Gerais e sul do Espírito Santo. A baixa produtividade de genótipos de feijão preto são consequências da instabilidade e baixa adaptabilidade produtiva a determinados ambientes de cultivo. O objetivo desse trabalho foi avaliar a interação genótipo x ambiente de novas linhagens de feijão preto visando a obtenção de genótipos com alto rendimento de grãos, boa adaptabilidade e estabilidade de produção para região norte do estado do Rio de Janeiro. No ano agrícola de 2018 foram avaliados 11 genótipos de feijão preto nos municípios de Macaé e Campos dos Goytacazes. O delineamento foi em blocos casualizados com três repetições e os dados de rendimento de grãos foram submetidos à análise de variância, onde as medias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott. A herdabilidade apresentou valor moderado, enquanto que os coeficientes de variação para os dois ambientes avaliados apresentaram valores ótimos para a característica de produtividade. A razão CVg / CVe apresentou valores moderado o que implica a dizer que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A produtividade média de grãos em Macaé (2.946 kg/ha) foi o dobro da obtida em Campos dos Goytacazes (1.409 kg/ha). Os genótipos BRS Esteio, BRS FP 403, CNFP 16383 e CNFP 16459 apresentaram produtividade superior a 3.000 kg/ha que corresponde o triplo da média nacional. Esses genótipos também foram os mais produtivos em Campos dos Goytacazes que apresentaram produtividade média de 1.529 kg/ha. A menor produtividade obtida em Macaé pela CNFP 16404 foi superior em 1.000 kg/ha a CNFP 16383 que foi o genótipo mais produtivo de Campos dos Goytacazes. Em função da interação genótipos x ambiente é necessário a utilização de modelos que preconizem a seleção com base na adaptabilidade e estabilidade da produtividade nos ambientes.

Agradecimentos: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, PESAGRO-RIO e Embrapa Arroz e Feijão

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS EM SELEÇÃO RECORRENTE PARA TEORES DE FERRO E ZINCO EM FEIJÃO PRETO

Lara Rodrigues de Queiroz[1*]; Ludivina Lima Rodrigues[1]; Tulio Cardoso Brito[1]; Leonardo Cunha Melo[2]; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza[2]; Helton Pereira Santos[2,3]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. [3]Orientador.

*lararodriguesq@outlook.com

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

As principais deficiências de micronutrientes em humanos são de ferro e zinco, atingindo aproximadamente três bilhões de pessoas. O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) da classe comercial preto está presente na dieta alimentar brasileira, e já apresenta teores relativamente altos de ferro e zinco, por isso, pode-se realizar a biofortificação. O controle genético desses caracteres é quantitativo, por isso, a seleção recorrente deve ser a maneira mais eficiente de aumentar os teores desses minerais. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos utilizando 27 progênies de feijão preto advindas de um programa de seleção recorrente para altos teores de ferro (TFe) e zinco (TZn). A população foi formada pelo cruzamento entre dez genitores que apresentam altos teores desses minerais (Brasil 001, BRS Esplendor, BRS Grafite, BRS Supremo, G6492, G6495, IAPAR 65, Milionário, Piratã 1 e Xamego). Foram obtidas 500 progênies, que foram avaliadas nas gerações $C_0S_{0:1}$ e $C_0S_{0:2}$ para TFe e TZn e aspecto comercial do grão, sem repetições, sendo selecionadas as 27 progênies superiores. Essas progênies foram avaliadas na geração $C_0S_{0:3}$, juntamente com três testemunhas (BRS Esteio, BRS Supremo e Xamego), em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e com parcelas de três linhas de três metros, na safra de inverno no ano de 2017, em Santo Antônio de Goiás-GO e Brasília-DF. Foram coletadas amostras de sementes de cada parcela e as análises de TFe e TZn foram realizadas em simplicata, por digestão ácida da matéria orgânica, conforme técnica de espectrofotometria de absorção atômica por chama. Foram realizadas análises de variância e estimados parâmetros genéticos. As estimativas dos coeficientes de variação variaram de 5% a 11%, indicando boa precisão experimental. As estimativas de acurácia seletiva foram consideradas de moderadas a altas (61% a 75%), confirmando a boa precisão experimental. Com base na análise conjunta, houve diferenças significativas entre as progênies para TFe e TZn, indicando que há variabilidade. As estimativas de herdabilidade foram de 59% para TFe e 67% para TZn, indicando boa possibilidade de sucesso com a seleção, considerando-se a natureza quantitativa desses caracteres. Os ganhos esperados com a seleção das oito melhores progênies (30% de intensidade de seleção) foram de 3,5% para TFe e 3,0% para TZn, mostrando que ainda é possível selecionar as melhores progênies, entre as 27. As médias das 27 progênies foram 68,4 $mg.kg^{-1}$ para TFe e 44,3 $mg.kg^{-1}$ para TZn, sendo inferiores a testemunha Xamego, que apresentou os maiores teores desses minerais (70,3 e 44,7 $mg.kg^{-1}$, para TFe e TZn, respectivamente). Entretanto, as médias das progênies selecionadas (71,6 e 45,8 $mg.kg^{-1}$ para TFe e TZn, respectivamente) superaram a cultivar Xamego. Essas oito progênies serão utilizadas para recombinação e formação do ciclo 1 de seleção recorrente e também para a obtenção de linhagens.

Agradecimentos: CNPq, Embrapa.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS PARA *DRY DOWN*, COMPONENTES DE RENDIMENTO E O ESCORE DE IDENTAÇÃO EM GRÃOS DE MILHO

Élcio Friske[1*]; Beatriz Tomé Gouveia[1]; Deoclecio Domingos Garbuglio[2]; João Candido de Souza[1]

[1]Universidade Federal de Lavras. [2]Instituto Agronômico do Paraná.

*elciofriske@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; segunda safra; maturação de grãos.

O cultivo de milho de segunda safra na Brasil representa 75% da produção anual. As condições climáticas consistem no maior risco de cultivo e por isso, tem-se intensificado a preocupação com a maturação dos grãos. Além da produtividade, híbridos com rápido *dry down* (que é a velocidade da perda de umidade/água após R6, também chamado de taxa de secagem a campo) estão ganhando espaço no mercado de sementes. O caráter é bastante influenciado pelo ambiente, porém, o movimento da água pode estar associado à proporção de endosperma vítreo/farináceo dos grãos. O objetivo desse trabalho foi avaliar os parâmetros genéticos e a correlação do dry down em genótipos de milho para rendimento e escore de identação. Foram avaliados 17 genótipos, sendo 13 linhagens elites e quatro híbridos, de textura distinta para grãos. Dois experimentos com intervalo temporal foram semeados no município de Santa Tereza do Oeste (PR) em outubro de 2018, em delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições. As características selecionadas foram à área abaixo da curva da perda de água (AACPA), peso de mil grãos (PMG), peso hectolitro (PHL) e o escorre de identação (ESC). Houve diferença significativa entre os genótipos para todas as variáveis. Para a AACPA também houve diferenças para ambientes e interação GxA, mostrando a complexidade do caráter. Os coeficientes de variação residual (CVe) observados foram de 4,50, 4,70, 6,49 e 8,14%, respectivamente para PHL, PMG, AACPA e ESC, considerados baixos. As herdabilidade (h^2) foram maiores que 0,9 e a razão CVg/CVe maior que 1,0 para todas as características, exceto para PHL, caracterizando boa precisão experimental e evidenciando existência de genes envolvidos na expressão fenotípica desses caracteres. As correlações genotípicas da AACPA com PMG, PHL e ESC foram de 0,13, -0,35 e de 0,39, respectivamente. Essas correlações dos componentes de rendimento (PMG e PHL) com AACPA são consideradas de baixas magnitude. Contudo, é possível a seleção simultânea para rápido *dry down* e alta produtividade de grãos, indiferente da textura dos grãos.

Agradecimentos: CAPES; IAPAR.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

POTENCIAL AGRONÔMICO DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO

Julio Cesar Conte[1]; Marcos Gabriel Abramoski[1]; Iara Silveira Gonçalvez[1]; Elmar Vornes Junior[1]; Sidrônio Lima da Silva Neto[1]; Diego de Paula[1]; João Pedro Rodrigues de Almeida[1]; Marcos Ventura Faria[2]

[1]Graduando(a), Agronomia, UNICENTRO, Guarapuava-PR; [2]Professor Titular, UNICENTRO, Guarapuava-PR.

*juliocesar200798@hotmail.com

Palavras-chave: Zea mays, características agronômicas, híbridos dialélicos; melhoramento do milho, produtividade de grãos

O milho (*Zea mays*) é uma das culturas de maior importância mundialmente, tendo finalidade para consumo humano e animal. O melhoramento busca o desenvolvimento de novos híbridos mais produtivos e adaptados. Os cruzamentos dialélicos auxiliam na identificação e seleção dos híbridos e linhagens mais promissores. O objetivo com este trabalho foi avaliar as características agronômicas de híbridos experimentais de milho provenientes de um dialelo completo do programa de melhoramento da UNICENTRO. O experimento foi conduzido no *campus* CEDETEG da UNICENTRO em Guarapuava – PR na safra 2018/19. Foram avaliados 21 híbridos experimentais, juntamente com 3 testemunhas comerciais (AG9025, P30F53 e DKB 290), totalizando 24 tratamentos dispostos em delineamento de blocos ao acaso com 3 repetições, onde cada parcela era composta por 1 linha de 5 metros. Foram utilizadas 7 linhagens endogâmicas para a realização dos cruzamentos em esquema de dialelo parcial 7x6 e seus recíprocos, com ausência de um cruzamento, na safra 2014/15. As características avaliadas foram produtividade de grãos (PG), peso de mil grãos (PMIL), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e ciclo. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. Observou-se efeito significativo ($p<0,01$) para todas as características avaliadas. Para PG foram obtidos três grupos de médias, com 26 tratamentos, incluindo as testemunhas, classificados no grupo de médias superiores, com produtividades entre 10.848 kg ha^{-1} a 16.183 kg ha^{-1}. Para PMIL foram formados cinco grupos, sendo que a testemunha AG9025 foi o único genótipo que ficou agrupado com média superior. Para AP e AE as médias formaram quatro grupos, e 4 tratamentos foram classificados no grupo de menores médias pela variável AE. Para ciclo obtiveram-se dois grupos de médias, sendo que 23 genótipos, incluindo as testemunhas, permaneceram no grupo com ciclo mais precoce que os demais. Os híbridos experimentais LV3xLV4, LV4xLV2, LV4xLV5 se destacaram para todas as características avaliadas, com médias de PMIL e PG superiores (12.896 kg ha^{-1}, 13.512 kg ha^{-1}e 12.449 kg ha^{-1}, respectivamente), além disso foram classificados no grupo de médias intermediárias para AP, AE e ciclo. Entre os híbridos experimentais foi possível identificar os mais promissores quanto à produção de grãos.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

POTENCIAL PRODUTIVO DE HÍBRIDOS SIMPLES EXPERIMENTAIS DE MILHO EM GUARAPUAVA-PR

Marcos Guilherme Ruthes[1]; Elida Auxiliadora Peralta Paiva[2]; Vitor Seiti Sagae[3]; Willian dos Santos Junior[4*] Guilherme Lopes Alves[5;] Nathany Ribeiro Chiquito[6]; Diego de Paula[7]; Marcos Ventura Faria[8].

Universidade Estadual do Centro-Oeste.

mgruthes@hotmail.com

Palavra chave: *Zea mays;* melhoramento do milho; produtividade de grãos;

O melhoramento do milho possibilita o desenvolvimento de novos híbridos capazes de responder às condições das diferentes regiões de cultivo. No entanto surge a necessidade de avaliar a resposta dos híbridos em fase experimental, possibilitando, dessa forma, posicioná-los de acordo com a região de interesse. Esse trabalho teve como objetivo avaliar híbridos simples experimentais de milho na região centro-sul do Paraná. Foram avaliados 57 híbridos simples experimentais de milho, juntamente com cinco híbridos comerciais testemunhas (MG580, AGRI340, P1630, DKB290 e HZ037) totalizando 62 genótipos. O experimento foi conduzido no *campus* Cedeteg da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), em Guarapuava-PR na safra agrícola de 2018/2019. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições. As parcelas foram constituídas por duas linhas de 5m, com espaçamento entre linhas de 0,45 m, com uma densidade equivalente a 80.000 plantas $ha^{-1.}$ A semeadura foi realizada tardia, em 01/12/2018. Foram avaliadas características do ciclo (CI, em dias), altura de planta (AP, em cm), altura de espigas (AE, em cm) e produtividade de grãos (PG, em kg $há^{-1}$). Os dados obtidos foram submetidos à analise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. Houve diferenças significativas entre os genótipos ($p<1\%$) para AP, AE, e PG. Para AP e AE 29 híbridos experimentais foram classificados no grupo com menores médias, juntamente com 2 testemunhas (AGRI340 e P1630) o que é desejável para redução do porte da planta e da espiga, visando diminuir a possibilidade de acamamento e permitir maior adensamento. Com relação à produtividade de grãos, cinco híbridos experimentais (HE4, HE19, HE21, HE25 e HE52) foram agrupados com as maiores médias juntamente com três testemunhas (MG580, DKB290 e HZ037). Ainda o hibrido HE52 sobressaiu em relação aos demais por apresentar média alta de PG (10.359 kg ha^{-1}) e menores médias de AP e AE (230cm e 117).

Agradecimentos: CAPES, CNPq, Fundação Araucária e Grupo de Melhoramento de Plantas da Unicentro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PRECOCIDADE E PRODUTIVIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO GRANÍFERO PARA SAFRINHA

Luciane Gonçalves Torres[1]; Crislene Vieira dos Santos[2]; Jean dos Santos Silva[1]; Marcos Paulo Mingote Julio[3]; Carmela Vaz Campolina[3]; Elizete dos Reis Lima Carvalho[3]; Cícero Beserra de Menezes[4].

[1]Universidade Federal de Lavras. [2]Universidade Federal de Viçosa.[3]Universidade Federal de São João Del Rei.[4]Embrapa Milho e Sorgo. *lucianetorres21@hotmail.com

Palavras-chave:*Sorghum bicolor* L.; Seca; desempenho produtivo; florescimento, tolerância.

O sorgo é um dos cinco cereais mais cultivados no mundo, utilizado por exemplo, para produção de ração animal, e ganhando espaço para a alimentação humana. Este é recomendado para cultivos em safrinha, e, principalmente em sucessão à cultura da soja, como acontece em Goiás, estado com maior produção de sorgo granífero. O período de plantio em safrinha para sorgo granífero, pode se estender entre meses de fevereiro a março, com colheita realizada entre junho ou julho, dependendo do ciclo dos cultivares. A safrinha é caracterizada por baixos índices pluviométricos, limitando assim o cultivo de algumas espécies de interesse econômico, que possuem menor adaptação à estas condições. Híbridos tardios, em condições normais de cultivo apresentam maior produtividade em relação aos precoces. Porém, materiais que permanecem maior período no campo estão mais propensos às influências indesejáveis de fatores bióticos e abióticos, e, principalmente, escapar da seca. Isto tende a ocorrer principalmente em um período crítico de demanda hídrica, que é o enchimento de grãos, no início da estação de inverno no sudeste do Brasil. O sorgo granífero é capaz de se desenvolver e atingir boas produtividades, mesmo em condições de déficit hídrico, uma vez que apresenta características morfológicas e fisiológicas, que lhe conferem certa tolerância aos períodos de estiagem. Logo, para períodos de safrinha, híbridos precoces são mais indicados, por possuírem menor ciclo, o que caracteriza o escape das condições adversas. O objetivo deste estudo foi avaliar a relação entre precocidade e produtividade, afim de selecionar o material que apresentasse a melhor relação entre os parâmetros analisados. Utilizando o delineamento em blocos casualizados, foram avaliados trinta híbridos de sorgo granífero, sendo vinte e oito híbridos experimentais e dois híbridos comerciais. Estes foram conduzidos em Sete Lagoas, MG, nos ensaios de VCU correspondentes à safra de 2017/2018. Os parâmetros avaliados foram; número de dias para o florescimento e produtividade de grãos ($Kg.ha^{-1}$). Os resultados da análise de variância foram submetidos ao teste de médias Scott Knot a 5%. Não houve diferença significativa para produtividade entre os materiais experimentais e os comerciais. Já para precocidade, destacaram-se 12 materiais, sendo 11 deles experimentais e 1 comercial (IG 100). Contudo a média de produtividade do conjunto de dados foi de 4335 $Kg.ha^{-1}$, superior à média nacional de 2900 $Kg.ha^{-1}$. Para a relação entre produtividade e precocidade, é possível selecionar os 12 materiais que apresentaram menor número de dias para o florescimento, sendo os mais indicados para cultivo na safrinha. Contudo é viável avaliar os demais ambientes para recomendar os cultivares mais adaptados para cada região.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa, instituições de ensino etc (opcional).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PREDIÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS E ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)

Antônia Maria de Cássia Batista Sousa[1], João Gabriel Silva Morais[1], Ediel Antunes Barbosa Rodrigues[1], Leonardo Castelo Branco Carvalho[1], Verônica da Silva Brito, Ângela Celis de Almeida Lopes[1], Regina Lucia Ferreira Gomes[1]

[1]Universidade Federal do Piauí.

*antonia.sousaufpi@gmail.com

Palavras-chave: rendimento de grãos; interação genótipo x ambiente; *perceptron* múltiplas camadas

A identificação de variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) mais produtivas e adequadas ao cultivo e mercado, agrega valor à cultura contribuindo para seu desenvolvimento. Contudo, poucos trabalhos têm sido realizados para determinação da produtividade de grãos do feijão-fava no Brasil. Além disso, são frequentes os problemas na mensuração dos dados da cultura em campo devido a fatores bióticos e abióticos, que prejudicam ou inviabilizam a etapa de recomendação de cultivares. Uma alternativa para contornar esse problema é o uso de modelagem matemática para predição de dados, com base em caracteres agronômicos avaliados. No presente estudo, objetivou-se comparar os métodos de Regressão Linear Múltipla (RLM) e Redes Neurais Artificiais (RNAs) para predição de produtividade de grãos de variedades crioulas de feijão-fava e avaliar a adaptabilidade e estabilidade para seleção da variedade com melhor desempenho. Foram conduzidos dois ensaios de avaliação com dez variedades crioulas de feijão-fava, nos municípios de Teresina - PI e São Domingos do Maranhão – MA, nas quais foram mensurados 11 caracteres agronômicos em ambos os municípios, com exceção da produtividade de grãos no município de São Domingos do Maranhão – MA. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC) com quatro repetições, sendo a parcela constituída de quatro linhas de 3,5 m, espaçadas 0,80 m x 0,70 m. O método para predição da produtividade de grãos mais adequado foi a RNA do tipo perceptrons de múltiplas camadas, em comparação à Regressão Linear Múltipla, com base nos parâmetros: coeficientes de correlação de Pearson e Spearman, raiz do erro quadrático médio (RMSE), erro médio absoluto (MAE) e coeficiente de determinação (R^2). Para interação G x A, realizou-se análise conjunta para os caracteres avaliados em Teresina - PI e São Domingos do Maranhão, que apresentaram correlação significativa com a produtividade de grãos. Os dados de produtividade reais e preditos foram submetidos à análise de adaptabilidade e estabilidade pelo método GGE *biplot*. As variedades crioulas Mulatinha e Fava branca do MA se destacaram em ambos os locais de avaliação e podem ser recomendadas se esse desempenho for confirmado em avaliações posteriores. A Rede Neural Artificial do tipo *perceptrons* de múltiplas camadas é um método adequado para predição de produtividade de grãos de feijão-fava. O método GGE *biplot* é eficiente para indicar as variedades crioulas de feijão-fava com melhor adaptabilidade e estabilidade.

Agradecimentos: CAPES e Universidade Federal do Piauí.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PREDICTION OF GENETIC GAIN IN COMMON BEAN LINES

Alessandro Aparecido Brito dos Santos[1]; Maria Celeste Gonçalves-Vidigal[1]; Pedro Soares Vidigal Filho[1]; Jaqueline Bueno da Silva[1]; Valdete Campos Ambrozio[1]; Giseli Valentini[1]; Vanusa Silva Ramos Martins[1]; Deivid Lincoln Reche[1]; Larissa Fernanda Sega Xavier[1]

[1]Núcleo de Pesquisa Aplicada a Agricultura (Nupagri) - Departamento de Agronomia - Universidade Estadual de Maringá (UEM) - Maringá - PR - Brazil.

*Corresponding Author jaquebue@gmail.com

Keywords: *Phaseolus vulgaris;* selection index; inbred lines.

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is the *Phaseolus* species most consumed worldwide and it is an important primary source of protein in several countries, particularly in those falling below the poverty line. To develop new cultivars, beside high grain yield, it is important to associate versitable traits to diverse producing regions, in order to fulfill the market requirements. Thus, we evaluated common bean lines derived from cross LP97-28 × IPR-Uirapuru to obtain better inbred lines based on different agronomic traits. A total of 190 $F_{2:6}$ lines from cross between LP97-28 × IPR-Uirapuru were obtained through SSD (Single Seed Descendent) method at Nupagri/UEM (Paraná, Brazil). After that, these lines and six commercial cultivars (standard controls) were analyzed under field conditions. A lattice 14x14 experimental design with four repetition was applied. The following characteristics were evaluated: days to flowering (DF), days to maturation (DM), plant vigor (PV), mass of 100 seeds (M100S), yield (Y), number of pods per plant (NPP), number of seeds per pod (NSP); height of the first pod insertion (HFPI), and plant height (PH). To identify the better inbred lines for the mentioned traits were calculated selection indices (basic (IB), classic (IC) and rank summation (IRS)) with Genes software. Our data revealed that DM, NPP and PH traits exhibited the highest heritability, whereas PV and NSP showed the lowest. The results suggested a genetic gain with selection of lines from the cross LP97-28 × IPR-Uirapuru. In addition, all selection indices (IB=88.83%, IC= 74.15% and SRMM= 71.42%) demonstrated an overall genetic gain for all traits of interest. This fact implies that selection according to these indices ensues lines with higher grain yield per area, number of pods per plants, and optimal plant height for automated harvest. Base on these indices (IB, IC and IRMM), we concluded that lines 61, 193, 194 and 195 exhibited optimal and desirable behavior, expressing the best agronomic traits under field conditions. Therefore, these lines are promising because they associated stability and good performance for the majority of the evaluated traits.

Acknowledgements: This research was financially supported by CNPq and Capes (Brazil).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PRODUTIVIDADE DE FEIJÃO PRETO PRECOCE EM DIFERENTES AMBIENTES NO ANO AGRÍCOLA DE 2016

Larissa Jaina da Silva de Oliveira1*, Benedito Fernandes de Souza Filho2, Rogério Figueiredo Daher[1], Silvino Amorim Neto[2], Ana Kesia Faria Vidal[1], Maxwel Rodrigues do Nascimento[1], Wanessa Francesconi Stida[1], Alexandre Gomes de Souza[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Av. Alberto Lamego, 2000 - Parque Califórnia - 28013-602 - Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil. [2]PESAGRO-RIO/CEPAAR/Estação experimental de Campos, Avenida Francisco Lamego, 134, Guarus-28080-000-Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil.

*larissajaina@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., Ensaio, Rendimento.

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância alimentícia, sua produção abrange grande escala no Brasil e no Mundo. O objetivo deste trabalho, foi avaliar, a produtividade de genótipos de feijoeiro preto de ciclo precoce em diferentes ambientes, no ano agrícola de 2016. Foram conduzidos três ensaios, instalados em Campos dos Goytacazes (Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos da Pesagro-Rio), Macaé (Córrego de Ouro e Assentamento Celso Daniel). O delineamento foi o de blocos casualizados (DBC) com três repetições. Os tratamentos foram constituídos de 11 genótipos de feijão preto precoce: BRS CAMPEIRO, BRS ESTEIO, IPR UIRAPURU, CNFP 15658, CNFP 16324, CNFP 16332, CNFP 16335, CNFP 16337, CNFP 16369, CNFP 16387, CNFP 16422. E três ambientes: I (Pesagro-Rio), II (Córrego de Ouro) e III (Assentamento Celso Daniel). As parcelas foram constituídas de quatro linhas de 4,0 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m, com densidade de 15 sementes por metro. A área útil da parcela foi de 4,0 m^2. Durante o experimento, foram feitas vistorias na cultura, com realização de tratos culturais e fitossanitários estabelecidos e indicados segundo a literatura. A característica analisada foi: produtividade (kg/ha). Os dados foram submetidos à análise de variância, utilizando-se o teste de F, e para comparação de médias utilizou-se o teste Tukey, a 5 % de probabilidade, com o auxílio do software GENES. Na análise de variância dos dados do experimento, foi observado a Interação Genótipo x Ambiente como significativa, à 1% de probabilidade. Os ambientes foram estatisticamente diferentes entre si, o ambiente II obteve maior desempenho. A produtividade dos genótipos foi estatisticamente diferente para os ambientes I e II, no ambiente I, os genótipos que sobressaíram dos demais foram BRS ESTEIO, CNFP 16337, CNFP 16422 e BRS CAMPEIRO e para o ambiente II foi, CNFP 16422, CNFP 16369, BRS ESTEIO, BRS CAMPEIRO, CNFP 16332, CNFP 16387, CNFP 16324 e CNFP 16337, enquanto que no ambiente III, os genótipos não diferiram estatisticamente entre si. Essa produtividade baixa pode estar relacionada ao uso de cultivares pouco produtivas, semeadura fora do zoneamento agrícola, ocorrência de pragas e doenças, entre outras condições adversas do ambiente. Quanto aos fatores abióticos, o déficit hídrico tem se tornado umas das causas limitantes da produtividade, e este fator prejudica as relações hídricas das plantas, modificando o metabolismo. O ambiente II obteve maiores respostas de genótipos.

Agradecimentos: PESAGRO-RIO/CEPAARR, UENF, CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Produtividade e resistência à ferrugem de híbridos duplos de milho

Diogo Jânio de Carvalho Matos[1]*; Laís Lopes de Castro[1]; Juliana Bezerra Martins[1]; Túlio Cardoso Brito[1]; Marcela de Souza Lopes1; Márcio Lisboa Guedes[1].

[1] Universidade Federal de Goiás, Goiânia – GO

*diogojcmatos@gmail.com

Palavras-chave: *Puccinia polysora*, doença foliar, *Zea mays* L.

A ferrugem polissora, causada por *Puccinis polysora* Underw., é uma das principais doenças que assolam a cultura do milho, causando prejuízos para cultura em várias regiões produtoras no Brasil. A forma mais eficiente de controlar esta doença é pela adoção de cultivares resistentes. Entretanto, a resistência à ferrugem não deve ser avaliada exclusivamente; um híbrido só é indicado quando, além da resistência, ele apresentar alta produtividade de grãos. O objetivo com este trabalho foi avaliar a resposta de híbridos duplos de milho quanto à resistência à ferrugem polissora e à produtividade de grãos. O experimento foi conduzido na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás (UFG), em Goiânia-GO, durante a primeira safra de 2018/19. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições, sendo parcelas de uma linha com 4 m e 20 plantas. Adotou-se plantio convencional, sendo o manejo adotado de acordo com a necessidade da cultura e o recomendado para a região. Foram avaliados 15 híbridos duplos obtidos a partir do cruzamento entre seis híbridos simples em esquema de dialelo completo. Os híbridos duplos foram avaliados quanto à incidência à ferrugem polissora utilizando escala diagramática com notas variando de 1 a 9, sendo a nota 1 dada para parcelas com plantas totalmente resistentes, e a nota 9 dada para parcelas com plantas totalmente suscetíveis, com 90 a 100% da área foliar afetada. Também foram avaliados o peso de espigas ($kg.ha^{-1}$) e a produtividade de grãos ($kg.ha^{-1}$). As médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. A redução no peso de espigas em função da severidade da ferrugem polissora variou de 1,13 $kg.ha^{-1}$ nas cultivares com aproximadamente 3,7% de área foliar afetada, para 262,5 $kg.ha^{-1}$ nas que tiveram 7,7% de área foliar afetada. A produção de grãos variou de 700 $kg.ha^{-1}$ nos híbridos mais suscetíveis, a 4.100 $kg.ha^{-1}$ nos híbridos mais resistentes à doença. Foi possível identificar dois híbridos duplos com alta produtividade e alta resistência à ferrugem polissora.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PROGRESSO DA SEVERIDADE DE DOENÇAS FOLIARES EM HÍBRIDOS *TOPCROSES DE MILHO*

Marcos Gabriel Abramoski[1]; Vitor Seiti Sagae[2]; Cristhofer Lechackoski[3]; João Pedro Rodrigues de Almeida[4]; Sidrônio Lima da Silva Neto[5]; Marcos Guilherme Ruthes[6]; Willian dos Santos Junior[7]; Marcos Ventura Faria[8]

[1]UNICENTRO. [2]UNICENTRO. [3]UNICENTRO. [4]UNICENTRO. [5]UNICENTRO. [6]UNICENTRO. [7]UNICENTRO. [8]UNICENTRO.

*marcos_abramoski99@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; AACPD; tolerância.

O melhoramento genético do milho vem contribuindo para que índices cada vez mais elevados de produtividade sejam alcançados. Os híbridos modernos devem apresentar bons níveis de resistência às principais doenças foliares, as quais podem causar perdas significativas. Nesse sentido, o uso de cultivares resistentes é uma das medidas mais eficientes para o controle de doenças. O trabalho teve por objetivo avaliar o mérito relativo de linhagens S_3 de milho em cruzamentos topcrosses quanto à evolução da severidade de doenças foliares. Foram avaliados 30 genótipos, sendo 28 híbridos *topcrosses* obtidos por cruzamentos de 28 progênies S_3 com uma linhagem elite testadora (LEM 2) e 2 híbridos testemunhas (AG9025 e P30F53). O experimento foi realizado em Guarapuava-PR, no campo experimental do *campus* Cedeteg da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO). A semeadura foi realizada na terceira semana de setembro de 2018. O delineamento experimental foi em blocos cazualizados, com 3 repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de 5 m de comprimento, e espaçamento de 0,5m entrelinhas, com população equivalente a 72.000 plantas ha^{-1}. Foi avaliada a evolução da severidade dos sintomas ocorridos naturalmente das doenças foliares: ferrugem comum (*Puccinia sorghi*), cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis*), mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*), mancha de turcicum (*Exserohilium tursicum*), e mancha branca (*Phaeosphaeria maydis* / *Pantoea ananatis*). Foram realizadas 5 avaliações, por 3 avaliadores, com intervalos de 7 dias, a partir da emissão de pólen, empregando a escala diagramática proposta pela Agroceres (1996). As médias da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foram submetidas à analise de variância, e agrupadas pelo teste Scott-Knott a 5%. Houve diferença significativa entre os genótipos para a AACPD de todas as doenças avaliadas, o que evidencia a existência de variabilidade para níveis de resistência. Para a AACPF (ferrugem comum) 19 topcrosses foram agrupados juntamente com os híbridos testemunhas AG9025 e P30F53. Para a AACPMD (mancha de diplodia) 10 topcrosses e a testemunha P30F53 formaram o grupo de menores médias. Para o ACCPC (cercosporiose) 16 topcrosses se destacaram com médias inferiores às testemunhas. Para AACPMT (mancha de turcicum) 8 topcrosses apresentaram diferença estatística com as testemunhas, com menores médias indicando maior tolerância. Para ACCPMB (mancha branca) 11 topcrosses mostraram maior tolerância, diferindo estatisticamente das testemunhas. Considerando o progresso da severidade das doenças avaliadas de forma simultânea, se destacam as progênies 138.1, 152.1 e 193.1 com melhores resultados de sanidade. Porem as progênies 138.1 e 152.1 apresentaram susceptibilidade a cercosporiose e a 193.1 apresentou susceptibilidade à diplodia, no entanto apresentaram menor severidade que as testemunhas. Estas progênies devem seguir no processo de endogamia no programa de melhoramento da UNICENTRO.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e Fundação Araucária

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PROGRESSO GENÉTICO APÓS 18 CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE PARA RESISTÊNCIA À MANCHA ANGULAR NO FEIJOEIRO

Letícia Prada de Miranda[1], Ângela de Fátima Barbosa Abreu[1], Magno Antonio Patto Ramalho[1], Elaine Aparecida de Souza[1], Vinícius Quintão Carneiro[1]

[1]Universidade Federal de Lavras.

*leticiapradam@gmail.com

Palavras-chave: *Pseudocercospora griseola*, *Phaseolus vulgaris* L; produtividade de grãos.

A mancha angular (MA), causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola* é uma das principais doenças que ocorrem na cultura do feijoeiro. As estratégias de controle incluem práticas culturais, utilização de produtos químicos e a resistência genética. Apesar da utilização de fungicidas, o uso de sementes contaminadas e cultivares suscetíveis juntamente com a alta variabilidade do patógeno, são importantes fatores que tem aumentado a incidência desta doença. Por isso, a alternativa mais viável para controle é por meio de cultivares resistentes. Assim, em 1998 foi iniciado em Minas Gerais um programa de seleção recorrente (SR) visando a resistência à MA. Inicialmente foi realizado um dialelo parcial envolvendo sete linhagens com grãos tipo carioca e dez fontes de resistência à *P. griseola*, obtendo-se 29 populações segregantes que constituíram o ciclo 0 (C-0) do programa de SR. Na geração F_2 (S_0) do C-0 foram selecionadas, fenotipicamente, as plantas com menos sintomas da doença, que deram origem às progênies $S_{0:1}$. Dessas, as melhores foram recombinadas para a obtenção do primeiro ciclo de SR (C-I). O processo foi repetido de modo análogo até a obtenção do ciclo XVIII (C-XVIII), no ano de 2018. O objetivo desse trabalho foi estimar o progresso genético (PG) obtido para a resistência ao patógeno nesses 18 ciclos de SR, bem como a resposta em produtividade de grãos. Para isso foram utilizados os dados de avaliação da severidade de mancha angular (notas de 1 a 9) nas progênies $S_{0:1}$ de cada ciclo de SR. Em todos os ciclos foram utilizadas como testemunhas as cultivares Pérola (considerada resistente) e a Carioca MG (suscetível). Como a avaliação das progênies $S_{0:1}$ de cada ciclo foi realizada em anos distintos (2001 a 2019), o PG para resistência ao patógeno foi estimado pela média geral das progênies de cada ciclo em relação à testemunha Pérola e, para produtividade, em relação à média das testemunhas (Carioca MG e Pérola). O PG para resistência à MA foi de 1,35% e a resposta na produtividade de grãos pela seleção visando resistência ao patógeno foi de 0,88% por ciclo em condições de incidência natural de MA. Evidenciou-se, assim que, mesmo após 18 ciclos de SR para resistência à MA, a seleção foi eficiente.

Agradecimento: CNPq, Capes e Fapemig.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

REAÇÃO DE ISOLADOS DE *Pseudocercospora griseola* A DIFERENTES FUNGICIDAS: IMPLICAÇÕES NO MELHORAMENTO DO FEIJOEIRO

Fernanda Aparecida Castro Pereira1*; Nathália Bottrel Maia Pereira[1]; Paula Furtado de Pádua1; Elaine Aparecida de Souza[1]

[1]Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Laboratório de Resistência de Plantas a Doenças.

*fernandacpereira01@gmail.com

Palavras-chave: Mancha angular, *Phaseolus vulgaris*, Sensibilidade in vitro.

Uma das principais doenças da cultura do feijoeiro é a mancha angular, causada pelo fungo Pseudocercospora griseola. Uma das formas de controle é o uso de fungicidas, embora a resistência genética durável seja mais eficiente. O objetivo foi avaliar *in vitro* a sensibilidade da esporulação de conídios de isolados de *P. griseola* aos principais fungicidas comerciais utilizados no controle da mancha angular. Quinze culturas monoascospóricas de *P. griseola* foram obtidas, sendo sete de Lavras (LV) e oito de Lambari (LB). O experimento foi conduzido em DBC no esquema fatorial 6x15 sendo 1 testemunha mais 5 fungicidas de grupos químicos diferentes recomendados para o controle da mancha angular do feijoeiro (Piraclostrobina, Benzimidazol, Chlorothalonil, Piraclostrobina + Meticonazole e Mancozeb) e 15 isolados de *P. griseola*, com três repetições. Cada parcela constituiu de uma placa de Petri, totalizando 90 parcelas por repetição. Os fungicidas foram incorporados em meio de cultura fundente de folha de feijão-dextrose-ágar e vertidos para placas de Petri. Após a solidificação do meio foi adicionado uma alíquota de suspensão de esporos com doze dias de idade. As placas foram incubadas por seis dias a 24ºC. A taxa de esporulação foi obtida por meio da raspagem das placas e contabilização dos esporos na câmara de Neubauer®. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott, a 5%, e uma análise de componentes principais foi realizada a fim de verificar a resposta diferencial dos isolados quanto aos fungicidas. Os isolados, fungicidas e a interação isolados x fungicidas apresentaram diferenças quanto à taxa de esporulação ($P<0,05$). Somente cinco isolados (LV22, LV32, LB23, LB28 e LB30) foram resistentes e três (LV29, LV36 e LB31) tiveram a taxa de esporulação reduzida por todos os fungicidas. Além disso, o gráfico biplot da análise de componentes principais mostrou que a interação isolados x fungicidas é devido à resposta diferencial destas quanto aos fungicidas. Portanto há variabilidade entre os isolados de *P. griseola* quanto à sensibilidade aos fungicidas. Esse fato evidencia a importância do melhoramento genético visando à obtenção de linhagens de feijoeiro com resistência durável como forma eficaz de controle da mancha angular.

Agradecimentos: UFLA, CNPq e CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

REDUÇÃO DO CRESCIMENTO VEGETATIVO E ANTECIPAÇÃO DO FLORESCIMENTO EM CHIA (Salvia hispanica L.)

Diogo Dembocurski[1]; Elaine Cristina Disner[1]; Adilson Ricken Schuelter[1,2*]

[1]UDC Medianeira – Faculdade Educacional de Medianeira, Medianeira (PR). [2] UDC Centro - Centro Universitário Dinâmica das Cataratas, Foz do Iguaçu (PR).

*adilson_schuelter@yahoo.com.br.

Palavras-chave: regulador de crescimento; floração; sementes.

A chia é uma planta com crescente interesse pelo cultivo no Brasil, devido ao elevado conteúdo nutricional das suas sementes associado ao aumento da demanda pelo consumidor. Espécie anual, autógama com frequente alogamia, que apresenta hábito de crescimento determinado, podendo atingir de 1-2 metros de altura, onde se encontram inseridas folhas opostas e inflorescências nas terminações das brotações. Como essa espécie é de dias curtos, a semeadura realizada na primavera/início do verão pode levar ao crescimento vegetativo excessivo, resultando frequentemente no acamamento. Nesse contexto, é de fundamental importância a identificação de alternativa que permita antecipar o florescimento, e consequente redução do porte visando a produção de sementes. Atualmente, dispõe-se de agroquímicos como o Uniconazole (UCZ), que é pertencente ao grupo dos triazóis, utilizado na agricultura por promover redução do crescimento vegetativo e antecipação do florescimento. Como não se dispõe de estudo que avalie o efeito do UCZ em chia, esse trabalho tem como objetivo avaliar o efeito de doses desse agroquímico sobre o desenvolvimento vegetativo e reprodutivo. O experimento consistiu na semeadura de chia em bandeja contendo substrato comercial, transplantando-se as mudas com quatro folhas verdadeiras para vasos (9L) contendo mistura de solo:areia:esterco na proporção de 3:1:1 acrescida de 20 kg.ha^{-1} de Nitrogênio, 80 kg.ha^{-1} de P_2O_5 e 40 kg.ha^{-1} de K_2O. Quinze dias após o transplante foram aplicadas 150 mL de soluções contendo: T1. Água destilada; T2. 75 mg de UCZ; T3. 150 mg de UCZ; T4. 225 mg de UCZ; T5. 300 mg de UCZ. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com 7 repetições. A unidade experimental foi constituída por uma planta/vaso. Para realização do acompanhamento das plantas fez-se anotações semanais para altura, espessura de colmo, e para número de folhas, brotos e nós até início do florescimento. Além disso, com o pleno florescimento determinou-se o número e tamanho médio das inflorescências, bem como os teores de pigmentos cloroplastídicos. Pelos resultados obtidos, pode-se constatar que o aumento da dose de UCZ aplicada promoveu redução do crescimento em altura pelo encurtamento de entrenós, diminuição da espessura caulinar, e antecipação do florescimento em 20 dias quando comparado em relação ao T1, sem revelar modificações no número e tamanho médio das inflorescências. Já na determinação de pigmentos cloroplastídicos usando-se o extrator mais eficiente (DMSO), constatou-que que a aplicação de UCZ promoveu modificação nas concentrações de clorofila A e carotenoides, sendo que T2 (75 mg de UCZ) foi que promoveu maior incremento nesses pigmentos. Enfim, os resultados desse trabalho permitem concluir que Uniconazole pode ser uma alternativa eficiente para antecipação do florescimento e redução do porte em chia. Contudo, torna-se necessário a realização de experimentos para avaliação do efeito de menores doses de UCZ via solo e por meio da aplicação foliar.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

RESISTÊNCIA DE LINHAGENS EXPERIMENTAIS DE MILHO À *Spodoptera frugiperda*

Diego de Paula[1]; Francine Lautenchleger[2]; Willian dos Santos Junior[1]; Julio Cesar Conte[1]; Elmar Vornes Junior[1]; Liliane Scislowski[1]; Emanuel Gava[3]; Cristiane Nardi[4]; Marcos Ventura Faria[4]

[1]Graduando(a), Agronomia, Universidade Estadual do Centro-Oeste. [2]Doutoranda, Produção Vegetal, Universidade Estadual do Centro-Oeste. [3]Corteva Agriscience. [4]Professor(a) Associado, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro-Oeste.

*francinelautenchleger@hotmail.com

Palavras-chave: Lagarta-do-cartucho; antibiose; antixenose; *Zea mays*.

O milho (*Zea mays*) é um dos cereais mais consumidos no mundo, tanto para produção de proteína animal e na alimentação humana, quanto para a produção de biocombustível. A lagarta-do-cartucho (*Spodoptera frugiperda*) é considerada a praga mais importante do milho, ocorrendo desde o início da cultura até a formação de espigas, podendo causar perdas de até 60%. A fim de controlar o ataque e os prejuízos, tem-se utilizado híbridos transgênicos com a tecnologia Bt. No entanto, cultivares convencionais resistentes à praga podem ser utilizadas, juntamente com outras técnicas de manejo. Objetivou-se avaliar a biologia e a preferência alimentar de larvas de *S. frugiperda* em linhagens do programa de melhoramento de milho da Unicentro, com potencial para gerar híbridos convencionais de milho para grãos e forragem, com alto potencial produtivo e com níveis de resistência. Três linhagens foram cultivadas em casa de vegetação, para depois serem utilizadas nos bioensaios. Lagartas de *S. frugiperda* foram coletadas em lavouras de milho da região, e levadas ao laboratório para fins de criação. Para o bioensaio de antixenose foram liberadas 80 lagartas de primeiro instar por placa de Petri, contendo seções foliares das linhagens de milho coletadas em V4-V5. Para avaliação de parâmetros biológicos foi realizado bioensaio de antibiose, em que larvas de primeiro ínstar foram inseridas individualmente em copo plástico, contendo seções foliares de milho. Por meio de análises diárias, avaliou-se a viabilidade das fases imaturas, duração de cada ínstar e a duração de fase larval. Ambos bioensaios foram conduzidos em delineamento inteiramente ao acaso, com 20 repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de Dunnet, utilizando o híbrido convencional resistente HS15389 como testemunha. Na análise de antixenose, houve diferença significativa entre os genótipos. A linhagem 30-122 mostrou-se a mais suscetível, sendo preferida pela lagarta, e as linhagens 29-35 e 103-43.1 as menos suscetíveis, não apresentando diferença em relação ao híbrido testemunha resistente. Na análise de antibiose, as lagartas apresentaram duração de 01 a 29 dias, e viabilidade variando de 20% a 35%. A duração da fase de larva e o peso das pupas não variaram entre os insetos mantidos em cada genótipo. Conclui-se que a partir dos testes de antixenose e antibiose as linhagens 29-35 e 103-43.1 apresentam resistência à *S. frugiperda*, quando comparadas com o híbrido testemunha, demonstrando potencial para o programa de melhoramento. A linhagem 30-122 apresentou maior suscetibilidade e preferência pela *S. frugiperda*.

Agradecimentos: À Fundação Araucária, CAPES e CNPq pelo apoio financeiro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

RESPOSTAS MORFOLÓGICAS *IN VITRO* DE PLANTAS DE BATATA EXPOSTAS AO ARSENIO

Francielly Baroni Mendes[1]; Luana da Silva Cadore[1]; Dilson Antônio Bisognin[1].

[1] Universidade Federal de Santa Maria.

*dilson.bisognin@ufsm.br

Palavras-chave: *S. tuberosum*, cultivo *in vitro*, toxidez, segurança alimentar.

A poluição ambiental por metalóides tem aumentado em consequência das ações antropogênicas, tais como atividades industriais e uso de químicos na agricultura. O arsênio (As) está entre os metais que apresentam maiores riscos ambientais, pela maior toxicidade e ampla distribuição. A batata (*Solanum tuberosum* L.) é um dos alimentos mais consumidos no mundo, configurando-se uma potencial fonte de contaminação. O objetivo do trabalho foi avaliar a resposta morfológica do clone SMINIA793101-3 de batata, exposta a diferentes doses de As no cultivo *in vitro*. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos do Núcleo de Melhoramento e Propagação Vegetativa de Plantas (MPVP) da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) no ano de 2019. Os tratamentos consistiram em meio de cultura ½MS - contendo macronutrientes e micronutrientes (controle), para os demais utilizou-se ½MS com adição de 50, 60 e 70 µM de As. Os meios de cultura foram suplementados com sacarose (30 g L^{-1}) e solidificado com ágar (6,0 g L^{-1}) e o pH do meio foi corrigido para 5,75 ± 0,02. Após o preparo, o meio de cultura foi autoclavado por 20 minutos à temperatura de 120ºC. Foram cultivados segmentos nodais do clone SMINIA793101-3, proveniente do banco de germoplasma do Programa de Genética e Melhoramento de Batata da UFSM. Os tubos de ensaio contendo um explante cada foram mantidos em sala de crescimento com temperatura de 25°C ± 1, fotoperíodo de 16 horas e intensidade luminosa de 35 µmol m^{-2} s^{-1}. Foi avaliado o número de raízes e a altura dos brotos aos 7, 14, 21, 28 dias após a repicagem. O experimento foi conduzido no delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições de 20 plantas. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e quando o teste F foi significativo, procedeu-se a análise de regressão com o auxílio do software R. Nas datas de avaliações observou-se decrescimos para altura de até 89,18% e para numero de raiz de até 24,19%.Para variável número de raiz e altura dos brotos, houve diferença significativa entre os tratamentos. Aos 28 dias de cultivo, foi observado 21,74% de decréscimo no número de raiz nas plantas expostas a 60 e 70 µM de As quando comparado ao controle. Já para a variável altura dos brotos foi observado um decrescimo de 61,81% e 79,58% na dose de 60 e 70 µM de As, quando comparado ao controle, respectivamente. Com base nos resultados obtidos, constatou-se que o meio de cultura contendo as doses de 60 e 70 µM de As, proporcionou toxidez, afetando seus sistemas vitais, acarretando efeitos adversos no crescimento e desenvolvimento das plantas de batata cultivadas *in vitro.* Outros experimentos estão sendo conduzidos com outros clones, afim de complementar esse estudo.

Agradecimentos: A CAPES e o CNPq pela concessão de bolsas de estudo e de pesquisa.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO COMBINADA PARA ARQUITETURA DE PLANTA ERETA E PRODUTIVIDADE EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO

Greice Rosana Kläsener[1*]; Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]; Iuri Paulo Somavilla[1]; Greice Godoy dos Santos[1]

[1]Universidade Federal de Santa Maria, Departamento de Fitotecnia, Santa Maria-RS.

*rosanaklasener@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; índice de soma de ranks; ganho genético.

A arquitetura de planta ereta em feijão pode ser avaliada visualmente com o uso de escalas de notas e quantitativamente medindo características morfológicas. A seleção combinada para arquitetura de planta ereta e alta produtividade de grãos resultará em maior eficiência para o programa de melhoramento de feijão, por isso este foi o objetivo deste trabalho. Para tanto, quatro experimentos de valor de cultivo e uso de feijão foram conduzidos entre os anos de 2016 e 2017, avaliando 17 genótipos (linhagens e cultivares) de feijão de diferentes obtentores. A arquitetura de planta ereta foi analisada por dois caracteres visuais (acamamento e nota geral de adaptação) e por dez caracteres morfológicos (inserção da primeira vagem, inserção da última vagem, altura da planta, comprimentos do primeiro, segundo, terceiro, quatro e quinto entrenós, diâmetros do hipocótilo e do epicótilo) e a produtividade de grãos foi determinada a 13% de umidade. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância conjunta e índice de soma de ranks, aplicando-se uma intensidade de seleção de 20% para selecionar os quatro genótipos superiores para os caracteres em que se observou diferença significativa para genótipo e/ou interação genótipo x ambiente. Diferença significativa foi constatada para todos os caracteres avaliados, exceto para o comprimento do primeiro entrenó e o diâmetro de hipocótilo. Alta herdabilidade (h^2: 63,20 a 93,20%) foi obtida para os caracteres da arquitetura de planta ereta e produtividade de grãos. Estimativas de ganho genético favoráveis a seleção foram verificadas para acamamento (-6,32%), nota geral de adaptação (-5,02%), inserção da última vagem (-10,02%), altura de planta (-12,73%), comprimento do segundo entrenó (4,30%), comprimento do terceiro entrenó (2,75%), comprimento do quinto entrenó (-1,30%) e produtividade de grãos (13,36%). As linhagens LP 11-117 e SM 0312 e as cultivares BRS Valente e Guapo Brilhante foram selecionadas pelo índice de soma de ranks. Esses genótipos apresentam arquitetura de planta ereta e alta produtividade de grãos, por isso serão selecionados pelo programa de melhoramento. Adicionalmente, as linhagens LP 11-117 e SM 0312 superam as cultivares testemunhas em relação a produtividade de grãos, portanto têm grande potencial para serem lançadas como novas cultivares de feijão na região Sul do Brasil.

Agradecimentos: CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DO SEGUNDO CICLO DO MELHORAMENTO INTRAPOPULACIONAL DE MILHO PIPOCA

Samira Alexandre da Silva[1]; Marcelo Moura Chaves[2]; Cicero Cordeiro Pinheiro[1]; Sérgio Manoel Alencar Sousa[1]; Damião Francisco de Sales[1]; Jesus dos Santos Brito[1]; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Silvério de Paiva Freitas Junior[1].

[1]Universidade Federal do Cariri – UFCA. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF.

*alexandre.samira@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays everta*; Melhoramento de plantas; Capacidade de expansão

O objetivo do trabalho foi selecionar famílias de irmãos completos para alto rendimento de grãos, capacidade de expansão e volume de pipoca por hectare do segundo ciclo de seleção recorrente do Programa de Melhoramento de Milho pipoca da Universidade Federal do Cariri. O segundo ciclo de seleção teve início no ano de 2016, quando foi realizado a obtenção de 210 famílias de irmão completos, e posteriormente, no ano de 2017, foi realizada as avaliações das famílias no campo experimental do Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade da Universidade Federal do Cariri, Crato-CE. O espaçamento utilizado foi de linhas de 6,0 m de comprimento, espaçadas em 1,0 m, com 15 plantas distanciadas em 0,4 m uma da outra, semeando três sementes por cova, à profundidade de 0,05 m. Na semeadura foi feita a adubação de fundação com NPK(10-10-10), utilizando 360 kg ha^{-1}. Após 21 dias da germinação foi realizado o desbaste, deixando apenas uma planta por cova, totalizando 15 plantas por linha. Utilizou-se sete 'sets', com duas repetições, sendo que cada 'set' conteve 30 famílias de irmãos completos. Foi realizada de variância, estimados parâmetros genéticos e índice de seleção (Smith e Hazel e Índice Clássico de Mulamba e Mock) para seleção das famílias superiores. Os pesos econômicos foram usados como através das estratégias do coeficiente de variação genético, o desvio-padrão genético, a razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, a herdabilidade e os pesos econômicos obtidos aleatoriamente por tentativas. De acordo com as condições de realização do experimento houve significância na entre as famílias de irmãos completos para maioria das características, demonstrando que há variabilidade genética para de recombinantes, principalmente para as características de maior interesse agronômico (Capacidade de expansão e rendimento de grãos). A seleção das 40 famílias superiores foi possível com base no índice de Mulamba e Mock, por meio de pesos econômicos atribuídos arbitrariamente, no qual a seleção permitiu a predição de ganhos simultâneos nas duas principais características (CE e RG) e ainda para o "supercaráter" volume de pipoca expandida por hectare (VP).

Agradecimentos: UFCA

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO COMUM POR MEIO DE TÉCNICAS MULTIVARIADAS

Igor Hiroda Kamano[1]; Bruno Ettore Pavan[1]; Guilherme de Freitas Gaspar[1]; Leornardo de Paula Giro[1]; Lucas Leite Alves1; Patrícia de Almeida[1]; Renan Furquim da Silva[1]

[1]Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira.

igorkamano@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris L.;* características; Mulamba e Mock

No Brasil, o feijoeiro é cultivado em praticamente todos os Estados, nas mais variadas condições edafoclimáticas e em diferentes épocas e sistemas de cultivo. No entanto, com o aumento da área irrigada, o cultivo do feijão nas safras de outono-inverno, onde as condições climáticas são propicias, tornou-se uma das melhores opções ao agricultor brasileiro. A produtividade média estimada para essa cultura está em 1.039 kg/ha, na média nacional, 1,5% abaixo do obtido na última temporada. Com esse resultado de produtividade, a produção nacional está prevista em 971,7 mil toneladas, representando decréscimo em relação à safra anterior**.** Dessa forma, para atender a demanda dos consumidores e produtores novas variedades do grão precisam ser lançadas. O melhoramento do feijoeiro na região noroeste do Estado de São Paulo e leste do Mato Grosso do Sul tem como grande desafio a adaptação da cultura a climas quentes (propícios ao desenvolvimento de enfermidades) mesmo no período do inverno. A obtenção de plantas com porte mais ereto, menor acamamento e alta produtividade tem sido objetivo da maioria dos programas de melhoramento do feijoeiro**.** O trabalho teve como objetivo identificar linhas puras de feijão com potencial para o plantio nas regiões noroeste do Estado de São Paulo e leste do Mato Grosso do Sul por meio de índice de seleção**.** O experimento foi realizado no município de Selvíria-MS, que tem clima quente de inverno seco. Foram avaliadas 14 linhas puras do programa de melhoramento e seis testemunhas. Foram avaliadas as características altura das plantas, número de dias para o florescimento, diâmetro médio do hipocótilo, produção de grãos por hectare, número de dias para a maturação, número de vagens por planta, número de grãos por vagem e a altura da inserção da primeira vagem. Foi adotado delineamento em blocos casualizados, inicialmente os dados foram submetidos à análise de variância por variável resposta adotando pressão seletiva de 25%. Adicionalmente foi realizada a seleção pelo índice de seleção baseado na soma de '*ranks*', proposto por Mulamba e Mock com a mesma pressão seletiva. O caractere que proporcionou os melhores ganhos diretos foi o número vagens por planta, obtendo ganho de 32%, demonstrando que os genótipos de feijoeiro possuem variabilidade genética. Porém para o caráter dias para a maturação o ganho foi pequeno (3,2%), caracterizado pela baixa variabilidade genética. Este caráter que proporcionou os menores ganhos indiretos, resultando em ganhos negativos, a seleção considerando um único caráter pode ser prejudicial para seleção de cultivares não atendendo as premissas comerciais exigidas. Isso fica evidente após a adoção do índice de seleção, este possibilitou ganhos equilibrados em todos os caracteres que possuíam maior variabilidade genética.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE GIRASSOL NO CERRADO

Sara Kananda S. Rocha[1]*; Renato F.Amabile[2]; Ricardo M. Sayd[3]; Cláudio G. P. Carvalho[4]; Rodolfo D. Thomé[1]; Francisco M. S. Delvico[2]; Samara D. R. Ramos.[1]; Juaci V. Malaquias[2]; Felipe A. A. Brige[3]; Ana Paula L. Montalvao[5]; Pedro Ivo A. L. Sala[1]

[1]UnB - Universidade de Brasília. Campus Darcy Ribeiro. [2]Embrapa Cerrados - Planaltina-DF/Brasil. [3]Faculdade ICESP Brasília-DF/Brasil. [4]Embrapa Soja – Londrina-PR/Brasil. [5]Universidade de Gottingen, Alemanha.

*sarak.unb@gmail.com

Palavras-chave: melhoramento genético; variabilidade genética; *Helianthus annuus* L.

O girassol é uma oleaginosa que tem se mostrado promissora para o Cerrado brasileiro. Objetivou-se nesse trabalho avaliar e caracterizar genótipos de girassol em dois ambientes do Distrito Federal (Planaltina - CPAC e Riacho Fundo II - SPM), visando explorar a variabilidade genética existente para subsidiar a seleção de genótipos precoces, com maior produção de grãos e de óleo e adaptadas às condições edafoclimáticas do Cerrado. Foram avaliados dois experimentos em cada ambiente, Ensaio Final de Primeiro Ano e Ensaio Final de Segundo Ano totalizando quatro ensaios, arranjados em Blocos ao Acaso, com quatro repetições. As características avaliadas foram: rendimento de grãos (REND), rendimento de óleo (RENDOL), dias para a floração inicial (DFI), diâmetro do capítulo (DC), peso de mil aquênios (PMA), altura de plantas (ALT), número de plantas acamadas (NPA) e teor de óleo (TOL). Nos Ensaios Finais de Primeiro Ano, o REND, no CPAC, variou de 1.887 kg ha^{-1} (BRS G53) a 3.383 kg ha^{-1} (BRS G57), sendo este o ambiente que deteve o maior rendimento de grãos. No ambiente SPM o híbrido BRS G57 (3.184 kg ha^{-1}) juntamente a testemunha BRS 323 superaram os demais genótipos, destacando-se positivamente para rendimento. Para a característica DFI a cultivar BRS G53 foi o mais precoce em ambos os ambientes (45 e 59 dias), porém também o de menor desempenho em rendimento de grãos. Para a característica TOL, a BRS G57 se destaca no CPAC (45,3%). Nos Ensaios Finais de Segundo Ano, no CPAC, a MULTISSOL (3.260 kg ha^{-1}) superou todos os híbridos, com exceção da testemunha SYN 045 (3.827 kg ha^{-1}), quanto ao REND. No SPM, a MULTISSOL também alcançou um REND elevado, no entanto, não superou a testemunha BRS 323 (3.884 kg ha^{-1}). Para o TOL, o maior valor obtido foi pela BRS 323 (45%), no CPAC. Em todos os ensaios, para as características REND e DFI, a herdabilidade em sentido amplo foi superior a 90%, indicando uma correspondência preditiva entre o valor fenotípico e o valor genético. O coeficiente de variação genético foi superior ao coeficiente de variação ambiental para todos os caracteres, com exceção do obtido para NPA, DC e TOL. A acurácia foi classificada em muito alta a alta, com exceção da obtida para NPA; e para TOL, no ambiente CPAC do Ensaio Final de Primeiro Ano foi moderada. Os genótipos mais precoces foram os híbridos BRS G53 (Ensaio Final de Primeiro Ano) e BRS G60 (Ensaio Final de Segundo Ano). Entre os materiais genéticos mais precoces, o híbrido BRS G60 apresenta promissor rendimento de grãos. Os genótipos avaliados demonstraram elevado potencial agronômico sob as condições do Cerrado.

Agradecimentos: Meus agradecimentos a Embrapa, particularmente ao Sr. Amilton da Silva Pires e equipe. Agradeço, sobretudo, a Deus e a toda minha família, especialmente, aos meus pais: Núbia e Samuel.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO BASEADO EM MÚLTIPLOS CARACTERES USANDO GGE BIPLOT

Talieisse Gomes Fagundes[1]*; Gabrielle Maria Romeiro Lombardi; Daniela Oliveira Ornelas; Thiago Tavares Botelho; José Airton Rodrigues Nunes1; Rafael Augusto da Costa Parrela

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*, Correlação, Etanol.

A cultivar de sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] deve apresentar alto rendimento de etanol, o que depende direta e indiretamente da expressão fenotípica de uma multiplicidade de caracteres agronômicos e tecnológicos. O objetivo deste trabalho foi avaliar genótipos quanto a várias características agroindustriais de sorgo sacarino a fim de selecionar genótipos promissores quanto à produção de etanol. Os experimentos foram conduzidos nas localidades de Lavras/MG, Sete Lagoas/MG e Sinop/MT. Foram avaliados dez genótipos-elite, sendo as linhagens BRS508, CMSXS643, CMSXS646, CMSXS647 e os híbridos CV198, N31L5010, 201549B014, 201610B033, 201610B033, 201610B081, 201610B095, em oito épocas de corte (93, 100, 107, 114, 121, 128, 135 e 142 dias após a semeadura). Os experimentos foram implantados em faixas de oito linhas de 5,0 m, espaçadas entre linhas de 0,7 m por genótipo. Cada linha de 5,0 m de cada genótipo foi designada para cada época de corte, constituindo a unidade experimental ou parcela. Os seguintes caracteres agroindustriais foram mensurados: Altura (ALT, m), peso de massa verde (PMV, t/ha), extração (EXT, %), teor de sólidos solúveis totais (SST, % caldo) e toneladas de brix por hectare (TBH). Os dados foram analisados pela abordagem de modelos mistos. A partir das médias ajustadas dos genótipos quanto às características mensuradas foi realizada a análise GGE biplot pelo programa R para avaliar o inter-relacionamento dos genótipos e dos caracteres. Houve variação significativa entre os genótipos para todos os caracteres. Os caracteres ALT e PMV apresentaram associação positiva. O TBH apresentou associação positiva com todos os caracteres, exceto com EXT. Esta associação negativa pode estar relacionada com a menor variação entre os genótipos para EXT. A maior discriminação entre os genótipos foi observada para SST. A linhagem CMSXS643, seguida pela cultivar BRS508 e da linhagem CMSXS646 foram mais promissores, pois apresentaram maiores valores para o TBH, variável que congrega PMV, SST e EXT e que está mais proximamente relacionada com o rendimento de etanol.

Agradecimento: UFLA, CAPES, CNPq, Embrapa Milho e Sorgo e FAPEMIG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO

Hilda B. Gloria[1]; Rodolfo Amaral[1]; Paula M. H. Viera[1]; João Cândido de Souza[2*]

1Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, 2Professor Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG.

hilda.gloria@yahoo.com.br;

Palavras-chaves: milho híbrido; zea mays; melhoramento

A obtenção de híbridos é a estratégia mais utilizada pelos programas de melhoramento genético para a cultura do milho. Os cruzamentos dialélicos entre diferentes grupos heteróticos de genitores é de grande utilidade, uma vez que possibilitam a avaliação da capacidade de combinação e o potencial produtivo dos híbridos obtidos. Para avaliar a capacidade de combinação foram avaliados 13 híbridos resultantes de cruzamentos dialélicos de linhagens de duas populações distintas do terceiro ciclo de seleção recorrente recíproca do programa de melhoramento genético de milho da Universidade Federal de Lavras. O experimento constou dos 13 híbridos mais duas testemunhas comerciais, avaliados na safra 2018/2019, no delineamento de blocos casualizados com duas repetições, sendo as parcelas de duas linhas de dois metros espaçadas de 0,6m. Avaliou-se dentre outros caracteres o peso das espigas despalhadas por parcela. Foi realizada a análise de variância para o caráter mencionado e a fonte de variação híbridos apresentou diferenças significativas (P>0,05), indicando que houve diferença entre os tratamentos avaliados. Os pesos das parcelas variaram de 4,74 a 1,93 kg por parcela. Pelo teste Dunnett a 5% de probabilidade os híbridos foram ranqueados e quatro deles não diferiram do desempenho médio das testemunhas. Esses resultados indicam que há variabilidade entre os híbridos avaliados permitindo selecionar os melhores para condução de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) e posterior recomendação dos melhores aos agricultores.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE CÁRTAMO PARA ALTA PRODUTIVIDADE E TEOR DE ÓLEO

Sebastião Soares de Oliveira Neto[1*]; Giovani Stocco Gothardi[2]; Odila Friss Ebertz[3]; Maurício Dutra Zanotto[3]; Douglas Mariani Zeffa[4];

[1]FCA – UNESP Campus de Botucatu - SP / Faculdades Integradas de Bauru - SP. [2]Faculdade Galileu / FCA – UNESP Campus de Botucatu – SP. [3] FCA – UNESP Campus de Botucatu - SP. [4] Universidade Estadual de Maringá.

*neto.soliver@gmail.com

Palavras-chave: desempenho agronômico; adaptação climática; seleção de genótipos.

O cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) é uma planta originária de regiões com climas desérticos e que tem se mostrado como uma opção de cultura para a rotação de cultivos na agricultura brasileira, já que apresenta sementes com alto teor de óleo e elevada tolerância à seca. O óleo de cártamo tem aplicações na alimentação humana e na indústria e vem ganhando mercado a cada ano. As opções de variedades adaptadas e registradas para cultivo no Brasil ainda são poucas e os programas de melhoramento genético são essenciais para o desenvolvimento de novas cultivares, os pilares principais são o aumento da produtividade e altos teores e qualidade de óleo, sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o desempenho agrícola de genótipos de cártamo em condições de safrinha em dois locais de cultivo com climas distintos [Bauru-SP (Local 1) e Botucatu – SP (Local 2)], bem como, selecionar os melhores materiais para posterior registro junto ao RNC/MAPA. O experimento foi conduzido em área experimental das Faculdades Integradas de Bauru-SP e das Faculdades de Ciências Agronômicas – UNESP campus Botucatu. O material vegetal utilizado é proveniente do Programa de Melhoramento de Cártamo da FCA, sendo utilizadas 10 progênies (P1, P2, P3, P4, P5, P6, P7, P8, P9 e P10) e uma testemunha (Acesso 7329) e avaliados os seguintes caracteres: altura de plantas, número de racemos primários, número de capítulos, massa de 1000 grãos e produtividade por hectare. Os dados foram tabulados e submetidos à análise de variância e teste de Scott-Knott. Houve diferença estatística para todos as características avaliadas, exceto para número de racemos primários, no Local 1, e apenas para número de capítulos, massa de mil grãos e produtividade por hectare, no Local 2. Para a característica produtividade por hectare, no Local 1 destacaram-se as progênies P8 e P7 (respectivamente, 2.226,0 e 2.146,0 kg.ha) e para o teor de óleo, as progênies P6 e P8 (respectivamente, 25% e 23,6%). Já para o Local 2, as progênies P4 e P7 foram as que mais produziram (respectivamente, 1.587,0 e 1.344,0 kg.ha), enquanto para o teor de óleo P1 obteve rendimento superior (21%). Foram selecionadas para posterior registro as progênies P6, P7 e P8 que obtiveram valores médios de rendimento de grãos e teor de óleo superior nos dois locais de cultivo.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE HIBRIDOS DE MILHO PARA SILAGEM UTILIZANDO PROJEÇÃO GT BIPLOT

Flávia Nicácio Viana[1*]; Jocarla Ambrosim Crevelari[1]; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves[1]; Divino Rosa dos Santos Junior[1]; José Arantes Ferreira Junior[1]; Messias Gonzaga Pereira[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/UENF. Av. Alberto Lamego, 2000, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

*flaalegre@hotmail.com

Palavras-chave: Análise Multivariada; Adaptabilidade; Dialelo.

Os programas de melhoramento vegetal visam desenvolver genótipos com alto rendimento e adaptáveis às regiões de interesse. A região Norte e Noroeste Fluminense do estado do Rio de Janeiro tem destaque na pecuária, porém, é escassa em materiais que disponibilizem uma silagem de alta qualidade. O presente trabalho teve como objetivo avaliar as médias e a estabilidade por meio da análise GT *biplot* em híbridos de milho para a região Norte e Noroeste Fluminense, obtidos através de análise dialélica. Para tanto, foram utilizados 6 genitores (UENF 2202, UENF 2205, UENF 2208, UENF 2209, UENF 2210 e Piranão 12); intercruzados em um esquema de dialelo completo, pelo método II de Griffing, perfazendo 15 combinações hibridas. Os híbridos foram avaliados simultaneamente no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes e na Estação Experimental da Ilha Barra do Pomba, em Itaocara. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições, no ano agrícola de 2017/18. A avaliação das médias e da estabilidade dos híbridos foi realizada pela análise GT *biplot*, baseada na média fenotípica de cada hibrido para as características, rendimento de massa verde (PMV), rendimento de grãos (GY), peso de espiga com palha (PECP) e número de plantas no momento da colheita (STAND). A análise biplot foi eficiente na interpretação dos dados e representou 76,58% da variação total, refletindo em alta confiabilidade da análise. O gráfico GT *biplot "means x stabilites"* possibilitou identificar combinações hibridas superiores à média geral. Essa identificação foi possível verificando os híbridos que estão acima ou abaixo da média e que têm menor influência do ambiente. As combinações híbridas 9 (UENF 2208 x Piranão 12), 14 (UENF 2210 x Piranão 12) e 12 (UENF 2209 x Piranão 12) foram os de maiores médias, ficaram projetadas acima do eixo 1, representante da média geral. Quanto maior a projeção do híbrido no eixo 1, maior é a interação genótipo e ambiente, consequentemente, mais instável o híbrido. Em relação a estabilidade, as combinações 9 e 12 apresentaram uma menor distância em relação ao eixo 2, demonstrando maior estabilidade. De acordo com a metodologia GT *biplot*, a combinação hibrida 9 apresentou maior média e estabilidade em relação as características avaliadas (PMV 60.82 kg/ha e GY 5.76 Kg/ha), já a combinação hibrida 12 encontra-se em destaque devido menor projeção em relação ao eixo 2, apresentando maior estabilidade dentre as combinações de maiores médias (PMV 50.99 kg/ha e GY 5.62 Kg/ha). Contudo as combinações híbridas selecionados de acordo com *"means x stabilites"* foram a 9 e 12.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ e UENF.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE LINHAS PURAS RECOMBINANTES SUPERIORES DE ARROZ VIA ÍNDICE DE SELEÇÃO

Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos[1*]; Rodrigo de Sousa Oliveira[1];Felipe Antônio Oliveira[2]; Raimundo Nonato Oliveira Silva[3];João Antônio Mendonça[4]; Francisco Pereira Moura Neto[4];Rosana Pereira Vianello[4]; Claudio Brondani[4]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Universidade Anhanguera. [3] Universidade Federal do Piauí.[4]Embrapa Arroz e Feijão.

*jessica.f.santos@colaboradora.embrapa.br

Palavras-chave: *Oryza sativa*; Produtividade; Ganho com Seleção.

O aumento da produtividade é um objetivo comum entre os programas de melhoramento genético, pela necessidade constante de ampliar a produção de grãos em um cenário complexo que envolve o aumento da população, diminuição das áreas agricultáveis e mudanças climáticas. Na seleção de linhagens e populações segregantes superiores devem ser considerados vários caracteres conjuntamente, e é importante obter respostas favoráveis à seleção para todos os caracteres de interesse. Porém, o processo de seleção é complexo e altamente influenciado pelo ambiente. Uma das alternativas é a utilização dos índices de seleção,que permitem a seleção de genótipos desejáveis por meio dos caracteres de importância agronômica avaliados. O objetivo do presente trabalho consistiu na seleção de linhagens puras recombinantes com alto potencial produtivo e caracteres de interesses para produtividade. Foram avaliadas 247 linhas puras recombinantes, provindas do cruzamentoManinjau (subespécie *Indica*) x Araguaia (subespécie *Japonica*) e avançadas pelo método SSD (Single SeedDescent) até a geração $F_{2:7,}$ e nove testemunhas, incluindo seus genitores. O experimento foi conduzido na Fazenda Palmital em Goianira (GO), no delineamento em láttice 16x16 com duas repetições. Foram avaliados florescimento (FLO), altura (ALT),acamamento (ACA)e produtividade (PROD). O índice utilizado foi o de Rank - Mulamba e Mockdisponível no software Selegen-REML/BLUP.Houve diferença significativa (p-valor<0,0058) para todos os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade genética. Para os caracteres FLO, ALT e ACA foi desejado um decréscimo nos valores, haja vista que sãodesejáveis genótipos precoces, de baixo porte e sem acamamento.O coeficiente de variação genética individual (CVgi%) foi de6,8%(FLO), 9% (ALT),17,6%(ACA) e 18,2%(PROD), mostrando potencial para ganhos genéticos futuros. Apresentaram também valores adequados para o coeficiente de variação experimental (CVe%) variando de 1,1 à 26%.A herdabilidadefoi altapara FLO (97%),moderada para ALT (75%) e PROD (67%) e baixa para ACA (29%), indicando bons ganhos de seleção a serem obtidos.Foram selecionadas 3,12 % das linhagens avaliadas, equivalente a 8 linhagens superiores: 20,110,155,172,130,109,117 e 16, com ganho total apresentado pela soma dos ranks variando de 172 a 371%. Em virtude dos resultados obtidos,sugere-se a manutenção dessas linhagens no programa de melhoramento de arroz da Embrapa, uma vez que possuem elevado potencial de incremento para produtividade e para os demais caracteres relacionados.

Agradecimentos: Capes, Embrapa Arroz e Feijão e Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - PGMP/UFG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO UTILIZANDO ÍNDICE Z

Iara Silveira Gonçalves[1]; Nathany Ribeiro Chiquito[2]; Liliane Scislowski[3]; Francine Lautenchleger[4]; Elida Auxiliadora Peralta Paiva[4]; Marcos Gabriel Abramoski[1]; Leticya Iasmyne Pertschy[1]; Marcos Ventura Faria[5]

1Graduando(a), Agronomia - UNICENTRO, Guarapuava-PR. 2Mestranda, Produção Vegetal. -UNICENTRO, Guarapuava-PR. 3Graduanda, Agronomia - Faculdade Campo Real. 4Doutoranda, Produção Vegetal - UNICENTRO, Guarapuava-PR. 5Professor Associado – Departamento de Agronomia - UNICENTRO.

iaara_silveira.g@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays* L., índice Z; produtividade de grãos

A seleção de progênies pode ser mais eficiente quando são considerados vários caracteres de interesse simultaneamente. O objetivo foi selecionar progênies de meios irmãos (PMI) de milho com base no somatório de variáveis padronizadas (Índice Z) para características agronômicas. Foram avaliadas 541 PMI provenientes de uma população originada do intercruzamento entre 53 híbridos comerciais convencionais, de diferentes bases genéticas. Nessa população original foi realizada seleção massal de plantas observando a sanidade foliar e do colmo, altura reduzida de plantas e de espigas, e peso, sanidade e empalhamento de espigas. As espigas selecionadas deram origem às PMI, que foram avaliadas em Guarapuava-PR na safra verão 2018/19. Parcelas de uma linha de 5m, espaçamento entrelinhas de 0,45m, população equivalente a 70.000 plantas ha^{-1}. Os caracteres avaliados foram produtividade de grãos (PG - kg ha^{-1}), altura de planta (AP - cm), altura de espiga (AE - cm) e florescimento masculino (FM - dias). As observações relativas a cada característica foram padronizadas por parcela, visando torná-las diretamente comparáveis. A variável padronizada foi obtida por $Z_{ik} = (Y_{ik} - \bar{Y}_{.k})/S_{.k}$, em que: Zi_k é o valor padronizado da média fenotípica da progênie i para a característica k; Y_{ik} é o valor da média fenotípica da progênie i para a característica k; $\bar{Y}_{.k}$ é a média das médias fenotípicas das progênies para a característica k; $S_{.k}$ é o desvio padrão da média fenotípica, associado à característica k. Para AP, AE e FM, em que menores valores são desejáveis, os valores padronizados Z_{ik} foram multiplicados por -1, com o intuito de inverter a ordem e facilitar a interpretação do índice Z, de modo que os maiores valores fossem sempre os favoráveis. Foi somada a constante 3,0 a cada valor padronizado para evitar valores negativos. Foi obtido o somatório dos valores padronizados (índice Z) e a variância, com a finalidade de auxiliar na identificação de progênies com distribuição uniforme das características consideradas. Foi realizado ranqueamento das progênies, empregando intensidade de seleção de 10,16%. Foram selecionadas 55 progênies, que apresentaram valores altos do Índice Z e baixa variância, cuja PG variou de 9,483 a 17,159 t ha^{-1} As progênies selecionadas serão recombinadas para dar prosseguimento ao segundo ciclo de seleção recorrente.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, Fundação Araucária e Grupo de Melhoramento de Plantas.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SIMILARIDADE ENTRE HÍBRIDOS DE MILHO TRANSGÊNICO COM DIFERENTES NÚMEROS DE ALELOS TC1507 x MON89034 x NK603

Naiara Scarabeli Zancanari[1*]; Kian Eghrari Moraes[1]; Kevyn Belonssi de Oliveira[1]; Lucélia de Fátima Santos[1]; Luiz Eduardo Tilhaqui Bertasello[1]; Fabiola Vitti Môro[1]; Eduardo Custódio Gasparino[1]; Gustavo Vitti Môro[1]

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP/Jaboticabal-SP.

*nzancanari@gmail.com

Palavras-chave: homozigoto; hemizigoto; componentes principais

Com o advento da biotecnologia, os organismos passaram a adquirir características que não a de sua natureza, assim como ocorreu na cultura do milho, cujos principais genes inseridos são os que conferem resistência a pragas e a herbicidas. Atualmente, os híbridos transgênicos comerciais são hemizigotos, ou seja, possuem apenas um alelo exógeno proveniente do cruzamento de uma linhagem que sofreu transformação com outra convencional. No entanto, híbridos homozigotos podem ser formados a partir do cruzamento onde ambas linhagens foram transformadas. Na literatura é ampla a presença de trabalhos que avaliam alterações entre os genótipos convencionais e seu isogênico transgênico (hemizigoto), no entanto o mesmo não ocorre quando se trata da influência do número de alelos transgênicos. Com este trabalho buscamos utilizar os parâmetros anatômicos para avaliar a similaridade das versões de cada híbrido. Para isso foram utilizados cinco híbridos comerciais (A, B, C, D e E) que possuem o evento TC1507 x MON89034 x NK603 nas suas versões em homo e hemizigose e um deles na versão convencional, cultivados em casa de vegetação sob as mesmas condições. Os caracteres anatômicos utilizados para a análise da similaridade entre as versões de cada híbrido foram: diâmetro total do colmo, área dos feixes vasculares do colmo , espessura da epiderme adaxial da folha, espessura do mesófilo da folha, área dos feixes vasculares do xilema da folha, área dos feixes vasculares do floema da folha, espessura do córtex da raiz, cilindro total da raiz, proporção do córtex em relação a área total da raiz, espessura da epiderme da raiz, espessura da endoderme da raiz, área dos feixes vasculares da raiz e proporção dos feixes vasculares em relação ao cilindro total da raiz. A análise de componentes principais foi aplicada e os dois primeiros componentes (CP1 e CP2) explicam mais de 60% da variação dos dados, com as maiores contribuições pelas variáveis: área do cilindro total da raiz (0,89) e espessura do córtex da raiz (0,75) para o CP1, já para CP2 foi a proporção do córtex em relação a área total da raiz (0,67) e a proporção dos feixes vasculares em relação ao cilindro total da raiz (0,36). Quanto aos híbridos, podemos notar que o número de alelos transgênicos interferiu na similaridade esperada para as versões de alguns híbridos, onde o híbrido A teve comportamento discrepante entre a versão convencional, hemi e homozigota, denotando dissimilaridade entre elas, assim como as versões dos híbridos B e C. Os híbridos D e E apresentaram similaridade entre as versões. Como não foi possível observar um padrão definido quanto as alterações de similaridade e o número de alelos do evento considerado, indica que este evento não causou alteração nos caracteres anatômicos considerados, de efeitos não intencionais em razão da manipulação do genoma por meio da transgenia.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SOMA DE RANKINGS NA SELEÇÃO DE CULTIVARES DE MARMELEIRO

Renata Tiemi Nomada[1*]; Givago Coutinho[2]; Daniela Da Hora Farias[1]; Pedro Maranha Peche[1]; Adriano Teodoro Bruzi[1]; Rafael Pio[1]

[1]Universidade Federal de Lavras – Departamento de Agricultura; [2]Professor D. Sc de Fruticultura - Centro Universitário de Goiatuba (UniCerrado)

renata_nomada@hotmail.com

Palavras-chave: *Cydonia oblonga* Miller; índice de seleção; melhoramento

O marmeleiro (*Cydonia oblonga* Miller) pertence ao gênero *Cydonia* e é originário de regiões de clima temperado. A produção mundial de marmelo é de 596.532 toneladas, sendo a Turquia o principal produtor com 135.500 toneladas, seguido da China, Irã, Argentina, Azerbaijão e Espanha. Na maioria dos países produtores de marmelo, a produtividade é baixa devido à concorrência com outras plantas frutíferas de clima temperado como a maçã e a pera. Algumas cultivares possuem potencial para serem exploradas comercialmente, como ocorre no Brasil, onde a utilização dessa fruteira vem sendo retomada em regiões de clima subtropical. A baixa oferta dessa matéria-prima e sua consequente valorização vêm sendo notadas pelas fábricas de conserva, que a têm importado da Argentina sob a forma de polpa. Apesar desse cenário, a cultivar Portugal é a mais utilizada no Brasil. Não há quase nenhum estudo sobre o desempenho agronômico de cultivares de marmelo cultivado em climas subtropicais, especialmente no clima subtropical úmido. Devido a isso, é importante a seleção de materiais que apresentem maiores produtividades a fim de atender o aumento da demanda de produção. Objetivou-se nesse trabalho a indicação de cultivares superiores com base na metodologia de soma de rankings. Foram avaliadas 27 cultivares produtivas de marmeleiro pertencentes ao Banco de Germoplasma de Marmelo da Universidade Federal de Lavras - UFLA. Os caracteres avaliados foram número de frutos, produtividade estimada, comprimento do ramo, massa média de fruto, comprimento de fruto e diâmetro de fruto. As medidas foram realizadas mensalmente, acompanhando o crescimento do ramo através da medição do comprimento e do número de nós existentes e, ao final da produção, foi medido o diâmetro dos ramos. A avaliação da produção foi feita através da contagem do número total de frutos por planta, se determinando ao final o número de frutos produzidos ao longo da época de produção dos marmeleiros. O número total de frutos colhidos foi multiplicado pela massa total de frutos em cada colheita e a produtividade estimada foi determinada através da multiplicação desse valor de produção por planta pela densidade de plantas por hectare (1.000 plantas). Foram selecionados 10 frutos por cultivar, onde foram tomadas ao acaso as medições de comprimento, diâmetro e massa média do fruto. A utilização da soma de rankings permitiu identificar as cultivares superiores 'Bereckzy', 'Meech Prolific' e 'Mendonza INTA-37', considerando simultaneamente os caracteres avaliados.

Agradecimentos: FAPEMIG, CAPES, CNPq

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

STRESS-DRIVEN RESPONSES TO ASIAN RUST IN SOYBEAN GENOTYPES: DEPICTING THE CONCEPTS OF STATIC AND DYNAMIC TOLERANCE

Elesandro Bornhofen[1]*; Natal Antonio Vello[1]

[1]"Luiz de Queiroz" College of Agriculture (ESALQ), University of São Paulo.

*bornhofenelesandro@usp.br

Keywords: Abiotic stress; genotype by environment interaction; rust fungi.

Plants act in different ways in response to pathogen-induced damage. Tolerance is one of the mechanisms shared by plants to sustain fitness in the presence of disease. We hypothesized that soybean plants expressing tolerance are able to show two possible outcomes after an event of Asian soybean rust (ASR) stress, which are named static and dynamic tolerance. When static tolerance is present, genotypes tend to have similar performance across levels of disease severity, while responsiveness is expected for genotypes showing dynamic tolerance when the stress intensity is decreased. To test this hypothesis, we performed a set of trials exposing soybean genotypes to the presence and absence of *Phakopsora pachyrhizi*, the causal agent of ASR. Sixteen elite lines from a recurrent selection program and two checks were evaluated in a randomized complete block design with three replicates across four environments, each of them consisted of combinations of location × year. In each environment, two identical and adjacent trials only contrasting for the rust occurrence (ASR and ASR-free) were carried out. A mixed model was fitted using an unstructured variance/covariance formulation for genotype within environment effects (the **G** matrix) and heterogeneous error variances across environments for residuals effect (the **R** matrix) and block within environment. The sixteen genotypes were also crossed in an 8x8 partial diallel design and the F_5 generation was evaluated across locations and stress conditions. A multivariate partial diallel model with pedigree information was fitted to obtain the breeding values of each parent. The analyses were performed using the ASReml v.4 package. The ASR effect on soybean genotypes was assessed via a set of ten agronomic traits and seven seed shape and size parameters measured by high-throughput phenotyping. For seed yield, the results revealed the presence of both static (lower frequency) and dynamic (higher frequency) types of tolerance, with the best-ranking genotypes expressing the former type. The correlation between general combining ability effects and per se performance was low for seed yield, suggesting the necessity of progeny evaluation to identify superior combiners for tolerance to ASR in breeding programs. For the majority of the remaining traits, the correlations were found to be high. Due to its quantitative nature, tolerance to ASR is highly affected by G×E interaction, requiring multi-location trials for accurate measurements. Together, the results indicate that tolerance is a promising strategy to deal with ASR-induced yield losses in soybean fields and economic aspects of cultivating tolerant variates should be addressed in future studies.

Acknowledgments: We gratefully acknowledge the support of the São Paulo Research Foundation (FAPESP) through the grants nº 2017/24266-0 and 2017/11235-0, CAPES, CNPq, and ESALQ without which the present study could not have been accomplished.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

TAXAS DE INDUÇÃO À HAPLOIDIA E OBTENÇÃO DE DUPLO-HAPLÓIDES EM MILHO SUPERDOCE

Vitor Joaquim de Lucena[1], Otávio Gabriel Lalau Hoda[1], Maria Eduarda Mariano de Oliveira[1], João Fernando Barreiro Freitas[2], Rosângela Maria Pinto Moreira[1], Josué Maldonado Ferreira[1]

Universidade Estadual de Londrina[1], Tropical Melhoramento & Genética[2].

josuemf68@gmail.com

Palavras-chave: *Zea mays* var. *saccharata*; Linhagens; Duplicação Cromossômica.

A tecnologia de duplo-haplóides *in vivo* tem sido amplamente utilizada em milho comum, para redução no tempo de desenvolvimento de novas linhagens visando à produção de híbridos, porém existem poucos relatos da sua utilização em milho superdoce. Os objetivos foram obter linhagens duplo-haplóides e determinar a taxa de indução do indutor PI4003, em cruzamentos com diferentes genótipos de milho superdoce. Em lote isolado, seis genótipos de milho superdoce foram despendoados e polinizados por uma mistura de linhagens indutoras da população PI4003. As espigas da geração F_1 foram avaliadas e as suas sementes classificadas segundo o padrão de marcação promovido pela expressão do gene *R1-nj*. As sementes foram classificadas como diplóides (embrião e endosperma púrpura), haplóides putativas (apenas endosperma púrpura) e não marcadas. As sementes haplóides putativas e uma pequena amostra de sementes diplóides foram semeadas separadamente por genótipo, em casa de vegetação, em bandejas plásticas de 64 células contendo turfa sphagnum. Na fase de duas a três folhas foi realizado o *roguing* das plântulas mais vigorosas, mantendo apenas as plântulas aparentemente haplóides. O tratamento para a duplicação cromossômica foi realizado por meio da injeção de 100 µL/plântula da solução de colchicina (0,125%) e dimetilsulfóxido (0,5%), 3 a 5 mm acima do meristema basal do caule. As plântulas tratadas foram transplantadas para o campo no dia seguinte ao tratamento com colchicina, sendo realizadas todas as práticas recomendadas para a cultura do milho. As maiores inibições da expressão do gene *R1-nj* foram observadas para os híbridos Splendor e AF505, com 90% e 12% de espigas mal marcadas, respectivamente. A porcentagem de sementes haplóides putativas com base apenas na marcação da semente variou de 2,5% a 14,2%, com média de germinação de sementes igual a 85,7%. Contudo, dentre as sementes haplóides putativas, apenas 3,4% a 36,7% geraram plantas realmente haplóides, indicando a ocorrência de elevadas taxas de falsos positivos, quando utilizado o indutor PI4003. Na etapa de autofecundação verificou uma média geral de 12,2% de plantas completamente estéreis, 72,5% plantas machos estéreis e 15,3% férteis, com uma eficiência de até 11,2% para as autofecundações realizadas. Foi observada uma média de 10,0% a 48,1% de mortalidade das plântulas após a aplicação da colchicina. Os procedimentos adotados permitiram a obtenção de linhagens duplo-haplóides de milho superdoce, mas revelam a necessidade de selecionar linhagens específicas do indutor PI4003, que apresentem taxas maiores de indução de haplóides e com menor ocorrência de falsos positivos.

Agradecimentos: À Universidade Estadual de Londrina (UEL), à Tropical Melhoramento & Genética (TMG) e a Fundação de Apoio ao Desenvolvimento da UEL (FAUEL) pelo apoio na realização deste trabalho.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Tolerância à seca em híbridos intervarietais de milho em ambientes com irrigação e sob deficiência hídrica

Maria Elisa A. G. Zagatto Paterniani[1*]; Daniel Sarto Rocha[1]; Cinthia Souza Rodrigues[1]; André L. Bombonato de Oliveira[1]; Marcelo Ticelli[2]; Paulo Boller Gallo[3]

[1]Instituto Agronômico, [2] UPD de Mococa, IAC, [3] UPD de Tatuí, IAC

*elisa@iac.sp.gov.br

Palavras-chave: déficit hídrico, GGE Biplot, dialelo

No Brasil, desde 2012 o milho safrinha vem aumentando de proporção ano a ano, quando comparado à safra de milho verão. Nessa época de plantio ocorre maior instabilidade climática com maior probabilidade de ocorrência de períodos de déficit hídrico. Este é um dos fatores que mais causa redução na produtividade de grãos de milho, por isso a importância de programas de melhoramento para obter genótipos tolerantes à seca. O objetivo deste trabalho foi identificar híbridos de milho estáveis, responsivos à irrigação e tolerantes à seca, a partir de um dialelo parcial 2X13, constituído por dois testadores tolerantes e 13 populações com diferentes níveis de tolerância à seca. Os experimentos foram realizados nas Unidades de Pesquisa e Desenvolvimento de Mococa/SP e Tatuí/SP, do Instituto Agronômico (IAC), na Safrinha de 2017. Em cada local foram conduzidos dois experimentos, um sob condições de irrigação plena e outro sob estresse hídrico. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com 3 repetições e parcelas de duas linhas de 5m. Foram avaliadas as características: florescimento masculino e feminino, altura da planta e da espiga, peso hectolítrico, peso de cem grãos e produtividade de grãos. Após a obtenção dos dados, foi realizada análise de variância conjunta e análise de estabilidade da produtividade pelo método GGEBiplot. Observaram-se efeitos de genótipos e local significativos para todas as características e efeitos significativos da interação genótipos x locais para todos os caracteres, exceto altura de espiga e florescimento masculino. Os ambientes foram contrastantes tanto em Mococa quanto em Tatuí, onde foi induzido o déficit hídrico, garantindo a discriminação dos genótipos. Os caracteres mais afetados pelo déficit hídrico foram florescimento masculino, altura de plantas e espigas e a produtividade de grãos. O híbrido 8 (F_2 BM709 x Pop Tol 2) foi responsivo aos ambientes irrigados e apresenta adaptação aos ambientes sob déficit hídrico, principalmente em Mococa. Os híbridos 21 (F_2 BM709 x POP TOL 3), 19 (F_2 30K75 x POP TOL 3), 8 (F_2 BM709 x Pop Tol 2) e 9 (IAC 46 x PopTol2) apresentaram os maiores desempenhos em termos de produtividade e maior estabilidade. Esses genótipos são considerados ideótipos, por apresentarem elevadas produtividades, plasticidade fenotípica e tolerância à seca.

Agradecimentos: À CAPES, pela Bolsa de Doutorado.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

TOLERÂNCIA DE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS DE MILHO À DOENÇAS FOLIARES COM BASE NA AACPD

***Sidronio Lima da Silva Neto1; Elmar Vornes Junior1; João Pedro Rodrigues de Almeida1; Cristhofer Lechackoski1; Francine Lautenchleger2; Emanuel Gava3; Elida Auxiliadora Peralta Paiva2; Marcos Ventura Faria4.**

[1]Graduando em Agronomia – UNICENTRO, Guarapuava-PR; [2]Doutoranda em Produção Vegetal – UNICENTRO; [3]Mestrando em Produção Vegetal - UNICENTRO; [4]Professor Associado do Departamento de Agronomia – UNICENTRO.

*sidronioneto@gmail.com

Palavras Chave: *Puccinia sorghi; Cercospora zeae-maydis; Stenocarpella; Exserohilum turcicum; Phaeosphaeria maydis.*

A resistência genética é a medida mais efetiva no controle de doenças foliares na cultura do milho, as quais podem causar perdas significativas na produtividade, dependendo do nível de severidade. O objetivo foi avaliar o progresso da severidade de sintomas de doenças foliares em híbridos experimentais de milho, como indicativo de resistência/suscetibilidade. O experimento foi conduzido na safra 2018/2019 no *campus* CEDETEG da UNICENTRO, em Guarapuava-PR. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliados 21 híbridos experimentais, obtidos em cruzamento dialélico balanceado 7x7, considerando apenas F_1s, de linhagens endogâmicas de milho provenientes do programa de melhoramento da UNICENTRO, e três híbridos comerciais testemunhas (AG9025, P30F53 e DKB 290). Cada parcela foi constituída por uma linha de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas, com população equivalente a 72.000 plantas ha^{-1}. A partir do florescimento masculino foram realizadas 5 avaliações com intervalos de sete dias, por três avaliadores, da severidade dos sintomas das doenças foliares, ocorridas naturalmente, empregando a escala diagramática proposta pela Agroceres (1996), considerando todas as plantas de cada parcela. Foi calculada a área abaixo da curva de progresso da ferrugem comum (*Puccinia sorghi*) - AACPF, cercosporiose (*Cercospora zeae-maydis*) - AACPC, mancha de diplodia (*Stenocarpella macrospora*) (AACPMD), mancha de turcicum (*Exserohilum turcicum*) - AACPMT e mancha branca (*Phaeosphaeria maydis*) - AACPMB. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupados pelo teste de Scott Knott a 5%. Houve diferença significativa para as AACPD das doenças avaliadas, indicando a variabilidade entre os genótipos para a tolerância das doenças avaliadas. Para AACPF, 2 híbridos experimentais apresentaram menores médias, sendo superiores as três testemunhas. Para AACPD três híbridos experimentais diferiram das testemunhas (P30F53 e DKB 290), com maior nível de tolerância. Para AACPC 4 híbridos experimentais foram classificados no grupo com maior tolerância, sendo superiores as testemunhas (P30F53 e DKB 290). Já para AACPT 9 híbridos experimentais ficaram classificados no menor grupo juntamente com as três testemunhas. Para AACPMB 10 híbridos experimentais demostraram maior tolerância, superando a testemunha AG9025. De acordo aos resultados dois genótipos (LV3 x LV4 e LV4 x LV7) se destacaram por apresentarem maior tolerância de forma simultânea para três doenças avaliadas, sendo superiores ao menos uma das testemunhas. O primeiro se destacou para as AACPD, AACPC e AACPMB. Já o segundo cruzamento apresentou maior tolerância para AACPC, AACPD e AACPT.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, Fundação Araucária e Grupo de Melhoramento de Plantas da Unicentro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

TOLERÂNCIA DE LINHAGENS DE SOJA À FERRUGEM-ASIÁTICA

Bruna Marques Moreno[1]; Gyanlucca Massaru Martins [1]; André Augusto Stella[1]; Marcos Custodio Nekatschalow[1]; Natal Antonio Vello[1] e José Baldin Pinheiro[1]

[1]Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

*bruna.marques.moreno@usp.br

Palavras-chave: *Glycine max; Phakopsora pachyrhizi*, Tolerância genética.

A ferrugem asiática da soja é uma das principais doenças que afetam o cultivo de soja no país. Na safra 2018/2019, a FRAC identificou da diminuição de sensibilidade aos compostos ativos triazóis e triazolintione dos esporos coletados. Como o cultivo de soja ocupa cerca de 36 milhões de hectares, e o agente causal *Phakopsora pachyrhizi* apresenta altas taxas de mutação, uma alternativa sustentável para ao cultivo de soja é o uso de cultivares tolerantes. O objetivo deste trabalho foi avaliar e identificar as linhagens de soja que apresentam tolerância à ferrugem-asiática da soja em um conjunto de 256 linhagens em $F_{5:8}$ utilizando dois manejos para estimação do efeito ferrugem. O experimento foi conduzido em Piracicaba/SP, com delineamento experimental blocos aumentados de Federer, com dois manejos: um com controle de doenças de final de ciclo e ferrugem (Derosal – manejo 1) e outro apenas o controle de doenças de final de ciclo (Orkestra SC – manejo 2). Cada manejo apresentou duas repetições, a fim de avaliar 256 linhagens e 3 testemunhas em comum, sendo elas IAC-100, BRS 133 e CB 07-958-B. A semeadura foi realizada no início de novembro de 2018, cada parcela experimental apresentou 1 m² útil. Os fungicidas foram aplicados durante o cultivo. Foram avaliados altura da planta na maturidade (APM), número de dias para maturidade (NDM), produtividade de grãos (kg/ha) e massa de cem sementes (MCS), para todas as linhagens e testemunhas. A produtividade média de grãos das linhagens com controle de ferrugem foi de 3.827,47 kg/ha, e das linhagens sem controle da doença foi de 3.255,61 kg/ha. Já os valores médios da massa de cem sementes foram 17,26 g e 13,82 g, respectivamente. As alturas foram de 97 cm e 93 cm. E o ciclo, 136 dias e 127 dias. O efeito ferrugem médio calculado da produção de grãos foi de 571,86 g; para MCS 3,44 g, altura 4 cm, ciclo 8,7 dias. Desta maneira, as melhores linhagens com boa produção e altura adequada para o cultivo são: USP 17-42.101 (5.005,0 Kg/ha, 80 cm), USP 17-42.121 (4.860,0 Kg/ha e 85 cm), USP 17-42.421 (4.615,0 Kg/ha, 81 cm). Já com o ciclo menor e boa produção USP 17-42.111 (4.615 kg/ha e 127 dias). Com ciclo menor e altura adequada, USP 17-42.073 (123 dias e 82 cm), USP 17-42.043 (128 dias e 80 cm) e USP 17-42.223 (127 dias e 84 cm). E, as linhagens mais tolerantes à ferrugem foram USP 17-42.152, USP 17-42.101, USP 17-42.121, USP 17-42.023, USP 17-42.421 e USP 17-42.111.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

UNCOVERING THE GENETIC ARCHITECTURE OF STINK BUG COMPLEX RESISTANCE IN SOYBEAN THROUGH QTL MAPPING

Emanoel Sanches Martins[1*]; Maiara de Oliveira[1]; Diane Simon Rozzetto[1]; Larissa Chamma[2]; Mariana Silva Vianna[1]; José Baldin Pinheiro[1]

[1]"Luiz de Queiroz" College of Agriculture - USP; [2]Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho".

*emanoelmartins@usp.br

Keywords: *Glycine max*; Genetics architecture; Plant breeding

Mitigating the effects of the stink bug on soybean fields has been one of the major bottlenecks for breeding and chemical companies. Nowadays, the development of resistant cultivars, which may complement or even be an alternative to the use of insecticides, appears as a promising strategy to reduce yield losses, as well as mitigate the environmental impact. For quantitative traits as the stink bug resistance, the development of resistant cultivars is a challenging faced by the breeders. Thus, the better comprehension of the genetic architecture of this trait as well as the identification of QTLs underlying the resistance can aid the breeding efforts and assist the selection in the breeding programs. The aim of this project is to identify the QTLs and uncover the genetic architecture of the soybean resistance to the stink bug complex. Therefore data from a mapping population composed of 256 recombinant inbred lines (RILs) derived from the cross between IAC-100 (resistant) and CD-215 (susceptible), was used. The experiment was carried out in Piracicaba in the crop season 2017/2018. The experimental design was an alpha lattice 10x26 with three replicates. We evaluated five traits associated with the resistance to the stink bug complex and to the agronomic performance: graining period (GP), weight of a hundred seeds (WHS), number of days to maturity (NDM), plant height at maturity (PHM), and healthy seeds weight (HSW). The phenotypic data were analyzed through mixed models using the damage of stink bug as a covariate in the model to adjust its natural dispersion in the area. The genotypic data used to construct the linkage map and the QTL analysis was obtained by genotyping-by-sequencing (GBS). Finally, QTL mapping was performed through Composite Interval Mapping (CIM) considering the LOD thresholds of 1000 permutation test and also a LOD score of 3.0 to justify the presence of a QTL. We found 1283 single-nucleotide polymorphisms (SNPs) markers to construct the linkage map and to perform the QTL mapping. A total of 15 QTLs were found to the traits evaluated, being 5 for HSW, 4 for WHS, 2 for GFP, that are traits associated with the resistance to stink bug complex, and 3 for PHM and 1 for NDM. Among the discovered QTLs, 6 had already been observed in a previous study, in an F2:3 population obtained from the same genitors of the RILs. These QTLs were found in linkage groups E and C2 to GFP; E to HSW; E and D2 to WHS and finally C2 to PHM. Thus, these QTL should be investigated as promisor candidates to validation trails. As well, our results provide a better understanding of genetic architecture that underlies the stink bug complex resistance in soybean.

Acknowledgments: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Finance Code 001, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq and also grant 2018/12399-9, São Paulo Research Foundation (FAPESP).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

USO DA SELEÇÃO RECORRENTE NO MELHORAMENTO DE INDUTOR DE HAPLOIDES EM MILHO TROPICAL

Ronaldo Borsato Junior[1]*; José Felipe Gonzaga Sabadin[1]; Giovanni Galli[1]; Raysa Gevartosky[1]; Roberto Fritsche-Neto[1]

[1]Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – Universidade de São Paulo.

*ronaldoborsatojr@usp.br

Palavras-chave: *R-navajo*, expressividade, duplo haploide.

Pesquisas relacionadas com o uso de duplo-haploides (DH) em milho tropical estão atrasadas quando comparadas com milho temperado. A ausência de indutores de haploidia adaptados às condições tropicais e de fácil acesso ao público científico é a principal razão. Esses indutores são capazes de gerar indivíduos haploides, em uma frequência maior do que a natural (0,1%), em progênies nas quais são utilizados como genitores. Além de maiores taxas de indução, é necessário que esses haploides sejam facilmente identificados dentro das progênies. Tradicionalmente, utiliza-se o sistema *R1-nj*, o qual confere coloração arroxeada no endosperma e embrião das sementes que contém uma cópia do alelo marcador. O objetivo desse trabalho foi verificar o uso da seleção recorrente intrapopulacional com testadores externos na obtenção de ganhos na taxa de indução de haploidia e na expressividade do *R1-nj*. Para isso, foi utilizado uma população indutora não melhorada que contém o sistema *R1-nj*. Foi elaborado um esquema de seleção intrapopulacional, em que 50 indivíduos da população indutora foram cruzados com dois híbridos simples (um duro e um dentado), para a avaliação da taxa de indução. Progênies S1 dos indutores avaliados foram obtidas para a recombinação no esquema MI/S1. Foram avaliados a população original (C0) e o primeiro ciclo melhorado (C1), quanto: i) taxa de indução de haploides putativos (TIHp), estimado pela proporção de sementes haploides putativas; ii) expressividade (EXP) do *R1-nj*, por meio da proporção de sementes que apresentaram coloração arroxeada. Após avaliação do C0, os cinco melhores indutores foram levados para a etapa de recombinação para obtenção de C1. Para a seleção dos melhores indutores foi utilizado um índice de seleção que considerava ambos atributos TIHp e EXP ponderados pela importância destes. Como resultados, observou-se para TIHp um ganho de 78,79%, aumentando de 3,16% para 5,65%, no C0 e C1, respectivamente. Já para a EXP, não foi observada variação significativa na média da população devido a seleção. Em relação a herdabilidade, obteve-se valores de 0,66 e 0,00 para TIHp e EXP, respectivamente. Conclui-se que a seleção recorrente é viável para o aumento da taxa de indução de haploides, mas não quanto a EXP, uma vez que tal característica não apresentou variação genética.

Agradecimentos**:** O presente trabalho foi realizado com o apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Cientifico e Tecnológico (CNPq) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) – Código de Financiamento 001.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

USO DE ANÁLISE MULTIVARIADA EM GENÓTIPOS DE MILHO SUBMETIDOS A ADUBAÇÃO NITROGENADA E A INOCULAÇÃO COM *Azospirillum brasilense*

Luiz Eduardo Tilhaqui Bertasello[1]; Naiara Scarabeli Zancanari[2]; Lucélia de Fátima Santos[3]; Gustavo Vitti Môro[4]

[1,2,3] Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV), Jaboticabal/SP. [4]Professor Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas fcav/unesp. *luiz.bertasello@unesp.br; gv.moro@unesp.br

Palavras-chave: Bactéria diazotrófica; componentes principais; *Zea mays* L.

O melhoramento genético em plantas tem buscado constantemente alternativas de maior sustentabilidade econômica e ambiental, como a utilização da inoculação com bactérias do gênero *Azospirillum*. Essas bactérias são capazes de realizar a fixação biológica de nitrogênio e a produção de hormônios vegetais responsáveis pelo crescimento das plantas, podendo contribuir diretamente para a redução de adubação quimica na cultura do milho, onde é demandado grandes quantidades de nitrogênio. Objetivou-se avaliar e caracterizar a performance agronômica de genótipos de milho submetidos a dois fornecimentos de nitrogênio (químico e biológico), utilizando análises multivariadas. O experimento foi conduzido na primeira safra 2018 na FEPE - Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da UNESP em Jaboticabal-SP, utilizando-se 48 genótipos de milho em um delineamento de blocos casualizados em parcelas de 4 linhas com duas repetições, aplicando-se: 1º) 140 kg.ha^{-1} de nitrogênio via ureia em cobertura; 2º) inoculação de *Azospirillum brasilense*, em dose de 600 mL.ha^{-1} via solo. Avaliou-se a produtividade de grãos (t.ha^{-1}), altura de plantas (m), altura de espigas (m), florescimento masculino e feminino (dias), acamamento (%), quebramento (%). Os dados foram submetidos à análise exploratória multivariada pelo método de agrupamento de Ward's e componentes principais, com intuito de identificar características individuais de cada genótipo, formando grupos específicos. Pelo método de Ward's os genótipos foram divididos em quatro grupos, sendo na inoculação com *A. brasilense* o grupo 1 com maiores produtividades, plantas e inserção de espigas mais altas, o grupo 2 com as menores produtividades, florescimentos e altura de plantas baixos e maiores índices de plantas acamadas e quebradas e os grupos 3 e 4 com performance mediana para todas características. Quando utilizado a ureia como fonte de N, o grupo 3 representou os genótipos mais produtivos com plantas e inserção de espigas mais altas, grupo 2 os genótipos menos produtivos, florescimentos tardios e alto índice de plantas acamadas e quebradas e os grupos 1 e 4 formados por genótipos medianos as características analisadas. Na análise por componentes principais, os componentes explicaram 70,67 e 66,54% da variância contida nas variáveis originais para a inoculação com *A. brasilense* e a adubação nitrogenada em cobertura, respectivamente. Exposto em cada *biplot*, a distribuição dos genótipos entre as variáveis é compreensível aos desempenhos fisiológicos distintos entre si, o genótipo 9 foi o que mais se destacou dentro das performances agronômicas avaliadas em ambos fornecimentos de N, além de maior produtividade de grãos quando utilizada a inoculação com a bactéria diazotrófica. Conclui-se, que através de métodos de análise exploratória multivariada é possível caracterizar e selecionar genótipos promissores formando grupos específicos com características desejadas, contribuindo com o avanço de pesquisas em programas de melhoramento.

Agradecimentos: Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - FCAV/UNESP; Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES - Brasil Código de Financiamento 001; Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP e ao Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Milho - NEGEMM.

RESUMOS DOS TRABALHOS DE

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DO NÚMEROS DE SEMENTES EM DIFERENTES CRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR NO INÍCIO DO PROCESSO DE MELHORAMENTO

Henrique Sanches Angeli[1*]; Luiz Gustavo da Mata Borsuk[2]; Hugo Zeni Neto[3]; Fabio Vieira Rodrigues[4].

[1]Universidade Estadual de Maringá – UEM. [2]Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. [3]Professor Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá. [4]Biólogo, RIDESA.

*henriqueangeli12@gmail.com

Palavras-chave: *Saccharum*; poisson; regressão.

A cultura da cana-de-açúcar no Brasil tem grande importância pelo fato de ser a principal responsável pela produção do etanol consumido. A implantação da cultura em locais de produção é por meio de propagação assexuada, mas em questão de melhoramento da espécie é realizada a reprodução sexuada afim de utilizar a segregação genética da espécie e sempre obtendo a melhor combinação de cultivares. O trabalho tem como objetivo contabilizar a quantidade de sementes por unidade de peso, para que possa se estimar quantos indivíduos serão utilizados nas primeiras fases do melhoramento genético da cana-de-açúcar, a germinação em bandejas. Para a contagem das sementes dos cruzamentos estabelecidos foi utilizado uma balança de precisão na casa de 0,001g, no qual não foi retirado a impurezas da amostra afim de simular a realidade a campo na preparação da semeadura em bandejas, retirando sete amostras aleatórias do recipiente e pesando em seguida. Foram utilizados 7 cruzamentos da Rede Interuniversitaria de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA). Os cruzamentos constituem de parte das principais cultivares e clones cultivados no Paraná e em todo o país, sendo como alguns exemplos de destaque as SP80-1842, SP80-3280, RB855511, RB931003, RB036066, RB867515 e RB036091. Com o auxílio do papel milimétrico foi estabelecido a quantidade de sementes em um espaço pré-determinado de 6 mm² e realizada a contagem, para novas contagens foi retirado do recipiente uma nova amostra aleatória, sem retorno da anterior para o recipiente. Por serem dados de contagem os quais dificilmente obedecem a distribuição normal foi usada, portanto, a regressão linear utilizando a família de distribuição de Poisson para essa variável aleatória discreta em cada um dos cruzamentos e também de forma conjunta. Foi usado o software R com o pacote (*hnp*) para verificar o ajuste do modelo de regressão pela análise gráfica dos resíduos versus os quantiles teóricos a 99% de confiança. Os β_0 e β_1 foram todos significativos a 1% pelo teste t, variando de 957 a 1871 indivíduos estimados pelas respectivas regressões individuais, demonstrando assim ampla variabilidade fenotípica dos cruzamentos. Com a análise conjunta chegou-se ao modelo $\hat{Y} = 697.6 + 478.7X$ indicando aos pesquisadores dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar que, em média, a cada 1g de sementes tem-se aproximadamente 1.177 indivíduos para germinar. Com isso pode-se precisar melhor outros testes amplamente utilizados nos programas como porcentagem de germinação e índice e intensidade de seleção nas fases iniciais do programa de melhoramento.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA A SEPTORIOSE EM CONDIÇÕES DE CAMPO

Márcio de Carvalho Pires[1*]; Thiago Campos de Oliveira[2]; Michelle Souza Vilela[3]; Ricardo Carmona[4]; José Ricardo Peixoto[5]; Daiane da Silva Nogueira[6]; Hyan Phelipe Ramirez Canales[7]; João Victor Meazza de Ávila[8]

[1,2,3,4,5,6,7,8]Universidade de Brasília-UnB.

*mcpires@unb.br

Palavras-chave: *Passiflora edulis Sims*; melhoramento; fitossanidade.

Muitos fatores contribuem para a redução da produtividade e longevidade dos pomares de maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims), especialmente a ocorrência de doenças de origem fúngica, como a septoriose (*Septoria passiflorae*). Assim sendo, o desenvolvimento de cultivares resistentes é de fundamental importância para o controle dessas doenças. O objetivo deste estudo foi avaliar a resistência de genótipos de maracujazeiro azedo, cultivados em campo aberto e sem o uso de agrotóxicos, a septoriose causada por *Septoria passiflorae.* O experimento foi instalado no campo da Fazenda Água Limpa (FAL), pertencente a Universidade de Brasília (UnB), em 2015, utilizando o delineamento de blocos casualizados, com 4 repetições e seis plantas por parcela, em arranjo de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas por 4 épocas de avaliação e as subparcelas por 32 genótipos. Não foi efetuado o controle fitossanitário de doenças e pragas. As práticas culturais foram feitas com o uso da irrigação por gotejamento, adubação por fertirrigação e controle das plantas daninhas com roçadeira, nas entrelinhas, e controle manual na linha. As colheitas foram feitas semanalmente, à partir do sexto mês e prolongando até finalizar o segundo ano. As avaliações de incidência e severidade da doença foram feitas mensalmente e estendendo por 4 meses, durante o período chuvoso. Foram utilizados 10 frutos por parcela, escolhidos aleatoriamente. A avaliação de resistência foi baseada na severidade da doença e foi feita utilizando escala diagramática, onde a nota 1 foi atribuída aos frutos sem sintoma de doenças; a nota 2 foi atribuída aos frutos com até 10% dos frutos cobertos por lesões; a nota 3 foi atribuída aos frutos com 10,01 % até 30,00% dos frutos cobertos por lesões; a nota 4 foi atribuída aos frutos com mais 30,00% dos frutos cobertos por lesões. Foram avaliados 32 genótipos, entre híbridos e materiais de polinização aberta. Todos os genótipos foram considerados moderadamente resistentes (nota maior que 1 e menor ou igual a 2), demonstrando potencial para serem utilizados em cruzamentos e seleções dentro de programas de melhoramento genético. Dessa forma, todos os genótipos foram selecionados para o programa de melhoramento genético do maracujazeiro.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de auxílio financeiro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MARACUJAZEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA A VERRUGOSE EM CONDIÇÕES DE CAMPO

Ricardo Carmona[1*]; Thiago Campos de Oliveira[2]; Michelle Souza Vilela[3]; Márcio de Carvalho Pires[4]; José Ricardo Peixoto[5]; Daiane da Silva Nogueira[6]; Karine dos Santos Taveira[7]; Natália Lourenço Rezende[8]

[1,2,3,4,6,7,8]Universidade de Brasília.

*rcarmona@unb.br.

Palavras-chave: *Passiflora edulis*, melhoramento, doença fúngica

A produtividade e longevidade do maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) têm sido drasticamente reduzidas devido a doenças como a verrugose (*Cladosporium maracuja*), entre outras. Desta forma, o desenvolvimento de variedades resistentes é considerado uma estratégia promissora para o controle dessas doenças. O objetivo deste estudo foi avaliar a resistência de genótipos de maracujazeiro azedo, cultivados em campo aberto e sem o uso de agrotóxicos, a verrugose causada por *Cladosporium maracuja*. O experimento foi instalado no campo da Fazenda Água Limpa (FAL), pertencente a Universidade de Brasília (UnB) em 2016 utilizando o delineamento de blocos casualizados, com 4 repetições e seis plantas por parcela, em arranjo de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas por 4 épocas de avaliação e as subparcelas por 32 genótipos. Não foi efetuado o controle fitossanitário de doenças e pragas. As práticas culturais foram feitas com o uso da irrigação por gotejamento, adubação por fertirrigação e controle das plantas daninhas com roçadeira, nas entrelinhas, e controle manual na linha. As colheitas foram feitas semanalmente, à partir do sexto mês e estendendo até finalizar o segundo ano. As avaliações de incidência e severidade da doença foram feitas mensalmente e estendendo por 4 meses, durante o período chuvoso. Foram utilizados 10 frutos por parcela, escolhidos aleatoriamente, baseando em escala diagramática. A avaliação de resistência foi baseada na severidade da doença e foi feita utilizando escala diagramática, onde a nota 1 foi atribuída aos frutos sem sintoma de doenças (sem verrugas); a nota 2 foi atribuída aos frutos com 1 até 5 verrugas; a nota 3 foi atribuída aos frutos com 6 a 10 verrugas; a nota 4 foi atribuída aos frutos com mais de 10 verrugas. O genótipo AR2R4 foi considerado suscetível (nota 3), enquanto os demais genótipos, híbridos e materiais de polinização aberta, foram considerados moderadamente resistentes (nota 2), demonstrando potencial para serem utilizados em cruzamentos e seleções dentro de programas de melhoramento genético. Os genótipos moderadamente resistentes foram selecionados para o programa de melhoramento genético do maracujazeiro.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de auxílio financeiro.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DO NÚMEROS DE SEMENTES EM DIFERENTES CRUZAMENTOS DE CANA-DE-AÇÚCAR NO INÍCIO DO PROCESSO DE MELHORAMENTO

Henrique Sanches Angeli[1*]; Luiz Gustavo da Mata Borsuk[2]; Hugo Zeni Neto[3]; Fabio Vieira Rodrigues[4].

[1]Universidade Estadual de Maringá – UEM. [2]Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Estadual de Maringá. [3]Professor Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá. [4]Biólogo, RIDESA.

*henriqueangeli12@gmail.com

Palavras-chave: *Saccharum*; poisson; regressão.

A cultura da cana-de-açúcar no Brasil tem grande importância pelo fato de ser a principal responsável pela produção do etanol consumido. A implantação da cultura em locais de produção é por meio de propagação assexuada, mas em questão de melhoramento da espécie é realizada a reprodução sexuada afim de utilizar a segregação genética da espécie e sempre obtendo a melhor combinação de cultivares. O trabalho tem como objetivo contabilizar a quantidade de sementes por unidade de peso, para que possa se estimar quantos indivíduos serão utilizados nas primeiras fases do melhoramento genético da cana-de-açúcar, a germinação em bandejas. Para a contagem das sementes dos cruzamentos estabelecidos foi utilizado uma balança de precisão na casa de 0,001g, no qual não foi retirado a impurezas da amostra afim de simular a realidade a campo na preparação da semeadura em bandejas, retirando sete amostras aleatórias do recipiente e pesando em seguida. Foram utilizados 7 cruzamentos da Rede Interuniversitaria de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA). Os cruzamentos constituem de parte das principais cultivares e clones cultivados no Paraná e em todo o país, sendo como alguns exemplos de destaque as SP80-1842, SP80-3280, RB855511, RB931003, RB036066, RB867515 e RB036091. Com o auxílio do papel milimétrico foi estabelecido a quantidade de sementes em um espaço pré-determinado de 6 mm² e realizada a contagem, para novas contagens foi retirado do recipiente uma nova amostra aleatória, sem retorno da anterior para o recipiente. Por serem dados de contagem os quais dificilmente obedecem a distribuição normal foi usada, portanto, a regressão linear utilizando a família de distribuição de Poisson para essa variável aleatória discreta em cada um dos cruzamentos e também de forma conjunta. Foi usado o software R com o pacote (*hnp*) para verificar o ajuste do modelo de regressão pela análise gráfica dos resíduos versus os quantiles teóricos a 99% de confiança. Os β_0 e β_1 foram todos significativos a 1% pelo teste t, variando de 957 a 1871 indivíduos estimados pelas respectivas regressões individuais, demonstrando assim ampla variabilidade fenotípica dos cruzamentos. Com a análise conjunta chegou-se ao modelo $\hat{Y} = 697.6 + 478.7X$ indicando aos pesquisadores dos programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar que, em média, a cada 1g de sementes tem-se aproximadamente 1.177 indivíduos para germinar. Com isso pode-se precisar melhor outros testes amplamente utilizados nos programas como porcentagem de germinação e índice e intensidade de seleção nas fases iniciais do programa de melhoramento.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa, instituições de ensino etc (opcional).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DO SUCESSO REPRODUTIVO DE CRUZAMENTOS DIRIGIDOS E AUTOFECUNDAÇÕES EM MACAÚBA (*Acrocomia aculeata*)

Luiz Henrique Chorfi Berton[1, 2]*; Joaquim A. Azevedo Filho[2]; Cássia R. Limonta Carvalho[2]; Fábio Dias Carvalho[2]; Gabriel de Camargo Alves[2]; Carlos A. Colombo[2]

[1]Acros – Palm Tree Sustainability. [2]Instituto Agronômico de Campinas, Centro de Recursos Genéticos Vegetais.

*acros.macauba@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento genético; planta nativa; polinização.

Palmeira nativa de maior dispersão no território nacional, a macaúba é apontada como importante espécie oleaginosa, com valor estimado de produção semelhante ao do dendê, da ordem de 4 a 5 mil kg de óleo.ha^{-1}. A espécie vem sendo pesquisada há dez anos pelo Instituto Agronômico de Campinas tendo, entre os seus objetivos, a criação de cultivares comerciais a partir de cruzamentos dirigidos. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o sucesso reprodutivo derivado de cruzamentos dirigidos e autofecundações em comparação à polinização aberta. Foram utilizados seis genótipos como parentais femininos (de uma única população) e pólen de 12 parentais masculinos oriundos de Luz (MG), Patos de Minas (MG), Dourado (SP), Pedreira (SP) e Santo Antônio de Posse (SP), além de autofecundações. Os cachos polinizados foram monitorados mensalmente até o início da abscisão natural dos frutos. Nesse momento, esses cachos, além de um cacho de polinização aberta de cada parental feminino, foram coletados e realizada a contagem do número de frutos, de ráquilas e de cicatrizes de flores femininas e calculado a porcentagem de pegamento de frutos por cacho. As diferenças entre os tratamentos foram determinadas por teste de médias Scott-Knott 5% (Genes). No cruzamento envolvendo o parental feminino 1, a maior taxa de pegamento de frutos foi observada com polinização aberta (93%), seguido pelo cruzamento dirigido com o parental masculino de Dourado (65%). Nesta mesma planta também foi obtido alto índice de autofecundação (45%). O parental feminino 2 produziu baixa taxa de pegamento de frutos nos dois cruzamentos realizados com parentais masculinos dos municípios de Patos de Minas (1%) e Dourado (6%). Nos cruzamentos envolvendo o parental feminino 3 observou-se que o cruzamento com o parental masculino de Pedreira foi mais eficiente que o próprio sistema de polinização aberta, com pegamento de frutos da ordem de 68% contra 17% para polinizacao aberta. No caso do parental feminino 4, o cruzamento dirigido envolvendo o parental de Dourado produziu semelhante taxa de pegamento de frutos que a polinização aberta, da ordem de 61%. O parental feminino 5 foi cruzado apenas com parentais de Luz e Patos de Minas, tendo apresentado os menores índices de pegamento de frutos, inferiores a 33%. No geral, a porcentagem média de pegamento de frutos não diferiu estatisticamente entre os três sistemas de cruzamentos. Foi observado uma associação inversa entre a taxa de pegamento de frutos e a distância geográfica dos parentais dos cruzamentos, sendo o sucesso de pegamento em média menor quanto maior a distância dos parentais do cruzamento (Patos de Minas (9%); Luz (24%); Dourado (49%) e Pedreira (62%). Em conclusão, nossos dados revelam ser possível obter alta taxa de pegamento de frutos a partir de cruzamentos dirigidos, assim como a partir de autofecundações, e sugerem não haver autoincompatibilidade na espécie.

Agradecimentos: À FAPESP pelo Auxílio à Pesquisa ao primeiro autor, Processo PIPE - 2017/16784-1. Ao Instituto Agronômico de Campinas

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Avaliações fisiológicas e capacidade de sobrevivência de clones comerciais de *Eucalyptus* submetidos a déficit hídrico progressivo em casa de vegetação

Robson Luis Silva de Medeiros[1]; Marcio José de Araújo[1]; William de Medeiros Silva[1]; João Vitor Oliveira de Souza[1], João Pedro Peixoto Fernandes[1]; Bruna Zanatto[1]; Patrícia Cândido da Cruz Silva[1]; Rinaldo Cesar de Paula[1]

[1]UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal.

*robsonluissm@hotmail.com

Palavras-chave: fatores abióticos; melhoramento genético; déficit hídrico.

O déficit hídrico é o fator abiótico mais limitante da produtividade florestal e, no Brasil, tem comprometido a adaptação de genótipos de eucalipto aos locais de plantio. O objetivo desse trabalho foi avaliar a capacidade de sobrevivência de genótipos de eucalipto e verificar as possíveis implicações da restrição hídrica no estabelecimento inicial de genótipos após o plantio. Foram avaliados seis genótipos de *Eucalyptus* propagados por miniestaquia (C1 – *E. saligna*, C2 – *E. benthamii,* C3 – *E. grandis* x *E. camaldulensis*, C4 – *E. urophylla* x *E. brassiana*, C5 – *E. urophylla* x sp e C6 – *E. urophylla* x *E. grandis*), cultivados em vasos preenchidos com 20 litros de um solo argiloso devidamente corrigido e adubado, em delineamento de blocos casualizados com 20 repetições, em casa de vegetação. Os genótipos foram submetidos à restrição hídrica progressiva por suspensão da irrigação até mortalidade total das mudas, avaliando-se nesse período a sobrevivência e a taxa fotossintética (assimilação líquida de CO_2 – *A*) e condutância estomática (*gs*), à medida que o estresse hídrico se acentuava. Ao todo foram realizadas quatro avaliações de *A* e *gs*. Os dados foram submetidos à análise de variância e comparação de médias pelo teste de Tukey. Houve diferenças na assimilação líquida de CO_2 e na condutância estomática entre os genótipos. Os clones C1, C3, C4 e C5 apresentaram taxas fotossintéticas semelhantes e superiores às dos genótipos C6 e C2. Observou-se padrão semelhante de condutância estomática (*gs*) entre os genótipos, com os clones C6 e C2 apresentando os menores valores de *gs*. Os clones C1, C3, C4 e C5, apresentaram e mantiveram elevados valores de *A* nas quatro avaliações, os genótipos C6 e C2 apresentaram os menores valores na primeira e na última avaliação. Apesar dos genótipos C6 e C2 apresentarem os menores valores de *A* já na primeira avaliação, o C6 apresentou a maior capacidade de sobrevivência e C2 a menor, o que demonstra diferentes estratégicas fisiológicas. Assim, C2 manteve altas taxas de *A* e *gs* enquanto houve disponibilidade hídrica no solo e reduziu drasticamente essas características quando o solo secou, por isso é caracterizado como de alta eficiência hidráulica e não tolerante ao déficit hídrico, inversamente à caracterização de C6. O clone C4 manteve *A* e *gs* altas e constantes e foi o segundo a tolerar por mais tempo o déficit hídrico. No campo este clone é caracterizado com tendo crescimento lento e tolerante ao déficit hídrico, o que pode estar relacionado com acúmulo de carbono para ser utilizado durante a seca em detrimento da produção de madeira. Portanto, o clone C6 é o menos adaptado e não recomendado para plantio em ambientes com déficit hídrico prolongado e, nessa condição, os clones C2 e C4 são os mais indicados.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM CAPIM-ELEFANTE POR MEIO DE DIALELO CIRCULANTE PARA PRODUÇÃO DE BIOMASSA-ENERGÉTICA

Ana Kesia Faria Vidal[1], Rogério Figueiredo Daher[1*], Erina Vitório Rodrigues[2], Rafael Souza Freitas[1], Wanessa Francesconi Stida[1], Raiane Mariani Santos[1], Maxwel Rodrigues Nascimento[1], Cleudiane Lopes Leite[1], Larissa Jaína da Silva de Oliveira[1], Alexandre Gomes de Souza[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF). [2]Universidade de Brasilia (UnB)

*rogdaher@uenf.br

Palavras-chave: *Cenchrus purpureus (Schumach.) Morrone.*; bioenergia; melhoramento genético.

O estudo das características produtivas em capim-elefante é de grande importância para o sucesso dos programas de melhoramento com o objetivo de aumentar a produtividade da cultura. Sendo a hibridação considerada uma das melhores estratégias de se obter indivíduos superiores. Assim sendo, a seleção de genitores constitui uma das etapas mais importantes nos programas de melhoramento. Uma técnica que auxilia na escolha dos genitores, levando em consideração a capacidade de se combinarem em híbridos que produzam populações segregantes promissoras, é a análise dialélica. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi gerar informações sobre a capacidade combinatória de dez genitores de capim-elefante, em esquema de dialelo circulante em quatro cortes de avaliação, para utilização em programas de melhoramento da espécie. Realizou-se cruzamentos no delineamento genético dialelo circulante, entre dez genótipos de capim-elefante (Cubano Pinda, Vrukwona, IAC-Campinas, Capim Cana D'África, Cameroon, CPAC, IJ 7139, União, Guaçu/I.Z.2, Cuba-115). Para avaliação dos híbridos, instalou-se um experimento em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. A parcela constituiu-se por uma linha de 14 m com espaçamento de 1,40 m entre linhas e 1,40 m entre plantas, a área útil foi composta pelas cinco plantas centrais. Foi avaliada a produção de matéria seca da planta. Para analisar os resultados, foram utilizados os recursos computacionais do Programa GENES. Para ambos os cortes, a característica PMS expressou valores significativos para os genótipos, indicando que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A presença de efeitos significativos para a CGC para as características avaliadas indica que os genitores diferiram entre si na frequência de alelos favoráveis, possuindo genitores mais promissores que outros para a produção de híbridos superiores. Os genitores G4 (Capim Cana D'África), G5 (Cameroon), G6 (CPAC), G7 (IJ 7139) e G9 (Guaçu/I.Z.2) contiveram os maiores valores de capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i$,) denotando que contribuirão para elevar a produção de matéria seca da cultura em programas de melhoramento. Com relação a capacidade específica de combinação, a significância dos quadrados médios para a CEC indica a presença de efeitos gênicos não aditivos envolvidos no controle dessa característica, sendo os híbridos H7 (IAC-Campinas x IJ 7139), H11 (Capim Cana D'África x Guaçu/I.Z.2) e H14 (Cameroon x Cuba-115) os que apresentaram valores positivos para o efeito $\hat{s}_{ii}$ em todos os quatro cortes de avaliação, e pelo menos um dos seus genitores apresentam valores positivos para CGC, sendo, portanto, indivíduos potenciais para utilização visando à produção de biomassa-energética.

Agradecimentos: À CAPES - Agência Federal Brasileira de Apoio e Avaliação da Educação de Pós-Graduação do Ministério da Educação do Brasil; FAPERJ - Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro; PESAGRO-Rio - Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro, UENF - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e CNPq - Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CAPACIDADE ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO DE LINHAGENS F4 DE *Carica papaya* L. PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS A QUALIDADE DOS FRUTOS

Daniel Pereira Miranda[1], Helaine Christine Cancela Ramos[1], Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1], Renato Santa Catarina[1], Josefa Grasiela Silva Santana[1], Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[1], Alinne Oliveira Nunes Azevedo[1], Adriana Azevedo Vimercati Pirovani[1], Messias Gonzaga Pereira[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*Daniel.p.miranda08@gmail.com.

Palavras-chave: Melhoramento; *Topcross*; Híbridos.

No melhoramento do mamoeiro (*C. papaya*) é possível explorar a endogamia através de sucessivas gerações de autofecundações ou mesmo a heterose via cruzamentos entre linhagens, pois trata-se de uma espécie hermafrodita com uma pequena taxa de alogamia facultativa, também apresentam plantas monoicas e dioicas. Uma das formas de obtenção de híbridos é por meio da metodologia de *topcross*, podendo-se utilizar um único testador em cruzamento com várias linhagens. Desta forma, objetivou-se analisar combinações híbridas de um delineamento em *topcross* com base na capacidade específica de combinação (CEC) de linhagens F_4 com o testador SS-72/12. O experimento consistiu em um látice 13x13, com 169 tratamentos constituídos de 97 linhagens, 62 híbridos,10 testemunhas, 5 repetições por tratamento e 2 plantas por parcela. As variáveis analisadas foram o peso médio do fruto (PMF), firmeza do fruto(FF), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis (TSS), comprimento da cavidade ovariana (CCO), diâmetro da capacidade ovariana (DCO), espessura da polpa (EP), comprimento do fruto (CF), diâmetro do fruto (DF), volume da cavidade ovariana (VCO), volume do fruto (VF) e volume da polpa (VP). Os frutos foram divididos em intermediários ao grupo Solo e Formosa quando o peso variava de 700 a 996g e em padrão Formosa quando eram superiores a 1000g. Não houve frutos do padrão Solo. Com base nos resultados da CEC, é notável a dificuldade de obtenção de combinações híbridas com todas as características principais de qualidade do fruto em um mesmo híbrido, tais como PMF, FF, FP, TSS e VP, pois muitos dos híbridos demonstraram CEC positiva para FF, FP e PMF, mas, negativas para TSS e VP. Teor de sólidos solúveis é negativamente correlacionada com FF e FP, dificultando a obtenção de genótipos superiores com médias altas para essas 3 características. Para variáveis CCO, DCO e VCO as CEC negativas são preferíveis, pois o VP aumenta com a redução destas. Entretanto, com a redução do VCO tem-se uma redução no número de sementes, dificultando a continuidade do programa de melhoramento, devendo-se analisar cuidadosamente estas características ao selecionar as melhores combinações híbridas. Assim, 8 combinações híbridas foram selecionadas por apresentarem CEC positiva para as principais características de qualidade do fruto, sendo elas as combinações intermediárias ao grupo Solo e Formosa definidas como SS-72/12 X UCLA08-33, SS-72/12 X UCLA08-60, , SS-72/12 X UCLA08-87, SS-72/12 X UCLA08-88 e as combinações pertencentes ao grupo Formosa denominadas como SS-72/12 X UCLA08-05, SS-72/12 X UCLA08-28, SS-72/12 X UCLA08-80, SS-72/12 X UCLA08-122.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES). Agradecemos à UENF, FAPERJ, CNPq e a Caliman Agrícola S/A, pelo suporte financeiro e pela infraestrutura para a realização do presente trabalho.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CONTROLE GENÉTICO DOS CARACTERES DE CRESCIMENTO E QUALIDADE DA MADEIRA DE *Pinus tecunumanii*

Matheus Perek[1]; Dr. Fabricio Antônio Bienarski[2]; Michele Moro[3]; Mateus Chagas Andrade[4]; João Gabriel Zanon Paludeto[5]; Wevertton Gavlik dos Santos[6]; Dr. Evandro Vagner Tambarussi[7]

1Universidade Estadual do Centro-Oeste - UNICENTRO. 2Klabin S.A.

1matheus.perek08@gmail.com.

Palavras-chave: *Resistograph; herdabilidade; genética quantitativa*

O gênero *Pinus* spp pertence à família Pinaceae e é composto por 111 espécies, sendo originárias do hemisfério norte. A maior parte dos programas de melhoramento visam aumentar o ganho genético para caracteres de crescimento e aumento da produtividade. Poucos, no entanto, tem levado em consideração aspectos de qualidade da madeira como forma do fuste e densidade básica. Portanto o objetivo deste estudo foi determinar a variação genética em progênies de polinização aberta de um pomar de sementes por mudas de *Pinus tecunumanii* F.Schwerdtf. ex Eguiluz & J.P.Perry, para identificação de famílias superiores para um programa de melhoramento da espécie, com base nos parâmetros genéticos. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com 75 progênies em parcelas de uma planta com 20 repetições, o experimento foi avaliado aos 5 anos de idade mensurando os caracteres de volume (*VOL*), forma do fuste (*FF*) e resistência a perfuração da madeira (*RES*). Para *FF*, notas entre 1 a 4 foram usadas para a classificação. A resistência a perfuração da madeira foi obtida utilizando o aparelho resistógrafo *IML Resistograph®*. Para a análise estatística dos dados utilizou-se a função *lmer* do pacote estatístico *lme4*, por meio do ambiente estatístico *R*, e os parâmetros genéticos estimados foram coeficiente de variação genética (CV_g) e experimental (CV_e) respectivamente, os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito $(\hat{h}_a^2)$ e a acurácia de seleção (Ac). Os valores genéticos dos indivíduos foram obtidos pela melhor predição linear não viesada (*BLUP*), após a obtenção dos *BLUPs*, foi elaborado um índice de seleção, para realizar o ordenamento dos materiais genéticos superiores baseados em todos os caracteres avaliados. Para *VOL* o valor de $\hat{h}_a^2$ foi de 0,636 e para *RES* de 0,580 e à *FF* foi de 0,379, o CV_g variou de 5,8 % para (*RES*), 16,9 % (*VOL*) e 18,2 % (*FF*), essas magnitudes de $\hat{h}_a^2$ e CV_g são bons indicativos para o progresso genético da espécie. Os valores de $\hat{A}$ variaram de 0,71 (*FF*) a 0,80 (*VOL*) indicando alta precisão na variação genética verdadeira a partir da variação fenotípica. Os materiais genéticos superiores foram selecionados com base no ordenamento dos *BLUP*s utilizando o índice de seleção. Afim de formar o pomar de sementes por mudas (PSM), foi realizado o desbaste dos indivíduos inferiores, assim foi calculado o progresso genético da população remanescente para cada caractere: *VOL* (12,62%), *RES* (1,40%) e *FF* (22,4%). A utilização do equipamento resistógrafo se demonstrou rápida e eficaz, trazendo informações relevantes sobre toda a população testada, juntamente com a avaliação de *FF*. O índice de seleção abastecido dessas informações determinou a seleção dos melhores materiais genéticos, aprimorando o programa de melhoramento genético da espécie formando um PSM.

Agradecimentos: Agradeço a CAPES pelo financiamento da bolsa de pesquisa e à Klabin por ceder o material genético e me incentivar nesta pesquisa.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CORRELAÇÃO GENÉTICA E HERDABILIDADE PARA VOLUME E RESISTÊNCIA DA MADEIRA À PERFURAÇÃO COM RESISTÓGRAFO EM *Pinus taeda*

Fabrício Antônio Biernaski[1*]; Wagner de Oliveira Pinto Costa[1]; Everton Zanlorenzi[1]; Letícia Miranda[1]

[1]KLABIN S.A, Pesquisa Florestal.

*fbiernaski@klabin.com.br

Palavras-chave: densidade básica da madeira; melhoramento genético.

Dentre os gêneros de árvores utilizados em plantios para produção de madeira, o pinus representa a segunda maior área plantada no Brasil, sendo que *Pinus taeda* é a espécie mais plantada. A produção volumétrica de madeira e a densidade básica da madeira estão entre as características mais importantes para a maioria das indústrias. O presente estudo teve como objetivo estimar, em *Pinus taeda*, a correlação genética e a herdabilidade para as características volume individual da árvore e resistência da madeira à perfuração com o equipamento resistógrafo (que possui correlação positiva com a densidade básica da madeira). Dois testes de progênies foram implantados em um talhão florestal em Otacílio Costa, Santa Catarina, no ano de 2013, com densidade de plantio de 1667 árvores por hectare, contendo 180 progênies de polinização aberta de *Pinus taeda* em cada experimento, sendo que 22 progênies foram repetidas, para servirem de conectores entre os testes. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso com uma planta por parcela e 20 repetições. Aos cinco anos de idade foi realizada a mensuração de diâmetro a altura do peito e altura de todas as árvores, assim como efetuada a coleta de dados de resistência da madeira à perfuração de cada árvore, na altura de 1,30 m, com o equipamento resistógrafo IMLPD400. Calculou-se o volume individual das árvores e os dados de resistência à perfuração foram processados no software R, para obtenção da resistência média individual para cada árvore, eliminando o efeito da casca e da da fricção da broca ao longo do tronco. Em seguida os dados foram processados no software SELEGEN, utilizando os modelos 22 e 102. A herdabilidade individual no sentido restrito (efeitos aditivos) foi de 0,58 para o volume individual e 0,53 para a resistência da madeira à perfuração, evidenciando alto controle genético destas características na população estudada. A correlação genética entre volume e resistência da madeira à perfuração foi de -0,32, indicando uma leve tendência de materiais genéticos com maior volume apresentarem menor resistência à perfuração. Como a resistência à perfuração é uma variável correlacionada positivamente com a densidade básica da madeira, estes resultados evidenciam a importância da avaliação da densidade básica da madeira nos programas de melhoramento genético de *Pinus taeda*, seja por metodologias diretas ou indiretas, para possibilitar a obtenção de ganhos genéticos em volume e densidade básica, simultaneamente.

Agradecimentos: Agradecemos à KLABIN S.A. pela oportunidade de realização do presente trabalho.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM MUDAS DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE MACAÚBA (*Acrocomia aculeata* Jacq. Lodd EX Mart.)

Carlos Augusto Colombo[1*]; Elivelton Alves Lustri[2]; Walter José Siqueira[1], Joaquim Adelino de Azevedo[3], Luiz Henrique Chorfi Berton[4]

[1]Instituto Agronômico de Campinas. [2]Curso de Pós-graduação em Agricultura Tropical e Subtropical, Instituto Agronômico de Campinas, [3]APTA-Polo Regional Leste Paulista - Monte Alegre do Sul, [4]Acros – Macauba Palm Sustainability[1]

*iac.colombo@gmail.com

Palavras-chave: Domesticação, Arecaceae, Seleção precoce, Melhoramento genético, óleo vegetal.

A macaúba é uma palmeira nativa das Américas que tem se mostrado muito promissora por produzir quantidade semelhante de óleo por unidade de área que o dendê, com a vantagem de poder ser cultivada em toda a região centro-sul, enquanto que o dendê encontra-se limitado às latitudes +10 e -10 do equador. A espécie apresenta grau de domesticação insipiente e o IAC iniciou atividades de pesquisa de seleção e avaliação de progênies para recombinação e avanço de gerações. A detecção de correlações entre características de interesse agronômico tem particular interesse para direcionar a seleção e aumentar o ganho genético. Assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar correlações fenotípicas em mudas em fase de viveiro de progênies de polinização aberta de matrizes de maciços naturais dos municípios dos estados de São Paulo (Santo Antônio de Posse e Itapira) e Minas Gerais (Patos de Minas e Luz). As sementes germinadas foram transplantadas para tubetes de 180 mL contendo substrato Biolplant® e mantidas em casa de vegetação. O delineamento foi de blocos ao acaso com duas repetições e as parcelas contendo de 7 a 20 plantas. Após 90 dias do plantio foram tomados dados das variáveis: coloração do estipe, densidade de espinhos das faces abaxial e adaxial foliar, densidade de espinho total, no momento de abertura foliar, arquitetura ereta ou prostrada, número de folhas, comprimento e largura foliar, altura do estipe, diâmetro do estipe na base da planta, diâmetro do estipe face 1 e diâmetro do estipe face 2 e ocorrência de doenças. As correlações fenotípicas (Person) foram calculadas no programa Genes e valores de alta magnitude foram obtidos entre as variáveis diâmetro do estipe face 1 e diâmetro do estipe face 2 (r = 0,82); diâmetro do estipe face 1 e altura do estipe (91%); diâmetro do estipe face 2 e diâmetro do estipe na base da planta (88%), comprimento e largura da folha (r = 0,92); densidade de espinho adaxial com densidade de espinho total (r = 0,76). Correlações de magnitude considerada moderada foram encontradas entre as variáveis comprimento do estipe com comprimento da primeira folha (r = 0,60); altura do estipe e largura da primeira folha (r=0,50). Embora ainda na fase de plântulas, os dados de correlações obtidos são inéditos para a espécie. Correlações de alta magnitude entre duas características botânicas de interesse têm interesse aplicado na medida em dados podem ser obtidos de apenas uma delas. No nosso caso, apenas 5 das13 características analisadas seriam suficientes para capturar a variação desejada. As plântulas do estudo foram levadas a campo e, futuramente, dados de correlação genética de características de plantas juvenis com plantas adultas e em produção poderão ser extremamente úteis para seleção precoce na espécie.

Agradecimentos: À FAPESP pelo apoio financeiro no desenvolvimento da pesquisa e bolsa do autor LHCB e à CAPES pela bolsa ao autor EAL.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE MARACUJAZEIRO NO NORDESTE DE GOIÁS

Eliamar Rodrigues da Silva[1], Jamine Ciqueira da Paz[1], Mateus Gomes de França Sabath[1] Weliton Ferreira dos Santos[1], Thiago Souza Campos[2], Jôsie Cloviane de Oliveira Freitas[1]

[1]Universidade Estadual de Goiás *Campus* Posse. [2]Pós-Graduação em Produção Vegetal da Universidade Estadual de Goiás *campus* Ipameri.

*thiagocamposagr@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento vegetal; Introdução de cultivar; fruticultura.

Uma alternativa para agregar renda aos pequenos agricultores da região do nordeste goiano é o cultivo do maracujazeiro, entretanto não existe cultivares comerciais as quais tenham sido testadas e recomendadas para esta região. Sabe – se que o Brasil é um país com uma ampla diversidade edafoclimática, e uma vez que, existe interação entre o genótipo e o ambiente, é esperado que um determinado genótipo não apresente o mesmo desempenho quando cultivado em diferentes ambientes. O trabalho teve o objetivo de avaliar o desempenho agronômico de três cultivares comerciais desenvolvidas pela EMBRAPA e uma cultivar cuja semente é vendida nas casas de produtos agrícolas da região. O experimento foi conduzido em blocos casualizados com três repetições e quatro tratamentos (cultivares). As cultivares avaliadas foram: BRS Rubi do Cerrado, BRS Gigante Amarelo, BRS Mel do Cerrado e Redondo Amarelo. As variáveis analisadas foram: Comprimento do fruto (CF), diâmetro do fruto (DF), espessura da casca do fruto (EC), peso do fruto (PF), peso da polpa (PP) número de frutos (NF) e produtividade total (PT). Os dados foram submetidos a ANOVA. Verificou-se que não houve diferenças significativas ($p<0,5$) para todas as variáveis relacionadas ao fruto e a produtividade, exceto para espessura da casca do fruto (EC). A cultivar 'Redondo Amarelo' apresentou uma maior espessura de casca de fruto ($p >0,05$) , quando comparada com as cultivares 'BRS Mel do Cerrado' e 'BRS Rubi do Cerrado', as quais não se diferiram significativamente. Em relação às características do fruto relacionadas a produtividade e a produtividade total, qualquer uma das três cultivares avaliadas poderão ser indicadas para o plantio no Nordeste Goiano, pois não houve diferenças entre elas. Entretanto, a 'BRS Mel do Cerrado' por ser doce, é recomendado para o consumo *inatura* e não quando a finalidade é a produção de suco.

Agradecimentos: EMBRAPA Cerrados, Dr. Nilton Tadeu Vilela Junqueira.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS RC2 DE MARACUJAZEIRO COM BASE EM DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS DOS FRUTOS E NA RESISTÊNCIA AO CABMV

Ravena Ferreira Vidal; Deurimar Herênio Gonçalves Junior; Bruno Dias Amaral; Débora Souza Mendes; Lucas Souza da Silva Leal; Natan Ramos Cavalcante; Sandra da Costa Preisigke; Pedro Henrique Araújo Diniz Santos; Eileen Azevedo Santos; Alexandre Pio Viana

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/UENF. Av. Alberto Lamego, 2000, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

ravenavidal@gmail.com

Palavras-chave: Diversidade genética; qualidade de fruto; virose.

O gênero *Passiflora* está disperso por todo território nacional colocando o Brasil como um dos centros de diversidade genética dessa espécie. Essa variabilidade é fundamental, pois permite realizar cruzamentos entre genótipos geneticamente distintos para incorporação de genes desejáveis nas gerações segregantes. A caracterização morfoagronômica dos frutos e resistência à doença são amplamente usadas pelos melhoristas de plantas para identificar diversidade genética entre indivíduos de uma população. Um método utilizado para identificar a diversidade genética entre os genótipos é a distância euclidiana, o qual agrupa os genótipos geneticamente semelhantes. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre 331 genótipos de famílias de irmãos completos de maracujazeiro proveniente da segunda geração de retrocruzamento (RC_2) através do método de agrupamento de otimização UPGMA. A caracterização morfoagronômica foi realizada com base em oito características de frutos sendo elas: massa de fruto (g); massa de polpa (g); rendimento de polpa (%); comprimento e diâmetro de frutos (mm); espessura da casca (mm) e teor de sólidos solúveis totais (Brix°). E para a resistência da doença foi utilizada a área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM) feita a partir da avaliação das folhas jovens e avaliação geral da planta a partir de uma escala de nota. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento com auxílio do programa R-Studio. Foi observada diversidade genética para resistência a doença entre os 331 genótipos avaliados com formação de quatorze grupos distintos. As famílias 355 (13 grupos) e 501 (12 grupos) apareceram em quase todos os grupos com AACPDM da família de 532,28 e 521,76 respectivamente. Os indivíduos 577 e 672 (Família 355) e 17 (Família 501) formaram os grupos com apenas um individuo com AACPDM de 390, 750 e 832,5 respectivamente. A família 153 apareceu em apenas seis grupos e teve AACPDM de 513,44. E para as características agronômicas, foram formados vinte e quatro grupos geneticamente distintos. A família 355 apareceu em dezoito grupos dos vinte e quatro formados, dos quais oito grupos foram formados apenas por individuo dessa família. Podemos destacar a família 355 com maior diversidade genética tanto para resistência a doença com para as características morfoagronômicas, pois ficou mais distribuída entre os grupos. Conclui-se que há ampla variabilidade genética nos genótipos estudados para todas as características de frutos e para virose possibilitando a seleção de plantas para fins de melhoramento genético comelevado potencial genético. Alem disso, as características usadas podem ser usadas para estimar a divergência genética.

Agradecimentos: FAPERJ, CAPES e UENF.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERSIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO DE MARACUJAZEIRO-AZEDO VIA MARCADORES SSR

Natan Ramos Cavalcante[1]; Alexandre Pio Viana[2]; Eileen Azevedo Santos[1]; Rodrigo Moreira Ribeiro[1]; Moisés Ambrósio[3*]; Deurimar Herênio Gonçalves Júnior[4]; Carlos Misael Bezerra de Sousa[3]; Bruno Dias Amaral[4]

[1]Pós - Doutorandos no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes-RJ. [2]Professor Doutor do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, [3]Doutorando no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF. [4]Mestrando no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF.

natancavalcante2@hotmail.com

Palavras-chave: Melhoramento genético; *Passiflora edulis;* variabilidade.

A metodologia de seleção recorrente intrapopulacional tem sido utilizada para o lançamento de novas cultivares de maracujazeiro-azedo no mercado. Contudo, o êxito de qualquer programa de seleção recorrente depende, necessariamente, da variabilidade genética da população envolvida. Na busca por métodos de seleção mais eficientes, os marcadores moleculares como microssatélites (SSR's) podem conferir algumas vantagens em relação ao processo seletivo de plantas. Portanto, o presente estudo tem como objetivo estimar a variabilidade genética no quarto ciclo de seleção recorrente do maracujazeiro-azedo via marcadores SSR. O material utilizado na extração de DNA foi coletado na unidade experimental da UENF em Itaocara – RJ. Foram selecionados 95 genótipos pertencentes as 20 melhores famílias de meios-irmãos de maracujazeiro-azedo. Foram utilizados 170 iniciadores microssatélites, destes 9 apresentaram polimorfismo. A distribuição da variabilidade genética dos 95 genótipos foi estimada, com o auxílio do programa Genalex 6.5, tendo por base os seguintes parâmetros: número de alelos por loco polimórfico (NA), heterozigosidade observada (Ho) e heterozigosidade esperada (He). O número de alelos por loco variou de 2 a 4, com média igual a 2,22 obtendo-se um total de 20 alelos para os 9 locos avaliados, sendo observado uma diminuição ao longos dos ciclos de seleção, porém, estudos indicam uma tendência de redução na variabilidade genética após alguns ciclos de seleção recorrente. A Ho variou de 0 a 0,753, com média 0,250 e a He variou de 0,102 a 0,586, com uma média de 0,212. Valores de He e Ho apresentaram médias próximas, porém a heterozigosidade observada foi maior que a esperada, isso indica um elevado número de indivíduos heterozigotos. Isso pode ser explicado, pois se trata de plantas que apresentam autoincompatibilidade, mecanismo esse que induz à alogamia e que mantém um alto grau de heterozigose. Há variabilidade na população proveniente do quarto ciclo de seleção recorrente constatada por meio de marcadores moleculares ssr, o que possibilita a continuidade do programa e a obtenção de ganhos genéticos com a seleção de genótipos superiores.

Agradecimentos: À Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (Faperj), pela concessão da bolsa de estudo e financiamento da pesquisa. A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001. A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITO DA COMPETIÇÃO INTRAGENOTÍPICA EM TESTE DE PROGÊNIE E PROCEDÊNCIA DE *Eucalyptus pellita*

Mateus Chagas Andrade[1]; Leandro de Siqueira[2]; Aline Cristina Miranda Fernandes[2]; Matheus Perek[3], João Gabriel Zanon Paludeto[3], Evandro Vagner Tambarussi[3*]

[1]Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Faculdade de Ciências Agronômicas (FCA). [2]Suzano Papel e Celulose. [3]Universidade Estadual do Centro – Oeste (UNICENTRO).

*tambarussi@gmail.com

Palavras-chave: covariável; melhoramento; *Eucalyptus*.

A competição entre plantas existente em testes de progênies e/ou de procedências é, na maioria das vezes, negligenciada nas estimativas de parâmetros genéticos e valores genotípicos (BLUP`s) na seleção de materiais superiores. Em parcelas lineares, onde há competição entre indivíduos de mesma progênie, a seleção dentro das progênies pode estar sendo viesada pela presença de falhas e, principalmente, pela competição intragenotípica. Portanto, este estudo teve como objetivo avaliar a influência de duas covariáveis referentes à falha e competição na estimativa de parâmetros genéticos e valores genotípicos de progênies e procedências de *E. pellita*. O teste de progênie/procedências foi delineado em cinco blocos casualizados, nove plantas/parcela linear, sete procedências e 118 tratamentos (117 progênies de *E. pellita* e um clone comercial como controle). Para as estimativas dos componentes de variância de forma usual, sem o emprego da covariável, foi ajustado o seguinte modelo linear misto com o uso do pacote *lme4*: $Y_{ijkl} = \mu + b_i + t_j + f_k + e_{ijk} + d_{ijkl}$. Desta maneira, para as estimativas utilizando as covariáveis, foi acrescido ao modelo o coeficiente de regressão linear $(\hat{\beta})$ entre o volume individual e a covariável (X_{ijkl}), resultando no seguinte modelo misto: $Y_{ijkl} = \mu + b_i + t_j + f_k + \hat{\beta}(X_{ijkl}) + e_{ijk} + d_{ijkl}$. As covariáveis testadas foram a autocompetição (AT) e a média de autocompetição (MAT) existente dentro da parcela. As covariáveis foram avaliadas individualmente e combinando-as no modelo de análise. Foi avaliado a significância de cada covariável nos modelos testados por meio do teste F, com o uso do pacote *lmerTest*, pois estas foram consideras como efeito fixo no modelo misto. Os componentes de variância estimados foram variância de progênies $(\hat{\sigma}^2_p)$, erro entre progênies $(\hat{\sigma}^2_e)$ e dentro de progênies $(\hat{\sigma}^2_d)$. As progênies foram assumidas como oriundas de sistema misto de reprodução, assim a variância genética aditiva $(\hat{\sigma}^2_A)$ foi estimada considerando um coeficiente de parentesco $(\overline{\rho})$ de $0,576$ conforme descrito na literatura para *E. pellita*. Todas as análises estatísticas foram realizadas no software R. Ambas as covariáveis testadas apresentaram efeito significativo pelo teste F, bem como seus $\hat{\beta}$. No entanto, a covariável média de autocompetição (MAT) apresentou maior impacto sobre as estimativas dos parâmetros genéticos, com $(\hat{\beta})$ negativo (-0.028), indicando redução do volume individual com a ação da competição na parcela. Esta covariável proporcionou aumento de $\hat{\sigma}^2_p$, aumento de $\hat{\sigma}^2_e$ e reduziu $\hat{\sigma}^2_e$, resultando no aumento da herdabilidade individual no sentido restrito $(\hat{h}^2_i)$ de 0,04 pelo método usual, 0,07 com o uso da covariável. Houve redução do coeficiente de variação experimental (CVe) de 59,1% para 56,4% e leve aumento da acurácia de seleção de progênies $(\hat{A})$ de 0,65 para 0,67. Observou-se alteração no ordenamento dos BLUP`s das progênies, indicando que equívocos podem ocorrer na seleção de indivíduos superiores. A covariável AT, quando associada com a MAT, não apresentou significância. Desta maneira a covariável MAT é a mais promissora para o uso na correção do efeito de competição.

Agradecimentos: Agradecemos a Suzano Papel e Celulose pela concessão dos dados e a CAPES pelo apoio a esta pesquisa.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFEITO DO INIBIDOR DE FLORAÇÃO NA QUALIDADE DA ANÁLISE TECNOLÓGIA EM CONDIÇÕES NATURAIS DE INDUÇÃO FOTOPERIÓDICA EM CANA-DE-AÇÚCAR

Luiz Eduardo Bertollo[1,2*]; Paulo Henrique da Silva[1,2]; Júlio César Garcia[2]; Maximiliano Salles Scarpari[2]; Dilermando Perecin[1]; Luciana Rossini Pinto[2].

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP). [2]Centro de Cana/IAC.

*lebertollo93@hotmail.com

Palavras-chave: Cana-de-açúcar; floração; inibidores.

A cana-de-açúcar é uma importante fonte para a alimentação e fornecimento de biocombustível, sendo o Brasil o maior produtor mundial. Uma característica importante desta cultura é a capacidade de sintetizar, transportar e armazenar a sacarose em grandes quantidades. A floração da cana-de-açúcar interfere no acúmulo da sacarose, pois na formação da inflorescência a sacarose é drenada do colmo, tornando-se prejudicial para a qualidade da matéria-prima. Esse processo de drenagem da sacarose do colmo para a formação da inflorescência é conhecido como "isoporização". O Ethephon é um dos produtos mais utilizados para inibir a floração da cana-de-açúcar. Quando o produto é aplicado antes da indução floral, ocorre um incremento significativo na qualidade da matéria-prima, no teor de sacarose, na maturação da cana-de-açúcar, além de diminuir o processo de isoporização. O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito do inibidor da floração na análise tecnológica em condições naturais de indução fotoperiódica de duas cultivares de cana-de-açúcar (SP813250 e RB855156). O experimento foi realizado na Fazenda Experimental do Centro de Cana (IAC), localizado em Ribeirão Preto - SP. Os cultivares e os dois tratamentos (com e sem a aplicação do inibidor) formaram uma estrutura fatorial (2X2) em Delineamento Inteiramente Casualizado (DIC). As análises tecnológicas (brix %caldo, fibra %cana, pureza %cana, pol %cana e kg ATR/t cana) foram realizadas aos 38 dias após a aplicação do inibidor, coletando-se 3 feixes de 10 canas para cada cultivar e tratamento. Entre a RB855156 e SP813250, houve diferença significativa para os parâmetros de qualidade entre os tratamentos, mostrando que também houve diferença entre os tratamentos com e sem inibidor. Nas duas cultivares, as médias do tratamento com inibidor foram de 20,15 brix (%caldo), 16,16 fibra (%cana), 87,68 pureza (%cana), 13,90 pol (%cana) e 136,95 kg ATR/t cana. Para o tratamento sem inibidor as respectivas médias foram de 19,34 brix (%caldo), 15,24 fibra (%cana), 86,50 pureza (%cana), 13,39 pol (%cana) e 132,4 kg ATR/t cana. Para a densidade do colmo houve diferença significativa para a base e topo do colmo das duas cultivares com aumento da densidade da base do colmo no tratamento com inibidor de 1,06 g/cm³ e para o topo do colmo houve um aumento da densidade do tratamento com inibidor de 1,05 g/cm³.Todas as análises tiveram uma boa confiabilidade, com um Pvalue menor que 5%. Os resultados foram dentro do esperado, evidenciando que com a aplicação do inibidor da floração houve um incremento na qualidade da matéria-prima da cana-de-açúcar e redução da isoporização. A aplicação do Ethephon além de inibir a floração, proporcionou um incremento na qualidade das análises tecnológicas, melhorando assim todas as características da matéria-prima.

Agradecimentos: CAPES; CNPq; Centro de Cana (IAC); Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFICIÊNCIA NO USO DA ÁGUA EM CLONES DE *EUCALYPTUS* COMO FERRAMENTA AO AUXÍLIO ÀS ESTRATÉGIAS DE MELHORAMENTO

Marcio José de Araujo[1]; Robson Luis Silva de Medeiros[1]; William de Medeiros Silva[1]; João Vitor Oliveira de Souza[1], João Pedro Peixoto Fernandes[1]; Bruna Zanatto[1]; Patrícia Cândido[1]; Rinaldo Cesar de Paula[1]

[1]UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal.

*marcio_ok66@hotmail.com

Palavras-chave: condutância estomática; déficit hídrico; melhoramento genético.

As florestas plantadas de eucalipto vêm enfrentando limitações para crescimento e aumentos em produtividade devido aos efeitos das variações climáticas. O estresse por déficit hídrico é um dos distúrbios mais impactantes, com isso, a boa adaptação das espécies de eucalipto no Brasil poderá sofrer mudanças em relação à vulnerabilidade dos genótipos nos locais de plantio, assim como em novas áreas de expansão. Para o desenvolvimento de florestas mais produtivas e homogêneas, apresentando alta sobrevivência, é necessário selecionar e utilizar genótipos mais tolerantes à seca e eficiente no uso da água. Por meio de avaliações de características biométricas e fisiológicas em genótipos de *Eucalyptus* sujeitos a diferentes disponibilidades hídricas, o presente trabalho buscou avaliar a eficiência no uso da água, ao nível de folhas e de planta inteira, de nove clones, assim como verificar a correspondência destas duas abordagens. Além disso, buscou-se comparar os resultados obtidos com o comportamento dos genótipos em campo aos quatro anos de idade. O experimento foi realizado em casa de vegetação com delineamento em blocos casualizados, uma planta por parcela (vaso) e seis repetições com três regimes hídricos (60%, 45% e 30% da capacidade de vaso) e nove genótipos de eucalipto, totalizando 27 tratamentos. Os resultados demonstraram que há diferenças entre eficiência no uso da água ao nível de folhas e de planta inteira. A eficiência no uso da água ao nível de planta inteira e a produção de biomassa total relacionaram-se com o desempenho dos clones no campo; a alocação de biomassa para raízes é uma característica importante e deve ser considerada nos estudos de tolerância à seca. Por fim, o estudo de características biométricas e fisiológicas pode auxiliar nas estratégias de melhoramento de eucalipto.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EMPREGO DE ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA E COVARIÂNCIA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CATUAÍ (*Coffea arabica*)

Regis de Castro Carvalho[1]; Juliana Andrade Dias[1]; Gustavo Henrique Silveira[1]; Ana Esther Gonçalves[1]; Guilherme Soares Salvador[1]; Flávia Maria Avelar Gonçalves[1*]

[1]Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

*avelar@ufla.br

Palavras-chave: Café; Bienalidade; Modelos mistos.

O cafeeiro é uma cultura perene com ciclo produtivo longo e acentuada bienalidade, de modo que o potencial produtivo dos genótipos é estimado por meio da avaliação e seleção em vários anos, em uma mesma parcela experimental, originando assim dados longitudinais. Em sua maioria, esses dados são analisados assumindo homogeneidade de variâncias e covariâncias, desconsiderando assim, a possibilidade de diferentes covariâncias entre as colheitas, assim como a heterogeneidade de variâncias, podendo não ser em algumas situações o modelo mais adequado para a análise de medidas repetidas. A abordagem de modelos mistos possibilita o emprego de modelos capazes de lidar com a presença de heterogeneidade de variâncias e covariâncias, permitindo a seleção mais acurada de genótipos. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes estruturas de variâncias-covariâncias para a matriz residual e genética e verificar suas implicações na seleção de progênies de cafeeiro do grupo Catuaí. Foram avaliados 15 genótipos de Catuaí e cinco testemunhas em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições e seis plantas por parcela, durante seis colheitas, na área experimental da EPAMIG no município de Capelinha-MG. Os dados de produção (sc/ha) foram analisados pela abordagem de modelos mistos, por meio do software Asreml-R. A partir das análises com duas, três, quatro, cinco e seis colheitas, testou-se inicialmente as estruturas de variância-covariância residuais, e a partir da melhor estrutura da matriz residual, selecionou-se a melhor matriz para os efeitos genéticos. A identificação do modelo que melhor se ajustou aos dados foi realizada por meio do Bayesian Information Criterion (BIC). Estimou-se a correlação classificatória de Spearman entre os valores genéticos preditos (BLUPs) considerando o conjunto de colheitas e o número total de colheitas. Além do índice de coincidência e o ganho genético, com uma intensidade de seleção de 30%, foram selecionados dois modelos de estrutura de matriz residual: simetria composta (CS), no acumulado de duas colheitas e não-estruturada (UN) para três a seis colheitas acumuladas. Para a matriz genética, a melhor estrutura foi a simetria composta (CS) para duas a seis colheitas acumuladas. A correlação de Spearman entre os BLUPs foi de 0,99 entre cinco e seis colheitas acumuladas. No entanto, o índice de coincidência foi de 75% para essas mesmas colheitas, indicando uma alteração no ordenamento dos genótipos. O ganho com a seleção dos melhores genótipos considerando cinco colheitas foi de 9,35% e 9,39% para seis colheitas. Portanto, esses resultados evidenciam a importância em verificar qual modelo se ajusta melhor aos dados, pois as estruturas de variância-covariância podem variar ao longo das colheitas. Além disso, a realização de apenas cinco avaliações seria viável, com estimativas acuradas, semelhante à obtida com seis colheitas, possibilitando a seleção antecipada.

Apoio financeiro: CNPq, Capes, FAPEMIG

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DENSIDADE DA MADEIRA EM POPULAÇÃO DE HÍBRIDOS CONTROLADOS DE EUCALIPTOS

Rodolfo Manoel Lemes da Costa[1]; Leonardo Vannucchi Munhoz[2]; Evandro Vagner Tambarussi[2]

[1]Vallourec Florestal LTDA. [2]Universidade Estadual do Centro-Oeste.

*rodolfo.costa@vallourec.com

Palavras-chave: Eucalipto; Genética quantitativa; Qualidade da madeira.

O *Eucalyptus* é o gênero florestal mais utilizado no território nacional e isto se deve pelo seu potencial de adaptação a diferentes regiões e circunstâncias, possui rápido crescimento e ampla gama de utilização do produto final. A densidade é um dos caracteres que mais influenciam na caracterização tecnológica e qualidade da madeira, portanto, há a necessidade do entendimento de seu controle genético para avanço em programas de melhoramento. Deste modo, o presente estudo visou a estimativa de parâmetros genéticos e obtenção dos valores genéticos individuais (BLUP`s) para densidade (kg/m³) em uma população de híbridos aos cinco anos de idade a fim de selecionar os melhores genitores, bem como os melhores híbridos. Os híbridos são provenientes de cruzamentos controlados entre *E. camaldulensis, E. grandis, E. urophylla* e *E. camaldulensis x E.urophylla*. A população avaliada não possui delineamento, no entanto, assumiu-se que o ambiente é homogêneo e, para a análise, foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado (DIC). Ao todo, 36 cruzamentos e uma testemunha foram avaliados, gerando um total de 340 híbridos. A análise dos dados foi realizada por meio do *software* SELEGEN-REML/BLUP, utilizando o modelo 80 (Delineamento Inteiramente ao Acaso). O componente genético estimado () foi o análogo da variância (por se tratar de híbridos). Também foram estimadas a variância ambiental entre parcelas () e Variância residual (), cujas estimativas foram, respectivamente, 180,09; 381,58 e 1164,16. A média geral para densidade da população de híbridos foi de 511,56 kg/m³, gerando um coeficiente de variação residual (*CVe%*) de 3,97%, evidenciando um alto controle ambiental. A herdabilidade no sentido amplo () e a dentro de parcelas () foram de 0,104 e 0,103, respectivamente; valores que podem ser considerado baixos. Os baixos valores encontrados para as herdabilidades devem-se, provavelmente, ao efeito do delineamento experimental utilizado e a mistura de materiais genéticos diferentes (espécies e híbridos). Esses efeitos podem afetar de maneira negativa as magnitudes dos diferentes componentes de variância genética, influenciando negativamente na equação de herdabilidade. Por fim, os valores genéticos individuais (BLUP`s) foram estimados e dentre os 10 melhores híbridos todos são provenientes de cruzamentos entre as espécies *E. urophylla* e *E. camaldulensis*, sendo que com a seleção destes 10 melhores indivíduos o ganho genético (estimado é de 2,05% para densidade, valor considerado bom, visto que a análise foi realizada com híbridos já melhorados. Com base nas informações abordadas, nota-se que embora não haja alto valor de herdabilidade, ainda é possível obter ganhos genéticos com alta intensidade de seleção. Nota-se, ainda, que de todos os cruzamentos possíveis os que envolvem *E. urophylla* cruzado com *E. camaldulensis* são os que originam os melhores híbridos para o caractere densidade.

Agradecimentos: À Vallourec por disponibilizar os dados para elaboração do trabalho e ao Laboratório de Genética e Melhoramento Florestal da UNICENTRO pelo apoio na análise dos dados e interpretação dos resultados.

CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EXPLORANDO O POTENCIAL DA FLORESTA OMBRÓFILA MISTA: AVALIAÇÕES INICIAIS DE VARIABILIDADE GENÉTICA EM *Roupala montana* var. *brasiliensis*

Fernanda Bortolanza Pereira[1*]; Guilherme Ferreira Melchert[2]; Evandro Vagner Tambarussi[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu.
[2]Universidade Estadual do Centro-Oeste, Campus Irati.

*fbp.engflorestal@gmail.com

Palavras-chave: carvalho-brasileiro; genética quantitativa, teste de progênies

A Floresta Ombrófila Mista, característica de parte da região Sul do Brasil, encontra-se criticamente fragmentada, devido à exploração madeireira predatória de que foi alvo. O resultado é a redução no tamanho e aumento na distância entre populações, dificultando o fluxo gênico e levando à uma perda de diversidade genética entre e dentro destas que, por vezes, não é passível de recuperação. Partindo do ponto de vista econômico, a questão que resulta desta problemática é: quantas espécies com potencial de mercado perdemos por não olharmos a floresta como a rica fonte de recursos que é? A partir deste pressuposto, o projeto de pesquisa que norteia o presente trabalho se propôs estudar populações de *Roupala montana* var. *brasiliensis* (carvalho-brasileiro), elucidando questões relativas à estrutura genética populacional, sistema reprodutivo e variabilidade genética existente nas mesmas, empregando técnicas e análises da genética molecular, quantitativa e de populações. O carvalho-brasileiro é uma árvore nativa com cerne róseo-arroxeado a róseo-acastanhado, caracterizado por longos raios, superfície lustrosa, brilhante nas faces radiais, textura grossa e grã ondulada. Sua madeira é considerada pesada, dura, moderadamente resistente, mas muito durável em ambientes secos ou imersos em água salgada. Tais características a habilitam para usos nobres como fabricação de móveis, construção civil e naval, entre outros. O produto final do projeto será propor estratégias para conservação *in situ* e *ex situ* e dar início a um programa de pré-melhoramento da espécie, estabelecendo populações base para melhoramento genético voltado à produção de madeira nobre. O presente trabalho visa apresentar os resultados preliminares quanto à variabilidade genética de carvalho-brasileiro a partir de um teste de progênies. Os frutos foram coletados de três matrizes da FLONA de Irati (sub-população = 15 indivíduos) e quatro de reserva legal na comunidade "Imbituvão" (sub-população = 8 indivíduos), no município de Fernandes Pinheiro/PR. O teste de progênies foi delineado em blocos ao acaso, com sete progênies, três blocos e número variável (de 3 a 19) de plantas/parcela. Mensurou-se o diâmetro de colo e altura aos 45 dias após implantação. As análises estatísticas foram performadas em ambiente R, com auxílio do pacote *lme4*. As herdabilidades individual no sentido restrito, aditiva entre progênies e média de progênies resultaram moderadas a altas (0,34 a 0,89). Os coeficientes de variação genética aditiva individual e genética entre progênies foram altos, de 20,1 a 43,5%. Entretanto, os coeficientes de variação ambiental também resultaram altos (46,4 e 38,7%) e, associado aos coeficientes de variação genética elevados, podem ser atribuídos à pouca idade das plantas, na qual o ambiente não tem grande interferência na expressão do caráter devido à ausência de competição entre plantas. Os resultados indicam variação genética promissora, o que viabilizará o programa de pré-melhoramento.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

FENOTIPAGEM DE EUCALIPTO EM ESTUDOS DE TOLERÂNCIA À SECA EM CASA-DE-VEGETAÇÃO

João Vitor Oliveira de Souza[1]; William de Medeiros Silva[1]; Marcio José de Araújo[1]; João Pedro Peixoto Fernandes[1]; Robson Luis Silva de Medeiros[1]; Rinaldo Cesar de Paula[1]

[1]UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal .

*souzajoaovitor@yahoo.com.br

Palavras-chave: melhoramento florestal, deficiência hídrica, fenotipagem

O presente trabalho foi conduzido com o objetivo de aperfeiçoar a técnica de fenotipagem de genótipos de eucalipto em estudos de tolerância à seca em casa-de-vegetação, mediante o estudo de tamanho (volume) de vasos e de imposição da deficiência hídrica. Foram usados cinco híbridos de *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla* (H1, H2, H3, H4 e H5) submetidos a três regimes de irrigação (RI1 – irrigação diária; RI2 – irrigação a cada dois dias e RI3 – irrigação a cada três dias) e dois tamanhos de vasos (25 dm^3 e 7 dm^3). O experimento teve duração de 75 dias. No início e durante o experimento, entre intervalos de ciclos de irrigação, foram avaliados a altura das plantas, diâmetro do coleto, índice de conteúdo de clorofila (ICC), eficiência quântica do fotossistema II (Fv/Fm), taxa de assimilação líquida (*A*), condutância estomática (*gs*) e transpiração (*E*). Foram avaliados os valores inicial e final de massa de matéria seca de folhas, caule e raízes. Ao final do experimento, avaliou-se também o conteúdo relativo de água nas folhas (CRA), número de folhas por planta (NF), área foliar (AF), potencial hídrico foliar (ψf) e teores de açúcares redutores e solúveis totais nas folhas. O experimento foi estabelecido no delineamento de blocos casualizados em esquema fatorial 5 x 3 x 2 (5 genótipos x 3 regimes hídricos x 2 tamanhos de vasos), com seis repetições. As análises de variância foram realizadas e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Entre os caracteres avaliados, apenas o teor de açúcares redutores não foi afetado pelos regimes de irrigação e o teor de açúcares solúveis totais e a eficiência quântica do fotossistema II não foram afetados pelo tamanho do vaso. O vaso maior, de 25 dm^3, mostrou-se mais adequado para a diferenciação fenotípica dos genótipos. O híbrido H1 foi o mais sensível à deficiência hídrica e o H5 foi o mais tolerante, apesar de ser menos produtivo que o H1.

Agradecimento - O presente trabalho foi realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GANHOS GENÉTICOS PARA CARACTERES TECNOLÓGICOS DA MADEIRA EM FAMÍLIAS DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE *Eucalyptus tereticornis* Smith.

Bruna Zanatto[1]; Rinaldo Cesar de Paula[1,2]; Nádia Figueiredo de Paula[3]; Marcio José de Araujo[1]; Patrícia Cândido da Cruz Silva[1]; William de Medeiros Silva[1]; Robson Luis Silva de Medeiros[1]; João Pedro Peixoto Fernandes[1]; João Vitor Oliveira de Souza[1].

[1] Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal; [2] Professor Titular do Departamento de Produção Vegetal; [3] Professora da Faculdade de Tecnologia Nilo de Stéfani (Fatec-Jaboticabal).

brunazanatto@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento florestal; química da madeira; variabilidade genética

Eucalyptus tereticornis possui boa adaptabilidade a diferentes regiões do Brasil, além de apresentar rápido crescimento e grande potencial de utilização da madeira. A qualidade da madeira é fundamental para definir a sua melhor aplicação, visando fornecer produtos adequados às exigências do mercado consumidor. Assim, a qualidade do produto final (celulose, papel, energia, dentre outros) é altamente dependente dos caracteres anatômicos, físicos e químicos de madeira. O objetivo deste estudo foi estimar os ganhos genéticos para caracteres tecnológicos da madeira em famílias de polinização aberta de *Eucalyptus tereticornis.* O teste foi implantado sob delineamento em blocos casualizados, com 30 tratamentos e 100 repetições de uma planta por parcela. Aos 32 anos de idade, três árvores de cada progênie foram amostradas para avaliação dos seguintes caracteres: densidade básica (DBM), teores de celulose (CEL) e de lignina (LIG). Os dados foram avaliados via modelos mistos, com o uso do Software Selegen-REML/BLUP, obtendo-se estimativas dos principais parâmetros genético-estatísticos e simulada a seleção das 10 famílias superiores para obtenção das expectativas de ganhos genéticos. Observou-se efeito significativo de famílias apenas para CEL. A DBM média foi de 0,719 g cm^{-3}, variando de 0,645 a 0,767 g cm^{-3}; o teor de CEL variou de 43,25 a 49,75%, com média de 45,92% e o teor de LIG variou de 26,86 a 34,83%, com média de 31,24%. Os coeficientes de variação experimental foram baixos (menor que 8,32%) para os três caracteres. A herdabilidade estimada, com base na média das progênies, foi de 0,34 para DBM, 0,29 para LIG e 0,65 para CEL, sugerindo que DBM e LIG sofrem maior influência ambiental que CEL, ao mesmo tempo em que reforça a baixa variabilidade genética entre as progênies, principalmente, para os dois primeiros caracteres. Em função disso, as expectativas de ganhos genéticos com a seleção das 10 melhores progênies foram baixas, sendo de 0,011% para DBM, 0,562% para LIG e 1,313% para CEL. Das 10 famílias selecionadas por característica, seis são comuns para CEL e DBM (156, 157, 158, 159, 160 e 177), três são comuns para CEL e LIG (168, 172 e 177) e para DBM e LIG (175, 177 e 155) e apenas uma família (177) é comum aos três caracteres simultaneamente. Esses resultados indicam que para o avanço das gerações de melhoramento deve-se promover a recombinação entre as progênies superiores para criar oportunidades de se obter, entre os descendentes, indivíduos que reúnam os caracteres de interesse em níveis adequados, bem como injetar variabilidade na população mediante a introdução de novas progênies.

Agradecimentos: CAPES; Instituto Florestal de São Paulo.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

HETEROSIS ANALYSIS IN CROSSES AMONG PAPAYA LINES ORIGINATED FROM A SEXUAL CONVERSION BACKCROSS POPULATION

Renato Santa Catarina[1*]; Diego Fernando Marmolejo Cortes[2]; Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1]; Gislanne Brito de Araújo Barros[3]; Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[1]; Alinne Oliveira Nunes Azevedo[1]; Helaine Christine Cancela Ramos[1]; Messias Gonzaga Pereira[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. Av. Alberto Lamego, 2000. Campos dos Goytacazes, RJ - Brazil. [2] Instituto Federal do Piauí - IFPI, R. Nascimento, 746, 64410-000, Angical do Piauí, PI - Brazil. [3] Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, R. Embrapa s/n, 44380000, Cruz das Almas, BA – Brazil.

*renato.scat@gmail.com

Keywords: Plant Breeding; *Carica papaya* L.; Hybrids.

The papaya (*Carica papaya* L.) is the crop in which it is possible to develop both per se lines and hybrids, because in successive self-pollinations there is no loss of plant vigor's, favoring the breeding of crop. The aim of the study was to estimate the standard heterosis (SH), functional heterosis (FH) and varietal heterosis (VH) to identify the genotype as per se lines and/or as the parent of new hybrid combinations. A total of 36 papaya genotypes were evaluated: 20 hybrids, two commercial controls ('Golden' and 'Tainung 01'), 10 lines and four testers (UC-JS12, UC-Sekati, UC-41/7 and UC-SS-72/12). A randomized block design with six replicates and three plants per plot was used. The measured traits were: fruit firmness (FF), pulp firmness (PF), soluble solids content (SST), fruit weight (FW), number of marketable fruits (NMF) and yield (YLD). The SH was estimated based on the parents' mean (Lines x Testers), the FH was estimated based on the per se line, and VH was estimated based on the standard variety. Considering the Solo hybrid combinations, obtained with the UC-SS-72/12 tester, the estimates of SH, and FH for NMF and SST traits, were higher for the hybrid combination UC-SS-72/12 x 19. For FW trait, the hybrid combination UC-SS-72/12 x 02 showed the highest SH, and FH. For the SST trait, the hybrid combination UC-SS-72/12 x 01 was superior for SH and FH. For VH considering the 'Golden' standard variety, the hybrid combination UC-SS-72/12 x 17 presented negative estimates for the NMF and SST traits (-48.32% and -20.31%) and the hybrid combination UC-SS-72/12 x 04 presented negative estimates (-0.76%) to SST trait respectively. For the other traits, the hybrid combinations were superior. Considering the hybrid combinations with the Formosa testers (UC-JS12, UC-Sekati, UC-41/7), we can highlight two hybrid combinations UC-Sekati x 04 and UC-Sekati x 20 that presented negative estimates to SH and FH. UC-Sekati x 04 presented FH for the FF trait equal to -1.73% and UC-Sekati x 20 presented SH and FH for PF trait equal to -3.87% and -6.79% respectively. Nine of the 13 hybrid combinations showed positive VH for the FF, PF and SST traits, showing superiority to fruit quality in relation to the standard variety 'Tainung 01'. The VH was superior in most of the Solo and Formosa hybrids for the most important traits for the crop, being these hybrids superior to the 'Golden' and 'Tainung 01' controls. In this way, it is preferable to exploit the hybrids mainly due to the superiority in production and fruit quality.

Acknowledgements: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Finance Code 001". The authors kindly thank the Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro" - UENF, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ, Caliman Agrícola S.A Company and CAPES by the support.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IDENTIFICAÇÃO DE REGIÕES GENÔMICAS ASSOCIADAS À RESISTÊNCIA AO BICHO-MINEIRO EM PROGÊNIES DE *COFFEA ARABICA*

Juliana Vieira Almeida Nonato[1]*; Humberto Fanelli Carvalho[1]; Lilian Padilha[3]; Roberto Fritsche-Neto[2]; Mirian Perez Maluf[3]; Oliveiro Guerreiro Filho[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas, Centro de Café Alcides Carvalho, Campinas - SP; [2]Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Departamento de Genética, Piracicaba - SP; [3] Embrapa Café, Centro de Café Alcides Carvalho/IAC, Campinas - SP.

*juliana.nonato@gmail.com

Palavras-chave: *Leucoptera coffeella*; associação genômica; seleção precoce

O bicho-mineiro, *Leucoptera coffeella*, é a principal praga das lavouras cafeeiras do Brasil, e a sua incidência pode resultar em prejuízos à produção, superiores a 50%. O desenvolvimento de cultivares de *Coffea arabica* produtivas e resistentes ao inseto tem sido o alvo de vários programas de melhoramento no país. Neste contexto, a Associação Genômica Ampla (GWAS), que permite identificar regiões genômicas associadas com fenótipos de interesse, é uma estratégia importante para a seleção precoce de materiais e pode contribuir para reduzir o tempo e investimentos necessários à obtenção de novas cultivares de café resistentes ao bicho-mineiro. O objetivo do presente trabalho foi identificar marcadores do tipo SNPs associados a regiões genômicas responsáveis pela resistência ao bicho-mineiro em progênies de *C. arabica.* As análises fenotípicas foram realizadas em um Ensaio de Progênie localizado no Centro Experimental do IAC, em Campinas, constituído por cafeeiros de 9 progênies segregantes para a resistência ao inseto e uma testemunha suscetível, a cultivar Catuaí Vermelho IAC 99. Um total de 599 plantas foram genotipadas via GBS (*Genotyping-by-Sequencing)*. Os dados genômicos foram submetidos ao controle de qualidade através dos procedimentos *Minor Allele Frequency* (MAF < 0,05), *Call Rate* (CR > 0,95) e pela eliminação dos locos heterozigotos, resultando em uma matriz de marcadores composta por 7839 SNPs. Os valores genotípicos foram preditos por meio de modelos mistos Bayesianos, e a análise de GWAS foi realizada através de modelo de regressão simples, ambas no ambiente R. Foram identificados dois SNPs associados com a resistência ao bicho-mineiro, localizados nos cromossomos 2 do sub-genoma de *Coffea eugenioides* e 11 do sub-genoma de *Coffea canephora*. Tais marcadores apresentaram baixa herdabilidade (<0,13) comparada à herdabilidade estimada por meio de dados fenotípicos (0,91). Por outro lado, esses SNPs estão associados a proteínas envolvidas na defesa das plantas a patógenos e na expressão de genes envolvidos na resposta celular aos diferentes tipos de estresses. Numa próxima etapa, os SNPs serão validados em experimentos de campo para confirmar a sua associação à resistência/suscetibilidade de cafeeiros arábicas ao bicho mineiro.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Identificação e análise filogenética de membros da família HSP70 em seringueira

Ramir Bavaresco Junior[1*]; Camila Campos Mantello[2]; Carla Cristina da Silva[1]; Anete Pereira de Souza[13]

1Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética (CBMEG), Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP). 2Genetracer Biotech. 3Departamento de Biologia Vegetal do Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas (UNICAMP).

*ramirbjunior@gmail.com

Palavras-chave: estresse abiótico, *Hevea brasiliensis,* família gênica.

A seringueira tem grande importância econômica por ser a maior fonte de borracha natural do mundo. A borracha natural é matéria-prima para fabricação de mais de 40.000 produtos, tendo papel fundamental na indústria de pneus. O látex apresenta propriedades físico-químicas únicas e não pode ser integralmente substituído pela borracha sintética. Apesar de a seringueira ser uma espécie nativa da floresta Amazônica, cujas condições edafoclimáticas são ótimas para seu crescimento e produção, nesta região também ocorre o fungo *Pseudocercospora ulei*, causador do SALB (*South American leaf blght*) ou mal-das-folhas, principal doença que acomete a heveicultura no Brasil. Desta forma, as plantações de seringueira se expandiram para regiões de escape, que apresentam condições de estresse abióticos, como frio e seca, que limitam seu crescimento e a produção de látex. Os programas de melhoramento genético em seringueira buscam genótipos tolerantes aos estresses abióticos impostos pelas regiões de escape. As proteínas de choque térmico (*heat shock protein*) são codificadas por uma família gênica complexa em plantas, funcionam como chaperonas, sendo responsáveis pelo dobramento, montagem, translocação e degradação de proteínas sob condições de estresses. Foram descritas inicialmente por serem induzidas sob temperatura elevada, contudo atualmente sabe-se que a expressão de genes de HSPs estão relacionados a ampla variedade de estresses, incluindo frio, luz ultravioleta, salinidade, metais pesados e estresses bióticos. O presente trabalho tem por objetivo identificar membros de HSP70 possivelmente envolvidos na tolerância ao frio em seringueira (Hevea brasiliensis) e sua relação filogenética em espécies próximas à seringueira. Para isso foram identificados membros conservados da família de HSP70 em seringueira (*Hevea brasiliensis*), *Arabidopsis thaliana, Jatropha curcas, Manihot esculenta, Ricinus communis* e *Populus trichocarpa*) utilizando o software HMMER com o perfil de HSP70 do banco de dados de famílias de proteínas Pfam, a confirmação de domínios conservados foi realizada através do banco de dados CDD (*Conserved Domain Database*), para análise filogenética foi realizado alinhamento múltiplo das sequências com o MAFFT e a árvore foi calculada com o software PhyML. Foram identificadas 28 proteínas conservadas pertencentes à família de HSP70 em seringueira, resultado semelhante foi observado para as espécies filogeneticamente mais próximas, como mandioca e para espécies mais distantes; isso corrobora com os dados utilizados de que HSP70 é a família de proteínas de choque térmico cujo domínio é o mais conservado. Análises futuras serão realizadas com essa família de proteínas a fim de identificar a expressão diferencial em genótipos com mecanismos diferentes para tolerância ao frio, além de análise de redes de co-expressão a fim de identificar genes relacionados direta e indiretamente na expressão de HSP70 quanto ao estresse de frio.

Agradecimentos: FAPESP, CNPq e CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INDIRECT SELECTION IN *Psidium guajava*

Beatriz Murizini Carvalho[1]*; Alexandre Pio Viana[1]; Flavia Alves da Silva[1]; Caio Cézar Guedes Correa[1], Andressa Leal Generoso[1], Eileen Azevedo Santos[1]

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

*beatrizmurizini@pq.uenf.br

Keywords: Path analysis; correlation coefficients; indirect effects.

There are several techniques for traits association study that could be considered of high importance for breeding programs. The use of the correlation among traits allows to estimate only the magnitude and the nature of the linear associations between two traits, but do not consider the influence of other characters in the association. The path analysis provides a more practical relationship among traits, allows the decomposition of the correlation coefficients into direct and indirect effects of interrelated components of a complex trait. Thus, if there is a relationship among traits, could apply the selection in only one, selecting the other traits of interest in an indirect way. This analysis generates more accurate cause and effect estimation and is a powerful tool for breeding programs. This work aimed to use the path analysis in guava (*Psidium guajava* L.) population to identify the relationships among traits as the basis for the selection of high yielding guava genotypes. The guava population used is part of the Genetic Breeding Program of the Guava Tree of *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro*. The traits considered as exploratory were fruit mass (FM), fruit length (FL), fruit diameter (FD), mesocarp thickness (MT), peel thickness (PT), pulp mass (PM) and a number of fruits (NF). The variable considered as dependent was the fruits per plant (YIELD). Pearson's linear correlation coefficients were obtained using the paired observations (408), and we tested several values of the K constant after detecting multicollinearity among the traits (K = 0; 0.01; 0.02; 0.03; 0.04; 0.05; 0.06; 0.07; 0.08; 0.09 e 0.1). Strong collinearity was detected between PM and FM traits. The addition of K constant increased the residual effect of the model and decreased the coefficient of determination. The lowest value for K constant that stabilized the variances was 0.03. From the path analysis, the traits number of fruits (0.409), peel thickness (0.152) and fruit diameter (-0.290) were identified as having a greater direct effect on productivity. This demonstrates the possibility of obtaining significant gains through the indirect selection for guava productivity through the number and diameter of fruit and the peel thickness.

Acknowledgments: The authors are grateful to the funding institutions *Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro* (FAPERJ), *Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico* (CNPq) and *Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior* (CAPES) and the *Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro* (UENF).

INFERÊNCIA BAYESIANA NA AVALIAÇÃO GENÉTICA DE PLANTAS PERENES

Flavia Alves da Silva[1]; Alexandre Pio Viana[1]; Caio Cezar Guedes Correa[1]; Durval Felix da Silva Netto[1]

[1]Laboratório de Melhoramento e Genética Vegetal (LMGV), Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro (UENF).

flavia_uems@hotmail.com

Palavras-chave: MCMCglmm; *Psidium*; REML/BLUP.

A abordagem bayesiana aplicada no melhoramento genético baseia-se no conhecimento da distribuição a posteriori de uma cadeia de iterações. Neste processo, a função de verossimilhança conecta a priori (informação prévia do experimento) à distribuição posteriori, que finalmente contempla o conhecimento prévio e as informações adicionais obtidas no experimento. O objetivo desse trabalho foi selecionar as melhores famílias em uma população de irmãos completos de goiabeira para novos cruzamentos para dar continuidade ao Programa de Melhoramento Genético de Goiabeira (UENF) utilizando a abordagem bayesiana. O experimento foi realizado em blocos ao acaso com duas repetições, avaliando 408 plantas (17 famílias). Devido à natureza das plantas perenes e pelo tempo e tamanho do experimento, os dados obtidos foram desbalanceados. Todas as análises foram feitas utilizando o pacote MCMCglmm::MCMCglmm no software R. Foi feita uma validação cruzada com 10 folds aleatórios (80 % dos dados para treinamento e 20 % para validação) para avaliar a estabilidade do modelo. Foi considerado um modelo misto que considera a família de efeito fixo, o bloco e indivíduo dentro da família como aleatório. Dados prévios (2016 e 2017) foram utilizados como informações a priori no modelo. Foram avaliadas as variáveis produção total de frutos por planta (PROD kg·pl^{-1}), massa de fruto (MASS g) e massa da polpa (POLPA g). A principal característica da inferência bayesiana é a possibilidade de utilizar-se uma informação a priori, e isto possibilitou a estimação de médias mais precisas nas variáveis com dados mais desbalanceados e com menos informações (PROD). Foi observada uma boa estabilidade da cadeia MCMC, com convergência dentro do tamanho estipulado (80% de 1 Mi e thin 3). A Média a posteriori da cadeia se aproximou da média fenotípica (desvio média das famílias de 0,02), consequentemente os valores genotípicos BLUPs mais precisos permitiram a seleção de 30 indivíduos com valores positivos em ambas as variáveis.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. FAPERJ, CNPq.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10° CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INFLUENCE OF GERMPLASM SOURCES FOR TURF QUALITY IN MULTI-ENVIRONMENT TRIALS ACROSS THE SOUTHEASTERN UNITED STATES

Beatriz Tomé Gouveia[1*], Esteban Fernando Rios[2], Kevin E. Kenworthy[2], José Airton Rodrigues Nunes[1], Salvador Alejandro Gezan[2], Patricio R. Munoz[2], J. Bryan Unruh[2], Grady L. Miller[3], Susana Milla-Lewis[3], Brian M. Schwartz[4], Paul L. Raymer[4], Ambika Chandra[5], Benjamin G. Wherley[5], Yanqi Wu[6], Dennis Martin[6] and Justin Moss[6].

[1] Universidade Federal de Lavras. [2] University of Florida. [3] North Carolina State University. [4] University of Georgia. [5]Texas A&M University. [6] Oklahoma State University.

*biatgouveia@hotmail.com

Key words: Adaptability, Genotype-by-Environment.

Turfgrass breeding programs across the southeastern United States of America had focused on developing varieties adapted to their specific agroecosystems. More recently, turfgrass breeders from five different land-grant Universities have been evaluating their elite breeding lines in multi-environment trials. The objective of this study was to evaluate the performance of breeding lines from breeding programs of bermudagrass (*Cynodon* spp.), St. Augustinegrass (*Stenotaphrum secundatum*), Seashore Paspalum (P*aspalum vaginatum*) and Zoysiagrass (*Zoysia* spp) in multi-environment trials. Germplasm sources were: 71 lines from Oklahoma State University (OSU) and 80 from University of Georgia (UGA) for bermudagrass; 80 from North Carolina State University (NCSU) and 80 from Texas A&M University (TAMU) for St. Augustinegrass; 80 from University of Florida (UF) and 80 from TAMU for Zoysiagrass; and 80 from UGA for S. Paspalum. Field trials for all species were conducted in 2013-2014 at seven locations: Citra (Florida), College Station and Dallas (Texas), Griffin and Tifton (Georgia), Stillwater (Oklahoma), Jackson Springs (North Carolina). Each trial was laid out as randomized complete block design with two replications. The response variable evaluated was averaged turf quality (TQ) (National Turfgrass Evaluation Program visual ratings from 1 to 9) across repeated measurements over time within experimental units. Data were analyzed by a mixed model approach using ASReml-R, and principal component analysis (PCA) was performed additionally using genotypic values within trials. The first two components explained 75.41% of the variation. The variation among species was similar for all species, except to bermudagrass that present the least TQ mean. The variation was high within species, whereupon St. Augustinegrass presented the highest range and S. *Paspalum* the smallest, probably because S. *Paspalum* genotypes coming from a single breeding program. St. Augustine genotypes presented more stability, followed by S. *Paspalum*. High variation for stability was also observed in bermudagrass and zoysiagrass. Bermudagrass lines from OSU performed better at Stillwater, while lines from UGA were distributed near Dallas, Stillwater and Jackson Springs. There was not a clear division between zoysiagrass lines from TAMU and UF, but most genotypes grouped near Griffin and some near Citra and College Station. S. *Paspalum* lines did not group in any specific environment. St. Augustinegrass from TAMU grouped between Tifton and Jackson Springs, but they did not show adaptability for specific environments. In general, specific adaptability was not observed for the lines developed in different breeding programs, exception to bermudagrass lines from OSU.

Acknowledgment: USDA, University of Florida, University of Georgia, North Carolina State University, Oklahoma State University, Texas A&M University and CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INTERAÇÃO GENÓTIPO x AMBIENTES NA SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS DE CAFÉ ROBUSTA NO ESTADO DE SÃO PAULO

Júlio César Mistro[1*]; Elaine Spíndola Mantovani[1]; Luiz Carlos Fazuoli[1]; Choshin Kameyama[2]; Édson Tadashi Savazaki[2]

[1]Centro de Café - IAC/APTA/SAASP. [2]CDRS/SAASP - Regional Lins.

*mistrojc@iac.sp.gov.br

Palavras-chave: *Coffea canephora*; MHPRVG; progênies

A oscilação da performance de um genótipo em determinado ambiente é a definição mais clássica para a interação destes dois fatores, fazendo com que os melhores genótipos em um ambiente podem não ser em outro. É possível detectar e quantificar a presença da interação genótipos x ambientes (GxA) e minimizar os seus efeitos no desempenho genotípico. O propósito de estudar a interação GxA é selecionar material com alta estabilidade (seja menos afetado pelas variações ambientais) e ampla adaptabilidade (seja cultivado em vários locais com a mesma performance). O objetivo do trabalho foi avaliar os efeitos da interação genótipos x ambientes na seleção de indivíduos de café robusta (*Coffea canephora*). Para tanto foram utilizados dois experimentos de progênies de meios-irmãos instalados em Getulina e Parapuã em blocos ao acaso com 17 tratamentos, três repetições e sete plantas por parcela. As análises de adaptabilidade e estabilidade de quatro colheitas foram realizadas por meio da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos. As herdabilidades, os coeficientes de variação genético e ambiental e correlação genotípica entre o desempenho nos vários ambientes foram obtidos via modelo mistos (REML/BLUP). A interação GxA foi de elevada magnitude, com correlação da performance genotípica nos ambientes igual a 0,44. Isso revela a presença de interação genótipo x ambiente do tipo complexa. A herdabilidade individual foi de baixa magnitude bem como os demais parâmetros genéticos. Mesmo com interações complexas há a possibilidade de encontrar genótipos estáveis com adaptação ampla, embora, no geral, este tipo de interação faz com que os genótipos apresentem adaptação a ambientes específicos. A ordem de produtividade das progênies variou de acordo com o ambiente. Apenas duas progênies estiveram entre as cinco mais produtivas em ambos os locais. A progênie mais produtiva pelo critério MHPRVG apresentou superioridade de 26% em relação à média geral dos dois locais e quatro anos de produções. O valor de MHPRVG x média geral é o valor genotípico médio das progênies nos locais avaliados já penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade. Pelo critério MHPRVG, as duas melhores progênies produzem entre 18 e 26% a mais em relação à média dos ambientes, o que revela boa adaptabilidade ou capacidade de resposta à melhoria do ambiente. Tais progênies estão aptas a participar de programas de melhoramento que visem a continuidade da seleção de indivíduos para o lançamento de cultivares de café robusta no estado de São Paulo.

Agradecimentos: ao Consórcio Pesquisa Café pelo financiamento dessa pesquisa

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Mapeamento Associativo para Características de Interesse Econômico em Seringueira

Felipe Roberto Francisco[1]; Lívia Moura de Souza[1]; Paulo de Souza Gonçalves[2]; Roberto Fritsche-Neto[3]; Anete Pereira de Souza[1]

[1]UNICAMP. [2]IAC. [3]ESALQ.

*Felipe.roberto.francisco@gmail.com

Palavras-chave: Seringueira; SNPs; GWAS

A seringueira (*Hevea brasiliensis*) é uma espécie de grande importância no o cenário econômico, pois é a única capaz de produzir borracha natural em quantidade e qualidade capaz de suprir o mercado. É considerada uma espécie em processo de domesticação, devido, principalmente, ao longo ciclo de melhoramento, levando em torno de 30 anos para o lançamento de um genótipo melhorado. O uso de ferramentas de biologia molecular como a análise de associação genômica ampla (*genome-wide association studie* - GWAS) é capaz de fazer a descoberta de marcadores moleculares que se encontram em desequilíbrio de ligação com características quantitativas (*quantitative trait loci* - QTLs). Esses marcadores em desequilíbrio de ligação com QTLs podem ser usados na seleção assistida por marcadores (SAM), que permite uma seleção precoce dos indivíduos, diminuindo o tempo e os custo do programa de melhoramento. Além disso, tais marcadores permitem a anotação de genes que estão próximo a eles. Neste trabalho temos como objetivo fazer o uso do GWAS para buscar single *nucleotide polymorphism* (SNPs) em desequilíbrio de ligação com QTLs de importância econômica para o cultivo da seringueira. Foram analisados 459 genótipos provenientes de três populações biparentais: GT1xPB235, GT1xRRIM701, PR217xPR255. Essas populações foram fenotipadas para altura de planta (AP) e diâmetro de planta (DAP), em duas condições hídricas contrastantes: alta disponibilidade hídrica (WW) e baixa disponibilidade hídrica (LW). A extração do DNA foi feita a partir das folhas jovens, O DNA foi digerido usando a enzima EcoT22I e foi construída uma biblioteca de *genotyping-by-sequencing* (GBS). Os fragmentos resultantes de cada amostra foram diretamente ligado a um par de adaptadores específicos, que foram sequenciadas no Illumina HiSeq 2500 plataforma (Illumina Inc., Estados Unidos). O alinhamento das *reads* foi feito usando o programa Bowtie2 usando o genoma de referência proposto por Tang et al. (2016), com as reads alinhadas a genotipagem dos SNPs foi realizada no programa TASSEL 5.0. Os SNPs bialélicos foram filtrados usando o programa snpReady e o mapeamento associativo foi realizado no programa GAPTI. Um total de 30,546 SNPs, foram utilizados na análise de associação, resultando na identificação de 2 SNPs associados com diâmetro de plantas, enquanto que para altura de plantas não foram identificados marcadores significativos. Serão realizadas anotações dessas regiões genômica afim de se entender de maneira mais precisa as vias bioquímicas que regulam tal característica. Esse estudo permitiu a identificação de marcadores SNPs presentes em regiões genômicas associadas características de importância econômica para seringueira, com grande potencial de serem incorporados à rotina de seleção assistida por marcadores, após etapas de validação da eficiência dos mesmos. Adicionalmente, esse estudo disponibiliza um painel de associação que poderá ser utilizado para análise de mapeamento associativo para diferentes caracteres de interesse dos programas de melhoramento genético de seringueira.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MODELAGEM DE ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA-COVARIÂNCIA EM GENÓTIPOS DE MUNDO NOVO (*Coffea arabica*)

Gabriela Ester Ferraz[1]; Juliana Andrade Dias[1]; Regis de Castro Carvalho[1]; João Pedro Gomes Pagan[1]; César Elias Botelho[2]; Flávia Maria Avelar Gonçalves[1*]

[1]Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil. [2]EPAMIG - Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Unidade Sul, Lavras – MG, Brasil.

*avelar@ufla.br

Palavras-chave: Melhoramento de café; Medidas repetidas; Modelos mistos.

O melhoramento para produção de grãos no cafeeiro envolve a avaliação de genótipos por várias colheitas a partir de medições em uma mesma parcela, gerando dados longitudinais no tempo. Nos modelos estatísticos comumente utilizados as variâncias e covariâncias são consideradas homogêneas. Não considerar a possível heterogeneidade das estruturas de variâncias e covariâncias pode causar alterações no ordenamento das progênies avaliadas e assim influenciar na escolha dos melhores genótipos. Portanto, o objetivo do trabalho foi verificar a influência da modelagem da matriz residual e genética na seleção de progênies de cafeeiro (*Coffea arabica*) do grupo Mundo Novo. Foram avaliados 34 genótipos de Mundo Novo e uma testemunha sob seis colheitas em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições e parcela de seis plantas, na área experimental da EPAMIG no município de Capelinha-MG. Os dados de produtividade (sc/ha) foram analisados pela abordagem de modelos mistos. Primeiramente, as estruturas de variância-covariância residuais foram testadas, e a partir da melhor estrutura da matriz residual, selecionou-se a melhor matriz para os efeitos genéticos. A comparação da qualidade do ajustamento dos diferentes modelos foi obtida por meio do Bayesian Information Criterion (BIC). Verificou-se a influência dos modelos no ranqueamento por meio da correlação classificatória de Spearman entre os valores genéticos preditos (BLUP's) considerando os diferentes modelos, além do índice de coincidência, com uma intensidade de seleção de 30%. As análises foram realizadas pelo software R por meio do pacote Asreml. A matriz não-estruturada (UN) foi selecionada como a melhor estrutura para o resíduo e a autoregressiva (AR1) para efeitos genéticos, de acordo com o BIC, evidenciando não ser uma boa estratégia assumir variâncias e covariâncias como homogêneas (CS). A correlação de Spearman entre os BLUP's do modelo com variâncias-covariâncias homogêneas e o modelo que melhor se ajustou aos dados (UN (R) AR1 (G)) foi de 0,61. Já o índice de coincidência entre estes modelos foi de 50%, demonstrando uma alteração no ordenamento das melhores progênies. Portanto, o presente estudo realça a importância em verificar qual estrutura de variância-covariância melhor se ajusta aos dados, devido ao impacto na seleção das progênies.

Apoio financeiro: CNPq, Capes, FAPEMIG

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MONITORAMENTO MOLECULAR DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS ELITE DE MAMOEIRO (*Carica papaya* L.)

Adriana Azevedo Vimercati Pirovani1*; Helaine Christine Cancela Ramos1; Pedro Henrique Araújo Diniz Santos1; Daniel Pereira Miranda1; Dieimes Bohry1; Josefa Grasiela Silva Santana1; Rafaela Pereira Duarte1; Messias Gonzaga Pereira1

[1] Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*adriana.pirovani@gmail.com

Palavras-chave: Diversidade; SSR; UPGMA

O programa de melhoramento do mamoeiro da UENF tem alcançado êxito no desenvolvimento de diversos híbridos totalizando 22 registros até o momento. Sabe-se que as técnicas moleculares podem auxiliar o melhoramento clássico de diversas formas como, por exemplo, permitindo o conhecimento e monitoramento da variabilidade genética de acessos do banco de germoplasma, bem como de linhagens elite disponíveis para uso em programas de melhoramento. Esse último caso é particularmente importante, uma vez, que as linhagens são frequentemente utilizadas em hibridações para o desenvolvimento de híbridos com alto padrão de qualidade e produtividade, e para que esse alto padrão se mantenha é importante garantir a estabilidade no processo de desenvolvimento dos híbridos. Diante disso o presente trabalho teve como objetivo estimar a variabilidade genética de 23 linhagens elite de mamoeiro do Banco de Germoplasma UENF/Caliman com base em marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*). O material vegetal foi constituído por 23 linhagens elite pertencentes ao BAG UENF/Caliman, sendo: 18 do grupo 'Formosa' e cinco do grupo 'Solo'. Após a extração do DNA, foi realizada a PCR com 22 iniciadores SSR. Os dados obtidos a partir da amplificação dos locos microssatélites foram convertidos em uma matriz numérica, para a obtenção da matriz de dissimilaridade genética pelo índice ponderado, a qual foi utilizada para gerar o agrupamento dos genótipos através do método hierárquico UPGMA. Estimou-se para cada região acessada o índice de Shannon, heterozigose esperada (H_E), heterozigose observada (H_O) e o coeficiente de endogamia (f). Posteriormente, foi realizada a análise da estrutura genética da população, utilizando o método de agrupamento bayesiano através do programa Structure. Foram observados similaridade entre o agrumapento e a análise de estruturação genética, no qual ambos apresentaram três grupos. Quanto a H_O, quatro linhagens do grupo 'Solo' exibiram valores iguais a zero. Entretanto, as linhagens do grupo 'Formosa' apresentaram maior segregação nos locos com valores variando de 0,05 a 0,14. Em relação a f, das cinco linhagens do grupo 'Solo' quatro exibiram índices máximo de fixação para os locos analisados sendo a variação observada de 0,90 a 1,0, enquanto que as linhagens do grupo 'Formosa' demonstraram variação de 0,61 a 1,00. O nível menor de endogamia nos genótipos do grupo formosa pode estar relacionado com a biologia reprodutiva desse grupo, o qual apresenta maior taxa de fecundação cruzada. Isso requer maior cuidado no processo de obtenção de sementes endogâmicas para evitar contaminação por pólen. Esses resultados apontam para a necessidade de avançar gerações de autofecundação com as linhagens do grupo 'Formosa' a fim de aumentar o nível de endogamia, e assim garantir estabilidade aos híbridos desenvolvidos.

Agradecimentos: "O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001".

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

NOVA VARIEDADE CLONAL DE CAFEEIRO CONILON COM ALTA QUALIDADE DE BEBIDA E APTDÃO PARA CULTIVO SOLTEIRO E CONSORCIADO EM SISTEMA DE SEQUEIRO

Lúcio de Oliveira Arantes[1*]; José Altino Machado Filho[1]; Sara Dousseau Arantes[1];

[1]INCAPER.

*lucio.arantes@incaper.es.gov.br

Palavras-chave: coffea canephora; sustentabilidade; bebida superior

O estado do Espírito Santo é o maior estado produtor de *Cofffea canephora* PIERRE do Brasil, e a maioria da produção estadual é oriunda da região norte. Em boa parte dessa região predominam condições edafoclimáticas adversas, marcadas por déficit hídrico e altas temperaturas. Ademais, a constante busca por sustentabilidade têm redirecionado a visão do cafeicultor para a utilização de sistemas de consórcios com espécies perenes visando o aumento da rentabilidade por área cultivada e à minimização dos efeitos adversos do clima. Desta forma é essencial a busca por genótipos que mantenham sua capacidade produtiva nestas condições, e possuam boa qualidade de bebida, haja vista ser esta uma das principais características para a garantia de inserção do produto nos mercados, especialmente mercado internacional. Para tanto avaliaram-se 31 clones de cafeeiro conilon do BAG do INCAPER, em sistema solteiro e de consórcio, ambos em condição de sequeiro, durante 05 safras, na região norte do Espírito Santo. Destes 8 clones foram selecionados devido à elevada produtividade apresentada, independente do sistema de cultivo (solteiro ou consórcio), e que apresentaram elevada qualidade de bebida. Foram selecionados os seguintes clones para comporem a nova variedade clonal: 07, 16, 46 e 120 (ciclo intermediário); 19, 31S, 99 e 143 (ciclo tardio). Em média a cultivar, se plantada no espaçamento de 2,5 m x 1,0 m, alternando um clone por linha, apresentou produtividade de 53,95 sacas/ha de café pilado; peso de 1000 grãos de 106,13 g (96,1 – 118,5); rendimento (cereja/pilado) médio de 4,7875. A qualidade de bebida foi avaliada por 3 Q-Grader's, e a nota global (que resume as avaliações quanto a amargor, doçura, acidez e verde) e os nuances aromáticos principal e secundário, respectivamente, serão apresentados clone a clone: 07 (nota 73, amadeirado, frutado); 16 (nota 75, amadeirado, seco); 19 (nota 76, frutado, frutado); 31S (nota 78, chocolate, frutado); 46 (nota 77, amadeirado, frutado); 99 (nota 73, amadeirado, frutado); 120 (nota 74, amadeirado, chocolate) e 143 (nota 76, amadeirado, chocolate). A produtividade de 53,95 sc/ha pode ser considerada alta considerando o sistema de sequeiro, e foi 2,22 vezes superior à média estadual em 2017. A nota global para qualidade de bebida também foi alta, especialmente em relação ao café do tipo conilon, que geralmente apresenta baixa qualidade de bebida. Esta nova variedade clonal encontra-se em processo de registro junto ao MAPA, e será uma excelente alternativa aos produtores que desejam utilizar sistemas consorciados ou solteiros, em condições de sequeiro, no estado do Espírito Santo.

Agradecimentos: Consórcio Pesquisa Café

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Número de QTLs de características agronômicas em *café arábica*

Tiago Vieira Sousa[1*]; Eveline Teixeira Caixeta[2]; Emilly Ruas Alkimim[3]; Antonio Carlos Baião Oliveira[4]; Antonio Alves Pereira[5]; Ney Sussumu Sakiyama[6]; Laércio Zambolim[7] and Marcos Deon Vilela Resende[8]

[1]Instituto Federal Goiano. [2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–Embrapa Café. [3]Universidade Federal do Triângulo Mineiro. [4]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–Embrapa Café. [5]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais–Epamig. [6]Universidade Federal de Viçosa. [7]Universidade Federal de Viçosa. [8]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–Embrapa Florestas.

*tiago.vieira@ifgoiano.edu.br

Palavras-chave: Número de QTLs; Seleção Genômica; Ganhos genéticos.

O café arábica (*Coffea arabica*) é a principal espécie comercial do gênero *Coffea*. A seleção genômica Ampla (GWS) tem proporcionado ganhos genéticos para diversas espécies vegetais anuais e perenes, se mostrando ferramenta altamente eficiente na elucidação das características genéticas. Assim, objetivou-se estimar o número de QTLs para características agronômicas por meio da GWS avaliando indivíduos que compõem a população de cafeeiro arábica, obtida por cruzamentos entre genitores do grupo de cultivares Catuaí e Híbrido de Timor. Um total de 195 indivíduos, pertencentes a 13 famílias de café arábica em geração F_2, retrocruzamentos suscetíveis e retrocruzamentos resistentes à ferrugem do cafeeiro foram fenotipados para 18 características agronômicas e genotipados com 21.211 marcadores moleculares SNP. Os dados fenotípicos foram analisados por meio dos modelos mistos (REML/BLUP), implementados no software Selegen-REML/BLUP. As análises de GWS foram realizadas utilizando o método G-BLUP via procedimento RKHS (*Reproducing Kernel Hilbert Spaces*) com algoritmo Bayesiano, por meio do pacote BGLR, implementado no software R. As herdabilidades fenotípicas e as acurácias seletivas, com base nos dados fenotípicos, foram estimadas, as quais foram de magnitude moderada a alta, para a maioria das características avaliadas. As estimativas dos números de QTL que governam as características (nQTL) variaram de 149 a 17.758 QTL para as características diâmetro da copa (DCo) e largura da folha (LF), respectivamente. Foi observado elevado número de QTL controlando as características agronômicas, sendo estimado para as características produção de grãos de café e incidência à ferrugem, consideradas as principais características dos programas de melhoramento, 751 e 221 QTL, respectivamente. Os resultados evidenciaram relação inversamente proporcional entre a acurácia seletiva (rgg) e o número de QTL. Isso pode ser justificado pelo aumento da complexidade preditiva em função do maior do número de genes que governam a característica. Quando muitos genes estão envolvidos na manifestação de uma característica, em geral, tais genes são de efeito menor e, consequentemente, a estimação precisa de seus efeitos é dificultada. Isso evidencia a importância da utilização de alta densidade de marcadores SNP nas análises preditivas. Em estudos com espécies florestais e em milho, não foi possível verificar algum tipo de relação entre número de QTL e acurácia fenotípica ou genotípica. Os resultados das análises de GWS demonstraram a alta complexidade das características agronômicas em análise, demonstrando a alta eficiência dessa metodologia na estimativa dos parâmetros genéticos, sendo ferramenta importante para os programas de melhoramento dessa espécie.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Número de QTLs de características agronômicas em *Coffea canephora*

Emilly Ruas Alkimim[1*]; Eveline Teixeira Caixeta[2]; Tiago Vieira Sousa[3]; Antonio Carlos Baião Oliveira[4]; Antonio Alves Pereira[5]; Ney Sussumu Sakiyama[6]; Laércio Zambolim[7]; Marcos Deon Vilela Resende[8]

[1]Universidade Federal do Triângulo Mineiro. [2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–Embrapa Café. [3]Instituto Federal Goiano. [4]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–Embrapa Café. [5]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais–Epamig. [6]Universidade Federal de Viçosa. [7]Universidade Federal de Viçosa. [8]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária–Embrapa Florestas.

*emilly.alkimim@uftm.edu.br

Palavras-chave: Número de QTLs; Seleção Genômica; Ganhos genéticos.

Os programas de melhoramento genético têm buscado, ao longo dos anos, estratégias eficientes para seleção de genótipos que apresentem desempenho superior. A seleção genômica ampla (GWS) surgiu em 2001 com o objetivo de aumentar a eficiência e acelerar o ganho de seleção. Essa técnica é considerada ferramenta essencial no melhoramento genético de espécies perenes, como *Coffea canephora*, devido principalmente, ao seu potencial em aumentar o ganho por unidade de tempo. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi aplicar o princípio da GWS e, por meio desta, estimar o número de QTLs de características agronômicas em população de *C. canephora*. Utilizou-se marcadores moleculares SNP e avaliações de oito características fenotípicas. As características fenotípicas avaliadas foram vigor vegetativo, incidência à ferrugem, incidência de cercosporiose, época de maturação dos frutos, tamanho de fruto, altura da planta, diâmetro da projeção da copa e produção por planta. Foram avaliados 165 genótipos, sendo 51 genótipos Conilon, 32 Robusta e 82 híbridos interpopulacionais. Um total de 18.111 marcadores SNP foram identificados, restando, após análises de qualidade, 14.429 marcadores. Foi observado boa capacidade preditiva para as características, exceto para época de maturação dos frutos, tamanho de fruto e produção por planta. O número estimado de QTLs que controlam cada característica variou entre 35 (Cer) a 87 (Vig). Por meio desses resultados é possível verificar a natureza quantitativa das características avaliadas nesse estudo. Além disso, observa-se que os menores valores de acurácia da GWS, 67% (Vig) e 68% (AP), foram obtidos para as características que apresentaram maior número de QTLs. Em trabalho realizado com dendê (*Elaeis guineensis* Jacq.) foi também verificado que a acurácia da GWS é inversamente proporcional ao número de QTLs que controlam a característica. Isso é esperado porque quando a característica é governada por maior número de QTLs, mais complexa ela se torna. Além disso, em características poligênicas, em geral, verifica-se que cada gene contribui com pequeno efeito para a manifestação do caráter. No entanto, mesmo em cenário com baixa herdabilidade e maior número de QTL, os resultados foram promissores. Isso se deve, provavelmente, ao conjunto de SNP selecionados pelos critérios de qualidade e, sobretudo, por serem amplamente distribuídos em todo o genoma dessa espécie.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE FICUS CARICA L.

Guilherme de Freitas Gaspar[1]; Bruno Ettore Pavan[1]; Renan Furquim da Silva[1]; Patrícia de Almeida[1]; Igor Hiroda Kamano[1]; Leonardo de Paula Giro[1]; Igor Juliani[1]

[1]Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira.

guigasper@icloud.com

Palavras-chaves: ficus; seleção; genético.

Mesmo a cultura do figo sendo uma cultura considerada de clima temperado, se tivermos um manejo adequado, tanto hídrico, como nutricional, podemos fazer com que a planta resista e expresse dados produtivos. A cultura é importante no Estado de São Paulo, aonde a maioria dos frutos é destinado a consumo *in natura*. Assim, faz-se necessário o desenvolvimento e escolha correta dos cultivares utilizados pelos agricultores, e apesar de existirem aproximadamente 25 cultivares no estado, entre elas o Roxo-de-Valinhos, Pingo de Mel, Verdona Longa, Adriático, Bonatto, Brunswick, Genoveza, Nóbile e Korfu, dentre outras Dessa forma este trabalho objetivou quantificar a variabilidade genética para caracteres de frutos e crescimento de genótipos de figueira. O material genético utilizado é proveniente do Banco Ativo de Germoplasma de Figo, pertencentes ao gênero *Ficus*, com 5 anos de idade, da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão, do Câmpus de Ilha Solteira, FEIS/UNESP, localizada no município de Selvíria-MS com 50 acessos em coleção. Destes foi produzido mudas de 36 genótipos e plantados em março de 2017 em esquema de blocos casualizados com duas repetições e três plantas por parcela experimental com espaçamento 3 x 2 metros. A partir das colheitas efetuadas durante a safra 2017 foi avaliado os seguintes caracteres inserção do primeiro fruto, comprimento do fruto, diâmetro e massa média dos frutos, comprimento do pedúnculo e massa seca acumulada de ramos. As estimativas dos componentes de variância e predição dos parâmetros genéticos foram processadas para cada variável utilizando-se o procedimento REML/BLUP. Os parâmetros genéticos, componentes de variância e estatísticas descritivas estudados foram: variância genética; variância residual; herdabilidade no sentido amplo; coeficiente de variação genotípica; coeficiente de variação ambiental ; ganho com a seleção e em porcentagem. Para o ganho de seleção adotou-se a seleção com uma intensidade de seleção de 33%, visando selecionar os melhores clones por característica estudada. Altos coeficientes de variações ambientais, resultaram em valores baixos para herdabilidades para os caracteres como Diam. 5,9%; Pedúnculo 1,8%; e MF 6,7%. Para todos esses caracteres as herdabilidades não diferiram de zero, assim pode-se dizer que não há variabilidade genética significativa para tais caracteres em clone de Figueira, não possibilitando ganho com a seleção. Já para os caracteres MS apresentou herdabilidade 80,15%; Comp. 27%; e Inserção 33,96% todos diferente de zero, demonstrando que tais caracteres têm variabilidade genética e há ganho de seleção para os mesmos, apesar dos altos coeficientes de variações ambientais. Porém, em contrapartida para esses caracteres, possuem altos índices de variação genotípicos, caracterizando alta variabilidade genética entre os genótipos de Figueira. Os genótipos de figueira possuem variabilidade genética para os caracteres de diâmetro do fruto, massa seca e inserção de frutos. Que propiciou ganhos satisfatórios com a seleção.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Parâmetros genéticos em teste de progênies de *Astronium fraxinifolium* implantado no Cerrado

Gabriel de Resende Baroni[1]; Henrique Sverzut Freire de Andrade[1]; Marcos Rafael Amâncio[2]; Pedro Henrique Santin Brancalion[1]; Paulo Henrique Müller da Silva[2]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – Universidade de São Paulo. [2]Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais[2].

*gabrielbaroni92@gmail.com

Palavras-chave: herdabilidade; florestas; progênies

As espécies do Cerrado são carentes por sementes com variabilidade genética e qualidade para utilização na restauração florestal. Assim, a implantação e o estudo de testes de progênies suprem essa demanda. Portanto, nosso objetivo foi avaliar os parâmetros genéticos (PG) do caráter altura de plantas e a sobrevivência de progênies de *Astronium fraxinifolium* aos 26 meses. O teste possuiu 18 progênies, que foram oriundas de sementes coletadas em fragmentos naturais do bioma Cerrado, no município de Rosário Oeste, Estado de Mato Grosso, Brasil (clima Aw, segundo Koppen). O espaçamento foi 3 x 2 metros, no delineamento em blocos ao acaso com cinco repetições e parcelas lineares de cinco plantas. Afim de estimar os parâmetros genéticos da altura de plantas, utilizamos o software Selegen. O modelo utilizado para estimar o PG considerou aleatórios os efeitos: genético; de parcelas; e erro. Já o efeito de repetições é considerado como fixo. A altura média de plantas no experimento foi 2,22 m e a sobrevivência de plantas foi 0,99. A herdabilidade aditiva apresentou valor de 0,10, o coeficiente de variação genotípica individual apresentou valor de 9,21%; o coeficiente de variação experimental foi 14,23%. O teste apresentou crescimento e sobrevivência satisfatórios para continuidade de sua condução. Consideramos que houve baixa herdabilidade e moderada variação genotípica, algo esperado para um teste em fase inicial e para caráter altura de plantas. No entanto, com a redução do efeito ambiental as avaliações futuras deverão apresentar valores maiores. Portanto, o teste é promissor para se tornar um pomar de sementes por muda.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PERFORMANCE INICIAL DE HÍBRIDOS DE CAFÉ ARÁBICA COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA

Fernando C. Carducci2; Luciana H. Shigueoka1; Valdir Mariucci Junior2; Ines C. de B. Fonseca2; Kawana S. Bortolatto1; Cintia O. Costa1; Lorena S. N. de Souza1; Gustavo H. Sera1*

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina. [3]Universidade Norte do Paraná.

*gustavosera@iapar.br

Palavras-chave: *Coffea*; *Hemileia vastatrix*, Vigor híbrido.

Atualmente, as cultivares de café arábica são do tipo linhas puras e são propagadas via sementes. Existe uma perspectiva que no futuro será possível a utilização de cultivares do tipo híbridas propagadas vegetativamente. O objetivo desse estudo foi avaliar a performance inicial de híbridos de café arábica. O experimento em campo foi instalado no IAPAR em Londrina, PR (temperatura média anual = 21,1ºC; altitude = 580m), em agosto de 2016, no espaçamento de plantio 2,75m x 0,60m. Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições e parcelas de sete plantas. Foram avaliados 22 híbridos e três cultivares do tipo linhas puras (IPR 102, IPR 107 e Catuaí Vermelho IAC-99), as quais foram os padrões comparativos de produtividade. IPR 107 foi o padrão de ciclo de maturação dos frutos precoce e altamente resistente à ferrugem, enquanto que Catuaí Vermelho foi o padrão de ciclo tardio e suscetível à ferrugem. Em abril de 2019, foram avaliadas as variáveis: produtividade (sacas beneficiadas/ha), índice de desenvolvimento vegetativo (IDV), índice de nutrição foliar (INF), ciclo de maturação dos frutos (MAT) e resistência à doença ferrugem alaranjada (*Hemileia vastatrix*) (FERR). Para o IDV foi utilizada uma escala de notas de 1 a 10, sendo 1 para plantas menos vigorosas e 10 para as mais vigorosas. O INF foi avaliado por meio de uma escala de 1 a 10, onde 1 foram plantas com coloração das folhas amareladas e 10 para plantas com folhas de coloração verde escuras. Para avaliar a MAT foi utilizada uma escala de 1 a 5, onde 1 foram plantas com ciclo de maturação mais tardio e 5 para as mais precoces. Para FERR foi utilizada uma escala de notas de 1 a 5, sendo 1 as plantas mais resistentes e 5 para as mais suscetíveis. Tanto o IDV quanto o INF são variáveis que influem na produtividade do ano seguinte. Para a variável produtividade foi aplicado o teste de médias Tukey a 5%, enquanto que para as outras variáveis foi utilizado o teste Scott-Knott a 5%. IPR 107 foi a mais produtiva das testemunhas utilizadas. Foram identificados seis híbridos que não diferiram de IPR 107 para a produtividade, além de apresentar maior IDV e INF do que essa cultivar. Desses seis, apenas um apresentou MAT precoce, não diferindo de IPR 107, porém foi suscetível à FERR. Três desses melhores híbridos apresentaram resistência à FERR. Atualmente, são escassas as cultivares de ciclo precoce, com alto vigor vegetativo e alta produtividade, porém no nosso estudo foi identificado um híbrido de ciclo precoce com alta produtividade e alto vigor. Os seis melhores híbridos possuem potencial para se tornarem cultivares do tipo híbridas, porém novas avaliações deverão ser efetuadas para confirmar.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PLASTICIDADE FENOTIPICA DE COMBINAÇÕES DA CULTIVAR COPA 'NIAGARA ROSADA' ENXERTADAS EM DIFERENTES PORTA-ENXERTOS

Mara Fernandes Moura*[1]; Vera Lucia Nishijima Paes de Barros[2]; Cinthia Souza Rodrigues[3]; Geovani Luciano de Oliveira[4]; Luan Filipe Salvador de Lima[4]

[1,2,3,4]Instituto agronômico. *mouram@iac.sp.gov

Palavras-chave: produção média por planta, estabilidade fenotípica

A capacidade de um genótipo de manifestar diferentes fenótipos diante da variação ambiental é conhecida como plasticidade fenotípica. No melhoramento de videiras, entender as interações genótipos x ambientes é importante para selecionar combinações copa e porta-enxertos que apresentem fenótipos estáveis, ou seja, que tenha maior previsibilidade de comportamento apesar da alteração do ambiente de crescimento. Neste contexto, o objetivo com este trabalho foi verificar a adaptabilidade e estabilidade de diferentes combinações da variedade Niagara Rosada enxertadas em diferentes porta-enxertos visando identificar as combinações mais estáveis para a região. Foram avaliadas as combinações entre a copa Niagara Rosada e treze porta-enxertos em dez ambientes, que corresponde a dois ensaios avaliados no período de cinco anos (2013-2018) na unidade experimental do Instituto Agronômico em Capão Bonito/SP. Os porta-enxertos utilizados foram IAC 766, IAC 572, IAC 571-6, IAC 313, SO4, 5C, 420 A, Rupestris du Lot, Ripária do Traviú, Golia, Harmony, Paulsen 1103 e 101-14. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com cinco repetições e parcelas constituídas por três plantas. Foi realizada a análise de variância e a análise de adaptabilidade e estabilidade para o caráter produção média por planta (kg.pl^{-1}) utilizando a metodologia proposta por Nunes et al. (2005). O resultado da análise conjunta demonstrou que a acurácia foi acima de 90%, indicando alta precisão experimental. Observou-se efeito ambiental significativo, ou seja, houve diferença entre os ambientes. O efeito das combinações copa e porta enxertos foi significativo, indicando que há variabilidade genética. Foram encontrados efeitos significativos na interação entre as combinações copa e porta enxertos x ambientes (GxE) (P <0,01), ou seja, não houve comportamento coincidentes das combinações copa e porta enxertos diante da variação dos ensaios e dos anos avaliados. Pelos valores das estimativas das médias ($\bar{Z}i\bar{Z}i$), observa-se que a variedade Niagara Rosada quando enxertada nos porta enxertos 5C, SO4, 572, Harmony e o 1103 apresentaram desempenho acima da média na maioria dos ambientes, formando um gráfico denominado "bola cheia". A Niagara Rosada enxertada sobre o porta enxerto 420A apresentou produção média por planta abaixo da média em todos os ambientes, formando no gráfico um círculo circunscrito do tipo "bola murcha". Os valores dos coeficientes de variação (CV_{Zi} CV_{Zi}) demostram que as combinações copa Niagara Rosada com os portas enxertos IAC 766, SO4 e 5C foram os mais estáveis, sendo que as combinações com o SO4 e 5C associaram alta adaptabilidade com elevada estabilidade, podendo ser considerados ideótipos por apresentarem alta produção média por planta e plasticidade fenotípica.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Precisão na estimativa de parâmetros genéticos com diferentes tipos de parcelas experimentais em *Eucalyptus spp*

Leonardo Vannucchi Munhoz[1]*; Marcos Rafael Amâncio[1]; Odair Bison[2]; Amanda Roberta Vergani[2]; Mateus Andrade Chagas[3]; Matheus Perek[1]; João Gabriel Zanon Paludeto [1]; Weverton Gavlik dos Santos[1]; Evandro Vagner Tambarussi[1]

[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO). [2]Duratex Florestal Ltda. [3]Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Faculdade de Ciências Agronômicas (FCA)

*leonardomunhoz97@hotmail.com

Palavras-chave: *single tree plot*, parcelas lineares, herdabilidade

A definição do tipo de parcela ideal a ser utilizada nos testes clonais, permite melhoria nos resultados. Assim, o estabelecimento de testes com parcelas de uma única árvore (STP - *single tree plot*) são comumente utilizados, pois necessitam de menos recursos e permitem avaliar uma maior variedade de materiais e repetições. Em contrapartida, alguns autores afirmam que parcelas lineares permitem estimativas mais assertivas da variabilidade genética. O objetivo deste estudo foi avaliar qual delineamento estima de forma mais acurada os parâmetros genéticos. Foram implantados dois testes clonais de *Eucalyptus* spp., um ao lado do outro, na fazenda Rio Claro, localizada no município de Lençóis Paulista-SP, ambos em blocos casualizados, contendo os mesmos 32 tratamentos em espaçamento 3 x 2 m. O primeiro foi implantado em delineamento de parcelas lineares com cinco plantas/parcela e seis repetições; o segundo, delineado com uma planta por parcela e 30 repetições. O volume individual (VOL, m³) foi obtido em ambos experimentos aos cinco anos de idade e avaliado com o ambiente estatístico R, por meio do método REML, utilizando o pacote *lme4*. Os erros-padrões aproximados ($\widehat{Sy}\widehat{Sy}$) associados aos componentes de variância foram obtidos com o pacote breedR, utilizando a matriz de informação de Fisher. Buscando entender a capacidade dos delineamentos em estimar a variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2\hat{\sigma}_g^2$) de forma acurada, foi calculada uma relação percentual entre $\hat{\sigma}_g^2\hat{\sigma}_g^2$ e o erro padrão correspondente, denominada $\widehat{S}_g\,(\%)\widehat{S}_g\,(\%)$. $\widehat{S}_g\,(\%) = (\hat{\sigma}_g^2/\widehat{Sy}) * 100$ $\widehat{S}_g\,(\%) = (\hat{\sigma}_g^2/\widehat{Sy}) * 100$ Também foi estimada a herdabilidade no sentido amplo $\hat{h}_g^2 = \hat{\sigma}_g^2/$ $\widehat{CV}_g(\%) = \sqrt{\hat{\sigma}_g^2}/\bar{x}\widehat{CV}_g(\%) = \sqrt{\hat{\sigma}_g^2}/\bar{x}$ experimental ($\widehat{CV}_e(\%) = \sqrt{\hat{\sigma}_e^2}/\bar{x}\widehat{CV}_e(\%) = \sqrt{\hat{\sigma}_e^2}/\bar{x}$), e o coeficiente de variação genética). O $\widehat{CV}_e(\%)\widehat{CV}_e(\%)$ para os dois delineamentos foi semelhante (45,4 % para STP e 46,4 % para parcelas lineares), apesar de altos, é comum em experimentos a campo valores desta magnitude, especialmente para caracteres estimados indiretamente, como o volume. Tanto os valores de $\widehat{CV}_g(\%)\widehat{CV}_g(\%)$ (37,6 % - STP; 25,8 % - parcela linear) quanto de $\hat{h}_g^2\hat{h}_g^2$ (0,42 – STP; 0,22 - parcela linear) foram superiores para STP. Esta superioridade pode estar associada ao fato de o STP possuir maior capacidade em discriminar genótipos superiores, já que estes estão sujeitos a menor efeito ambiental, pois, além da própria planta ser a parcela, os tratamentos se encontram mais espaçadas devido ao maior número de repetições, o que tende a diluir o efeito do ambiente. Os valores de $\widehat{S}_g\,(\%)\widehat{S}_g\,(\%)$ foram inferiores para STP (27 %), em relação ao delineamento em parcelas lineares (30 %), o que significa que o STP proporciona estimativas mais concisas e acuradas da variância genotípica. O delineamento em STP é menos sujeito a efeitos ambientas e, portanto, possui maior poder discriminante dos genótipos, bem como proporciona estimativas mais coerentes dos parâmetros genéticos em relação ao delineamento em parcelas lineares.

Agradecimentos: Agradecemos a empresa Duratex pela concessão dos dados e a CAPES pelo apoio a esta pesquisa.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DA PALMEIRA MACAÚBA (*Acrocomia aculeata* Jacq. Lodd Ex Mart)

Elivelton Alves Lustri[1]; Luiz Henrique Chorfi Berton[2]; Gustavo Batista Silva[1]; Walter José Siqueira[3], Joaquim Adelino de Azevedo[4], Suelen Alves Vianna[3]; Carlos Augusto Colombo[3*]

[1]Pós-graduação em Agricultura Tropical e Subtropical do Instituto Agronômico de Campinas. [2]Acros - Macauba Palm Sustainability. [3]Instituto Agronômico de Campinas-Centro de Recursos Genéticos, [4]APTA-Polo Regional Leste Paulista - Monte Alegre do Sul.

*iac.colombo@gmail.com

Palavras-chave: Arecaceae; Melhoramento Genético; REML/BLUP.

A macaúba é uma palmeira oleaginosa de ampla distribuição nas Américas Tropical e Subtropical. Seu potencial produtivo é semelhante ao dendê, com a vantagem de poder ser cultivada em regiões com déficit hídrico. De seus frutos podem ser extraídos óleos da polpa e da amêndoa, ambos com características de interesse das indústrias de alimento, cosméticos e energia. A espécie é considerada de domesticação insipiente e, embora o interesse comercial seja crescente, não se dispõe de cultivares comerciais para plantio. Sobretudo em espécies perenes, a obtenção de estimativas de ganhos genéticos preditos em progênies em estádio juvenil possibilita prever o ganho com a seleção de cada variável analisada, principalmente no caso de variáveis que apresentarem correlação com a produção de frutos. Além disso, informações do ganho de seleção podem orientar de maneira mais efetiva o sucesso do programa de melhoramento da espécie. Alguns grupos de pesquisa no Brasil vêm trabalhando na área de genética com *A. aculeata*, dentre eles o IAC (Instituto Agronômico). Assim, o presente trabalho consistiu na avaliação de progênies de polinização aberta de matrizes de populações naturais do estado de São Paulo. Foram instalados dois campos experimentais em 2013 nos munícipios paulistas de Presidente Prudente e Pindorama, com 225 e 245 genótipos (42 e 28 progênies), respectivamente. Os ganhos genéticos preditos em plantas com 5 anos de plantio foram calculados para cinco caracteres morfo-agronômicos: altura de plantas, comprimento total da folha, número de folhas expandidas, diâmetro na base do estipe e índice médio de clorofila, O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados onde as parcelas foram constituídas por 3 a 9 plantas de uma mesma progênie dispostas em dois blocos. O ganho genético foi estimado com dados avaliados em dois anos, utilizando o programa computacional Selegen pelo procedimento REML/BLUP com índice de seleção de 10% e utilizando o modelo 4. Os valores obtidos de ganho genético predito para as características altura de planta, comprimento total da folha, número de folhas expandidas, diâmetro na base do estipe e índice médio de clorofila, foram: 19,64%; 12,51%; 26,43%; 35,19% e 38,12% respectivamente. Tais resultados são considerados expressivos, indicando a ocorrência de grande variabilidade genética na espécie e a possibilidade de progresso genético de grande magnitude para estas características avaliadas.

Agradecimentos: À Fapesp - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo pelo apoio financeiro ao projeto e pela bolsa aos autores LHCB e SAV. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa aos autores EAL e GBS

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PRÉ-MELHORAMENTO DE *Pereskia aculeata* MILL

Wevertton Gavlik dos Santos[1], Fernanda Bortolanza Pereira[2], Isabel Homczinski[1], Mateus Chagas Andrade[1], João Gabriel Zanon Paludeto[1], Matheus Perek[1,] Fabiana Schmidt Bandeira Peres[1], Leonardo Vanucci Munhoz[1] e Evandro Vagner Tambarussi[1,2*]

Universidade Estadual do Centro-Oeste, Departamento de Engenharia Florestal, PR 153, Km 7, Riozinho, Irati, PR, 84500-000 Brasil. 2 Programa de Pós-Graduação em Ciência Florestal, Faculdade de Ciências Agronômicas (FCA), Universidade Estadual Paulista "Júlio Mesquita Filho" (Unesp), Rua Doutor José Barbosa de Barros, 1780, Jardim Paraíso, Botucatu, SP, Brasil, CEP 18610-307.

*tambarussi@gmail.com

Palavras-chave: Ora-pro-nóbis; BLUP, genética quantitativa

Este é o primeiro estudo de genética com a espécie. *Pereskia aculeata* Mill. é popularmente conhecida como ora-pro-nóbis, pertencente à família Cactaceae. É proveniente das regiões tropicais das Américas Latina. Devido ao seu alto teor de proteínas e vitaminas e fácil manejo e cultivo, pode ser produzida em larga escala e complementar tanto a alimentação humana como a animal. O objetivo da pesquisa foi estimar parâmetros genéticos quantitativos em um teste clonal em viveiro de *P. aculeata* para 10 clones da espécie para dar início ao melhoramento desta população. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado (DIC), com uma planta por parcela, 10 genótipos (tratamentos) e 15 repetições para cada genótipo. Foram avaliados o número de brotações (NB), altura de broto (A, cm) e diâmetro do colo do broto (COL, mm) aos 10 meses de idade. Os valores genotípicos de cada caráter analisado foram estimados pelo procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), usando o modelo linear misto número 83, $y=Xu+Zg+e$, em que y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral (efeito fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), e e é o vetor de resíduos (efeito aleatório). Os valores médios para NB, A e COL foram de 4,80; 24,25 e 0,33, respectivamente. As herdabilidades no sentido amplo variaram de 0,07, para NB a 0,55 para COL e altura. Houve pouca variação quanto ao número de brotos e diâmetro de colo dos brotos entre os clones, mas o coeficiente de variação relativa (1,12) indica a possibilidade de seleção de clones a partir do comprimento de maior broto com acurácia seletiva de 0,88. A procedência de *P. aculeata* estudada apresenta variação genética suficiente para viabilizar o estabelecimento de programas de melhoramento genético da espécie, bem como formação de banco de germoplasma. Os resultados da presente pesquisa são de grande relevância para o pré-melhoramento genético da espécie.

Agradecimentos: Fernanda Bortolanza Pereira e Isabel Homczinski foram apoiadas pela bolsa de mestrado CAPES e o Dr. Evandro Vagner Tambarussi foi apoiado pela bolsa de pesquisa da Fundação Araucária.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Produtividade e parâmetros genéticos de populações para melhoramento de *Corymbia* spp.

Gabriel de Resende Baroni[1]; Marcos Rafael Amâncio[2]; Paulo Henrique Müller da Silva[2]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – Universidade de São Paulo. [2]Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais (IPEF).

*gabrielbaroni92@gmail.com

Palavras-chave: herdabilidade; florestas; procedências

As espécies de *Corymbia* spp. possuem potencial para o setor florestal de celulose, mas ainda não foi desenvolvido um trabalho de pré-melhoramento no Brasil. O objetivo foi descrever a produtividade, sobrevivência e parâmetros genéticos do diâmetro a altura do peito (DAP) de árvores de populações para melhoramento de *Corymbia henryi* (CH), *Corymbia maculata* (CM) e *Corymbia citriodora* sub. *variegata* (CCV). Para isso, foram implantadas em Itatinga, SP um teste de lotes de sementes para cada espécie: CH; CM; CCV. Esses lotes foram de sementes importadas da Austrália, sendo que cada lote era formado ora por sementes vindas de pomares ora de sementes coletadas em florestas naturais. Inclusive o lote poderia ter mais de uma procedência e ser formado por quantidade diferente de árvores doadoras de sementes. O delineamento experimental desses testes foram em blocos casualizados. Os testes de CM e CCV possuíram nove repetições de 15 tratamentos com parcelas lineares de 10 plantas, enquanto CH possuiu 10 repetições de 5 tratamentos e parcelas lineares de 10 plantas, sendo que o espaçamento foi de 3 x 1,75 m. As avaliações do DAP, altura total e sobrevivência ocorreram aos 32 meses, posteriormente foi calculado o incremento médio anual (IMA) e os parâmetros genéticos para a DAP: herdabilidade média dos lotes (h_{mp}); coeficiente de efeito de parcelas (c^2_{par}); coeficiente de variação experimental (CV_e). Esses parâmetros foram obtidos utilizando o software R, sendo que o modelo foi composto pelos efeitos de blocos, parcelas, tratamentos, sendo o primeiro fixo e os demais aleatórios. O IMA em m^3 ha ano^{-1} de CH, CM e CCV apresentaram valores de 23,58; 25,00; 18,83; enquanto para sobrevivência foram de 95%; 95%; 94%. Os valores de DAP médio em centímetros de CH, CM e CCV apresentaram, respectivamente, 7,81; 7,64; 7,16. Esses materiais genéticos apresentaram valores moderados de crescimento e alta sobrevivência. Os testes não apresentaram diferença significativa entre tratamentos. Isso ocorreu por causa da alta variação dentro dos tratamentos, além disso vários dos tratamentos foram de lotes da mesma procedência. Houve diferença significativa entre parcelas para CCV e CM. A h_{mp} de CH, CM e CCV apresentaram valores de 0,46; 0,32; 0,51, respectivamente. Esses valores de hmp são considerados baixos a moderados. Os valores de c^2_{par} foram de 0,003; 0,05; 0,09; respectivamente para CH, CM e CCV. Apesar da diferença ser significativa os valores de c^2_{par} foram baixo, assim houve baixa influência do efeito ambiental de parcelas na variância fenotípica. Enquanto os valores de CV_e foram de 0,31; 0,32; 0,34 para CH, CM e CCV. Esses valores de CV_e foram considerados moderados. Essas espécies possuíram produtividade moderada e baixa variabilidade genética, porém carecem de continuidade do melhoramento, assim com o avanço das gerações de melhoramento essas apresentarão alto potencial.

Agradecimentos: Capes; Fapesp; IPEF

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PRODUTIVIDADE, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE CLONES EUCALIPTO EM DIFERENTES ESPAÇAMENTOS DE PLANTIO

João Pedro Peixoto Fernandes[1]; William de Medeiros Silva[1]; Marcio José de Araújo[1]; João Vitor Oliveira de Souza[1]; Robson Luis Silva de Medeiros[1]; Rinaldo Cesar de Paula[1]

[1]UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal.

*jpfernandes.rn@gmail.com

Palavras-chave: Interação genótipo x ambiente; MHPRVG; REML/BLUP

A identificação do espaçamento adequado em plantios florestais é importante para que cada genótipo possa apresentar o máximo crescimento com a melhor qualidade, contudo, o espaçamento ideal em plantios florestais não deve ser generalizado e sim estudado particularmente em cada situação, considerando a singularidade de cada sítio e espécie. Sabendo-se da dificuldade na definição do espaçamento ideal e na identificação de clones cujos ganhos genéticos não fiquem restritos a um determinado espaçamento, é importante identificar clones que sejam, além de produtivos, estáveis e adaptados a diferentes espaçamentos. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi determinar a produtividade, adaptabilidade e estabilidade de clones comerciais de eucalipto em diferentes espaçamentos de plantio. O experimento foi instalado em delineamento sistemático, com 10 clones, sete repetições, uma planta por parcela, em sete espaçamentos (0,5m x 3,0m; 1,0m x 3,0m; 1,5m x 3,0m; 2,0m x 3,0m; 2,5m x 3,0m; e 3,0m x 3,0m; 3,5m x 3,0m), onde foi avaliado o Diâmetro à Altura do Peito (DAP) aos 24 meses. A estimação dos parâmetros genéticos e componentes de variância foi realizada pelo procedimento REML/BLUP. As análises de produtividade, adaptabilidade e estabilidade simultâneas foram realizadas com base no método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG), preditas via modelos mistos. O espaçamento influenciou no desenvolvimento dos clones, resultando em diferença nas médias do DAP, sendo maior para os espaçamentos menos adensados. Com base nos coeficientes de variação experimental (17,5%) e genotípica (12,7%), na herdabilidade média (0,94), e na acurácia da seleção dos clones (0,97), é possível afirmar que existe alta relação entre o valor genético verdadeiro e o predito e um alto controle genético, o que possibilita grande potencial de seleção. Em cinco dos sete espaçamentos avaliados, os clones 5, 6 e 10 apresentaram as maiores médias para o DAP, e estes foram também os melhores clones de acordo com a MHPRVG e, portanto, conclui-se que esses clones são superiores quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade nos diferentes espaçamentos.

Agradecimento - O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PROPORÇÃO SEXUAL EM POMAR DE SEMENTES DE *Myracrodruon urundeuva*

Lara Comar Riva[1], Marcela Aparecida de Moraes[2], Francieli Alves Caldeira Saul[1], José Cambuim[1], Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira/UNESP. [2]Faculdade de Ciências Agronômicas/UNESP.

lara-comar@hotmail.com

Palavras-chave: Conservação; Fenologia; Tamanho efetivo.

A espécie arbórea *Myracrodruon urundeuva* é dioica e endêmica no Brasil, sendo considerada ameaçada em extinção. A falta de informações sobre sua fenologia é um problema para a elaboração de técnicas eficazes para manejo e conservação. Neste contexto, o objetivo desse estudo foi verificar a proporção sexual e o tamanho efetivo populacional, entre duas populações de *M. urundeuva*: Bauru-SP e Selvíria-MS. O teste de progênies e procedências foi instalado na FEPE da FEIS/UNESP em Selviria-MS, no delineamento experimental de blocos casualisados, com 28 progênies, 3 repetições e 10 plantas por parcela linear, no espaçamento de 3,0 x 3,0 metros. Aos 31 anos após o plantio foram avaliadas as plantas com florescimento masculino e feminino. Verificou-se que na população de Bauru, dos 597 indivíduos existentes no teste 350 apresentaram florescimento ♂ e 247 ♀. Na população de Selvíria dos 578 indivíduos, 339 apresentaram florescimento ♂ e 239 ♀. A razão sexual (*r*) nas duas populações foi de 0,41, o que corresponde a uma proporção sexual de 1♂:0,7♀, sendo significativo pelo teste do x^2 nas populações em relação a proporção esperada de 1♂:1♀. Porém, não houve variação entre as populações. Em relação ao tamanho efetivo (Ne), considerando a proporção sexual de 1♂:1♀ na população de referência e que as progênies são de polinização aberta, o Ne inicial dessas duas populações seria de 112, mas na realidade este valor foi de 56, o que corresponde a uma queda de 50% do Ne da população de referência. Dessa forma, na formação de um teste de progênies e procedências em um pomar de sementes por mudas, deve-se levar em consideração, além de um caráter de crescimento, a proporção sexual.

Agradecimentos: Agradecimento a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq – Processo nº 303.103/2017-5.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Qualidade fisiológica de sementes de diferentes árvores matrizes de *Handroanthus serratifolius* (Vahl) S. O. Grose

Patrícia Cândido da Cruz Silva[1*]; Rinaldo Cesar de Paula[4]; Tamara Mariel Valdovinos[2]; Bruna Zanatto[2]; José de Oliveira Cruz[3]; João Victor Oliveira de Souza[2]; Márcio José de Araujo[5]

[1]Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", FCAV, Jaboticabal-SP, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Vegetal). [2]Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", FCAV, Jaboticabal-SP, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. [3]Universidade de Brasília, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Produção Sustentável), Brasília-DF. [4]Professor titular do Departamento de Fitotecnia (Produção Vegetal), Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", FCAV, Jaboticabal-SP. [5]Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", FCAV, Jaboticabal-SP.

*patriciacandidocs@gmail.com

Palavras-chave: potencial fisiológico; ipê-amarelo; vigor

Handroanthus serratifolius é uma espécie arbórea que possui madeira de grande valor sendo, também, recomendada para arborização e recuperação de áreas degradadas. O potencial fisiológico de sementes é, normalmente, avaliado pelo teste de germinação mas o uso de testes de vigor complementa as informações fornecidas pelo teste de germinação, proporcionando maior precisão nos resultados. Objetivou-se avaliar a variabilidade no potencial fisiológico de sementes de árvores matrizes de *H. serratifolius*, pelo teste padrão de germinação (TPG) e de deterioração controlada (DC). O TPG foi conduzido em B.O.D. a 25ºC, usando-se cinco repetições de 25 sementes por árvore matriz, semeadas em rolo de papel, previamente esterilizado, umedecido com água deionizada em quantidade equivalente a 2,5 vezes a massa do papel não hidratado. O número de sementes germinadas foi avaliado diariamente até o 20º dia após instalação do experimento, tendo como critério de germinação a emissão da radícula maior ou igual a 0,5 cm. Ao final do teste foram calculadas as porcentagens de germinação e de plântulas normais (PN). Para o teste de DC, os teores de água das sementes foram elevados a 20%, pelo método da atmosfera úmida, com posterior acondicionamento das sementes em recipiente de vidro envolvido com papel alumínio e incubados em B.O.D. a 10°C para atingirem equilíbrio higroscópico. Em seguida foram mantidas em banho-maria a 45°C por 24 horas e posteriormente submetidas ao teste de germinação conforme descrito anteriormente. Os dados foram submetidos a análise de variância, em delineamento de blocos casualizados, em esquema fatorial 13 x 2 (13 árvores matrizes e sementes submetidas ou não ao teste de deterioração controlada) e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5%. A interação árvores matrizes x deterioração controlada foi significativa. As matrizes que tiveram germinação significativamente diferente ao serem submetidas à DC foram 1, 2, 4, 6, 7, 8, 9 e 13. Para a formação de plântulas normais, as matrizes 3, 5, 10 e 11 não apresentaram diferenças significativas após submetidas ou não à deterioração controlada. Quando submetidas ao TPG as 13 árvores matrizes foram divididas em 4 grupos para germinação e em 5 grupos para PN; para sementes submetidas à DC houve a formação de 5 grupos para germinação e 4 grupos para PN. No TPG a germinação variou de 40 a 95% entre as matrizes enquanto no teste de DC, a germinação variou de 6 a 96%. A porcentagem de PN variou de 21 a 95% no TPG e de 6 a 85% no teste de DC. Pode-se concluir que a deterioração controlada reduz a porcentagem de germinação e formação de plântulas normais de forma diferenciada entre árvores matrizes de *H. serratifolius* possibilitando detectar diferenças entre matrizes com germinação semelhante no teste padrão de germinação.

Agradecimentos: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

REDE DE CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM CLONES DE SERINGUEIRA

Isabela de Castro Sant' Anna [1]; Erivaldo José Scaloppi Júnior [1]; Rogério Soares Freitas [1]; Paulo de Souza Gonçalves [1];

[1]Centro de Seringueira e Sistemas agroflorestais, Instituto Agronômico (IAC).

isabelacsantanna@gmail.com

Um dos principais desafios do melhoramento genético da seringueira [Hevea brasiliensis (Willd. ex Adr. Juss.) Muell. Arg.; Euphorbiaceae] é a redução do ciclo de seleção para novos clones e o aumento da produtividade de látex. Dessa forma, o presente trabalho avaliou a relação da produção de borracha seca com variáveis morfológicas e estruturais do sistema laticífero em progênies de polinização aberta de seringueira para entendimento das relações de causa e efeito entre os caracteres visando possibilitar futuras seleções precoces. As progênies foram obtidas de sementes de 22 clones selecionados para à produção e vigor de uma população-base estabelecida no Instituto Agronômico (IAC), em Campinas, de origem asiática e africana. Os testes de progênies foram instalados em Jaú, Pindorama e Votuporanga, em delineamento de blocos casualisados, cinco repetições e 10 plantas por parcela, no espaçamento 2,0 x 2,0 m. As variáveis avaliadas aos três anos de idade foram: produção de borracha seca; perímetro do caule; espessura de casca; número de anéis de vasos laticíferos; distância média entre os consecutivos anéis de vasos laticíferos; comprimento, diâmetro e índice peciolar; comprimento e largura do folíolo; largura, área e índice foliar e número de lançamentos foliares aos dois anos. Foram estimados coeficientes de correlações genotípicas e fenotípicas entre essas variáveis. As correlações foram utilizadas para uma representação gráfica utilizando rede de correlações utilizando o programa Genes. Posteriormente, realizou-se a diagnose da multicolinearidade, bem como o desdobramento das correlações genotípicas, em efeitos diretos e indiretos do perímetro do caule, dos caracteres anatômicos da casca e caracteres morfológicos foliares sobre a produção de borracha seca. Os caráteres que apresentaram correlações genotípicas significativas com a produção de borracha seca foram o perímetro do caule, seguido pela espessura da casca e o número de anéis de vasos laticíferos para os três locais avaliados. A variável perímetros do caule apresentou o maior efeito direto na produção de borracha seca. Pela análise de redes de correlações, também foi possível observar que as variáveis morfológicas apresentaram baixa correlação com a produção de borracha seca e que o perímetro do caule apresenta correlação altamente significativa produção, com espessura de casca e número de lançamentos foliares em Jaú, Pindorama e Votuporanga, indicando que que essa variável pode contribuir para a seleção de forma direta e indireta.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

REDES NEURAIS ARTIFICIAIS PARA PREDIÇÃO DE VALOR GENOTÍPICO DE CLONES DE EUCALIPTO

William de Medeiros Silva[1]; Marcio José de Araújo[1]; João Pedro Peixoto Fernandes[1]; João Vitor Oliveira de Souza[1] Robson Luis Silva de Medeiros[1]; Bruna Zanatto[1], Rinaldo Cesar de Paula[1]

[1]UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal .

*will.medeirossilva@gmail.com

Palavras-chave: Inteligência Artificial; RNA; REML/BLUP

O principal objetivo dos programas de melhoramento genético florestal é a seleção e recomendação de genótipos superiores para plantios em escala comercial e, neste sentido, a utilização de ferramentas eficazes que auxiliem na seleção é essencial para o sucesso dos programas. Assim, o presente trabalho objetivou avaliar o desempenho das Redes Neurais Artificiais (RNA) na predição de valor genotípico de clones comerciais de eucalipto para a variável Diâmetro à Altura do Peito (DAP). Para o treinamento da RNA foram simulados dados de 64 experimentos que variaram quanto às médias (5, 10, 15 e 20 cm), às herdabilidades (30, 40, 50 e 60%) e aos coeficientes de variação (10, 20, 30 e 40%), de acordo com valores comumente encontrados para o DAP em experimentos com eucalipto. Para validação das RNA foram utilizados dados de um teste clonal de eucalipto em idade juvenil (24 meses), instalado em delineamento de blocos casualizados com 10 clones, seis repetições e cinco plantas por parcela. Para obtenção das estimativas dos valores genotípicos, utilizados como variável de saída nas fases de treinamento e validação da RNA, foi utilizado o procedimento REML/BLUP. A RNA avaliada foi do tipo múltiplas camadas, com algoritmo de aprendizagem por retropropagação do erro (*backpropagation*), função de ativação do tipo tangente hiperbólica e número máximo de iterações igual a 1.000. A arquitetura da RNA contou com três entradas na camada de entrada, três camadas ocultas contendo quatro neurônios cada uma, e uma camada de saída com um neurônio. As variáveis utilizadas como entradas da rede foram a média geral do experimento para o DAP, a média e a amplitude do DAP do clone considerando todas as árvores vivas. A correlação entre os valores genotípicos preditos pelo método REML/BLUP e os obtidos pela RNA foi de 97,8% na fase de treinamento e de 99,3% na etapa de validação. O erro médio entre os valores genotípicos estimados pelos dois métodos ficou próximo de zero (0,07), indicando ausência de tendência nos resultados obtidos pela RNA. O bom desempenho da RNA na etapa de validação refletiu na correlação do ordenamento dos clones (100%). Assim, a RNA de múltiplas camadas apresenta bom desempenho na predição de valor genotípico de clones de eucalipto para a variável DAP e constitui-se em ferramenta promissora para seleção de clones em programas de melhoramento florestal.

Agradecimento - O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA EM LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA COM INTROGRESSÃO DE ACESSO DA ETIÓPIA SILVESTRE

Kawana S. Bortolato[1]; Nathan A. N. Pereira[3]; Marco A. C. Fedato Junior[3]; Angelita G. da Silva[1]; Fernando C. Carducci[2]; Carlos T. M. Pereira[1]; Valdir Mariucci Junior[2]; Gustavo H. Sera[1]*

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina. [3]Universidade Norte do Paraná.

*gustavosera@iapar.br

Palavras-chave: *Coffea; Hemileia vastatrix; Pseudomonas.*

A ferrugem alaranjada (FERR), causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, e a mancha aureolada (MA), causada pela bactéria *Pseudomonas syringae* pv. *garcae*, são importantes doenças do cafeeiro. A única cultivar de café arábica identificada com alta resistência à MA é a IPR 102. O IAPAR possui várias linhagens derivadas de (Etiópia x Catuaí) x IAPAR 59 selecionadas para resistência à MA, as quais ainda não foram avaliadas para resistência à FERR. O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens F6 com potencial produtivo e resistência à FERR. O experimento foi instalado a campo em outubro de 2016 no IAPAR, em Londrina, PR (temperatura média anual = 21,1°C; altitude = 580 m), com espaçamento de plantio de 2,75m x 0,60m. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de sete plantas. Foram avaliadas 16 linhagens F6 de (Etiópia E061 x Catuaí Vermelho IAC-46) x IAPAR 59, além das cultivares IPR 102, IPR 107 e Catuaí Vermelho IAC-99, utilizadas como padrões para comparação de produtividade. IPR 107 foi o controle altamente resistente à FERR e Catuaí o suscetível. A avaliação foi realizada em março de 2019 e as variáveis analisadas foram: produtividade (sacas beneficiadas/ha), índice de desenvolvimento vegetativo (IDV), índice de nutrição foliar (INF) e resistência à FERR. Para o IDV, foi utilizada uma escala de 1 a 10, onde 1 era atribuído a plantas com menor vigor e 10 a plantas mais vigorosas. Na avaliação do INF, foi utilizada escala de 1 a 10, sendo 1 para plantas com folhas de coloração amarelada e 10 para plantas com folhas verde escuras. Para FERR, foi utilizada uma escala de 1 a 5, sendo 1 plantas resistentes e 5 plantas mais suscetíveis. Os dados foram analisados pelo Teste de Tukey a 5%. O IDV e o INF auxiliam na estimativa de produção da próxima safra. No geral, todas linhagens não diferiram das cultivares padrões para produtividade, IDV e INF, indicando que possuem grande potencial produtivo. A linhagem nº 7 foi a mais produtiva, pois foi a única que diferiu da linhagem menos produtiva, porém apresentou o menor IDV e INF, podendo ter relação com sua maior produtividade e indicando uma possível queda na produtividade do próximo ano. Foram identificadas 14 linhagens altamente resistentes à FERR, as quais não diferiram do controle resistente e diferiram do controle suscetível. As 14 linhagens serão avançadas para próxima geração de autofecundação, porém será necessário mais um ano de avaliação da produtividade, IDV e INF para definir quais são as melhores.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

RESISTÊNCIA DA VIDEIRA À ANTRACNOSE

Lenon Romano Modesto[1*]; Daniel Mass Steiner[1]; Marco Antonio Dalbó[2]; Rubens Onofri Nodari[1]; Aparecido Lima da Silva[1];Leocir José Welter[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina -UFSC. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina -EPAGRI.

*lenon_modesto@hotmail.com

Palavras-chave: *Elsinoë ampelina*, *Vitis vinifera*, melhoramento assistido por marcadores.

A antracnose da videira é uma das principais doenças da viticultura tropical e subtropical, porém frente a mudanças climáticas pode se tornar importante para outras regiões produtores de uva. O principal método utilizado como controle da doença é o uso de fungicidas, que causam prejuízos à saúde humana e ao meio ambiente. Portanto, o melhoramento genético se apresenta como uma alternativa de manejo, sendo que a espécie de maior importância econômica, *Vitis vinifera*, é suscetível a doença. Além disso, genes de resistência à doença ainda não foram mapeados, impossibilitando o uso da seleção assistida por marcadores moleculares. O presente estudo objetivou avaliar uma população segregante do programa de melhoramento genético da videira UFSC/EPAGRI quanto à resistência à antracnose da videira para futuro uso no mapeamento genético de genes. A população segregante é composta de 71 plantas obtidas do cruzamento entre MGM4 (resistente) e A190 (suscetível). O parental MGM4 e as progênies foram inoculados artificialmente com o isolado de *E. ampelina* previamente caracterizado morfológica e geneticamente. Avaliou-se o início do aparecimento da doença (dias), a severidade (%) e por escala de nota (OIV) aos 10 dias após a inoculação (dai). Um indivíduo apresentou-se como totalmente resistente sem sintomas da doença, nota 1 segundo a escala da OIV, considerado resistente. Os outros genótipos tiveram o início do aparecimento dos sintomas entre aos 7 e 11 dai. Sendo que 10 genótipos e o parental MGM4 foram classificados como parcialmente resistentes, com a média de aparecimento da doença aos 9 dai, nota 3 e severidade 7,30 %. Onze progênies apresentaram resistência intermediária, com média do aparecimento da doença de 7 dai, nota 5 e 13,73 % de severidade. As progênies parcialmente suscetíveis tiveram o aparecimento da doença em média aos 8,5 dai, foram classificadas com nota 7 e severidade de 20.91%, compreendendo 34 plantas. Os genótipos suscetíveis, 16 plantas, obtiveram em média nota 9, severidade média de 40,40 % e os primeiros sintomas 7,5 dai. Nota-se que o parental masculino não possui a resistência completa e por isso a maioria das progênies foram parcialmente suscetíveis. Uma progênie apresentou segregação transgressiva, pois a resistência foi maior que a do parental doador. Sendo que a resistência se manifestou através do atraso no aparecimento dos sintomas, barreira de penetração do patógeno, e limitação da expansão das lesões. Conclui-se que a população estudada apresenta segregação quantitativa quanto a resistência a antracnose, podendo ser utilizada para o melhoramento genético da doença e o mapeamento de genes ligados à essa característica.

Agradecimentos: A capes pela bolsa de pesquisa do primeiro autor. A FAPESC pelo fomento do projeto. Ao Julius Kühn Institut-JKI e governo alemão pelo fomento e parceria no projeto.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

RESISTÊNCIA SIMULTÂNEA À FERRUGEM ALARANJADA E MANCHA AUREOLADA EM LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA

Valdir Mariucci Junior[2]; Marco A. C. Fedato Junior[3]; Nathan A. N. Pereira[3]; Angelita G. da Silva[1]; Cintia O. Costa[1]; Lorena S. N. de Souza[1]; Inês Cristina de Batista Fonseca[2]; Gustavo H. Sera[1*]

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina. [3]Universidade Norte do Paraná.

*gustavosera@iapar.br

Palavras-chave: *Coffea; Hemileia vastatrix; Pseudomonas.*

A ferrugem alaranjada (FA), causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, e a mancha aureolada (MA), causada pela bactéria *Pseudomonas syringae* pv. *garcae*, são importantes doenças do cafeeiro. A única cultivar de café arábica identificada com alta resistência à MA é a IPR 102, que possui moderada resistência (MR) à FA. Ainda não foram identificadas cultivares de café com alta resistência (AR) à FA e AR à MA. O IAPAR possui várias linhagens derivadas de (Etiópia x Catuaí) x IAPAR 59, as quais ainda não foram avaliadas para resistência à FA e à MA. O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens F5 com potencial produtivo e resistência simultânea à FA e à MA. O experimento foi instalado a campo em novembro de 2014 no IAPAR, em Londrina, PR (temperatura média anual = 21,1°C; altitude = 580 m), com espaçamento de plantio de 2,50m x 0,50m. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de 10 plantas. Foram avaliadas 16 linhagens F5 de (Etiópia E061 x Catuaí Vermelho IAC-46) x IAPAR 59, além das cultivares IPR 103, IPR 107, IAPAR 59 e Catuaí Vermelho IAC-99, utilizadas como padrões para comparação de produtividade. Os controles AR à FA foram IPR 107 e IAPAR 59 e para o suscetível (S), utilizou-se Catuaí. Como controle MR para MA foi utilizado IAPAR 59 e como S o Catuaí. Em maio dos anos 2017 e 2018 foram avaliadas as variáveis produtividade (sacas beneficiadas/ha) e severidade da FA. Em janeiro de 2016 foi avaliada a variável severidade da MA. Para FA e MA, foi utilizada uma escala de 1 a 5, sendo 1 para plantas mais resistentes e 5 para plantas mais suscetíveis. Os dados foram analisados pelo teste de agrupamento de médias Scott-Knott a 5%. Os controles IAPAR 59 e IPR 107 foram AR à FA, enquanto que IPR 103 apresentou resistência intermediária e Catuaí foi S. Para resistência à MA, o IAPAR 59 foi resistente, enquanto que, IPR 103 e IPR 107 apresentaram resistência intermediária e Catuaí foi S. Todas linhagens, com exceção da nº 5, foram AR à FA e MA, sendo que a fonte de resistência à FA foi IAPAR 59 e para resistência à MA foram IAPAR 59 e Etiópia E061. Das 16 linhagens, 11 foram simultaneamente resistentes às duas doenças e não diferiram para produtividade quando comparado com as cultivares IAPAR 59, IPR 107 e IPR 103 e foram mais produtivas do que o controle Catuaí. Essa última é a cultivar mais plantada no Brasil e é S para FA e MA. As 11 linhagens serão avançadas para geração F6 e possuem grande potencial de se tornarem novas cultivares com alta produtividade e resistência simultânea às duas doenças.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café e ao órgão financiador CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE CLONES JUVENIS DE CACAUEIRO EM ENSAIO-PILOTO, COMO BASE PARA FUTURO CULTIVO NO NORTE MINEIRO

L. A. S. Dias[1*]; Rodrigo C. Medrado[2]; Marcos D. V. Resende[1], Dandara R. Muniz[1], Thais R. Corrêa[3], Odimar F. Almeida[1], Gabriela M. Aparecida[1]

[1] Universidade Federal de Viçosa (UFV). [2] Universidade Estadual de Montes Claros. [3] Embrapa Floresta/UFV. [4] Universidade Estadual do Maranhão.

*E-mail: lasdias@ufv.br

Palavras-chave: *Theobroma cacao* L.; agronegócio mineiro; emprego e renda.

Na atualidade, a pauta do agronegócio mineiro se mantém restrita, embora represente 34% do produto interno bruto do estado. Apenas a exportação de café respondeu por 57% dessa pauta. Essa situação torna a economia mineira vulnerável e representa risco de colapso para o estado. O cacaueiro é uma fruteira tropical cujas amêndoas fermentadas e secas são a matéria-prima para a fabricação do chocolate. No Brasil, a cadeia produtiva do cacau e do chocolate gera 12 bilhões de reais anualmente. O cultivo envolve 60 mil produtores em 700 mil hectares, em seis estados. Essa oportunidade de emprego e renda proporcionada por esse cultivo rentável e sustentável pode ser apropriada pelo norte mineiro. A presente pesquisa objetivou introduzir e induzir o cultivo de cacau na região norte de Minas Gerais. Para tanto instalou-se um ensaio-piloto na Empresa Banarica, em Janaúba, em janeiro de 2013, sob delineamento foi o de blocos casualizados, com 13 clones, quatro blocos e parcelas de quatro plantas em espaçamento de 3 x 2 m. O ensaio-piloto é irrigado por microaspersão e todas as práticas de manejo preconizadas para o cultivo estão sendo realizadas. A produção foi avaliada por meio do número de frutos (NF) e dos pesos deles (PF) e das sementes (PS). Peso Médio de Frutos (PMF, g), Peso Médio de Sementes por Frutos (PMSF, g), Peso de Sementes Úmidas (PSU, kg/ha) e Peso de Sementes Secas (PSS, kg/ha) foram derivados de NF, PF e PS. Dados acumulados desses componentes de produção foram coletados durante 10 colheitas, sendo quatro em 2017 e seis em 2018, e analisados por modelos mistos. Com base na análise de deviance, houve expressiva variabilidade para todos os componentes, mesmo com coeficientes de variação experimental de alta magnitude devido a juvenilidade dos clones. Um dos 13 clones produziu 2715 kg/ha de amêndoas úmidas, correspondente a 1086 kg/ha de amêndoas fermentadas e secas. O resultado dessa avaliação, realizada com dados de quarto e quinto anos de campo, demonstrou o grande potencial para o cultivo de cacau na região norte mineira.

Agradecimentos: Ao CNPq, Capes e Fapemig.

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMÃO VIA GT BIPLOT

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi[1]; Renato Santa Catarina[1]; Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri[1]; Diego Fernando Marmolejo Cortes[2]; Alinne Oliveira Nunes Azevedo[1]; Daniel Pereira Miranda[1]; Josefa Grasiela Silva Santana[1]; Adriana Azevedo Vimercati Pirovani[1]; Helaine Christine Cancela Ramos[1]; Messias Gonzaga Pereira[1].

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, Av. Alberto Lamego, 2000, 28013-602, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil. [2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, Rua Embrapa s/n, 44380000, Cruz das Almas, BA, Brasil.

juliocesar.f.v@hotmail.com

Palavras-chave: Melhoramento de mamão, Topcross, Seleção.

O mercado nacional e internacional, vem demandando constantemente frutos de mamoeiro com altos níveis de produtividade e qualidade de frutos. Para identificar genótipos superiores à nível de produção, o presente trabalho foi realizado, utilizando híbridos de mamão obtidos a partir de linhagens recombinadas F_4 cruzadas com o genitor UC-SS-72/12 via análise GT biplot. Foram avaliados 169 tratamentos, sendo 62 combinações híbridas topcrosses, 97 linhagens F_5 e 10 testemunhas (UC-Sekati, UC-JS12, UC-SS-72/12, Maradol, Waimanalo, 'UENF/CALIMAN 01', 'Tainung', 'Golden', 'Aliança' e 'UC10'). Foi utilizado o delineamento em látice 13 x 13 com cinco repetições e duas plantas por parcela. As características avaliadas foram: número de frutos comerciais – NFC (un.), peso médio de frutos – PMF (g) e produtividade de frutos – PROD (kg planta^{-1}), por meio da análise de imagem digital. Os 62 híbridos foram divididos em dois grupos, o primeiro com frutos de tamanho intermediário (31 híbridos) com PMF até 1 kg e o segundo com frutos padrão Formosa (31 híbridos) com PMF acima de 1kg. Tais genótipos foram submetidos a análises com GT biplot no programa R. Diferenças significativas foram observadas para todas as características avaliadas, ficando evidente a presença de variabilidade genética nos materiais em estudo. As estimativas de herdabilidade foram de 0,82 e 0,95 para as características NFC e PMF, respectivamente, indicando grande chance de ganhos genéticos nos procedimentos de seleção. Para os híbridos de frutos intermediários, os dois primeiros componentes da análise biplot explicaram 99,15% da variação total, enquanto que para os híbridos padrão Formosa, os dois primeiros componentes da análise biplot explicaram 98,28% da variação total. Esses resultados tornam possível a seleção segura de genótipos baseada na análise multivariada. Assim, pela análise GT biplot para os híbridos no grupo Intermediários possibilitou a seleção dos híbridos H68, H70 e H10 para as características PROD e NFC e os híbridos H62 e H61 para as características PROD e PMF. Para o grupo de híbridos padrão Formosa, pela análise GT biplot foi possível selecionar os híbridos H65 e H35 para a característica NFC, H38 para a característica PROD, H19 para a característica PMF e H86 para as características PROD e PMF. Ambos os híbridos selecionados nos dois grupos apresentaram produtividade superior as testemunhas 'UC10' do grupo Formosa e 'Aliança', 'Golden', UC-SS-72/12 e 'Calimosa' do grupo Intermediário. Tais híbridos constituem possíveis materiais que poderão atender as necessidades dos mercados interno e externo e que poderão ser futuramente disponibilizados aos produtores como novas cultivares de mamão.

Agradecimentos: Este estudo foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de financiamento 001, Universidade Estadual do Norte Fluminense "Darcy Ribeiro" - UENF, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ e Caliman Agrícola S.A.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA DERIVADAS DA SÉRIE BA COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA

Lorena S. N. de Souza[1]; Angelita G. da Silva[1]; Luciana H. Shigueoka[1]; Fernando C. Carducci [2]; Carlos T. M. Pereira[1]; Kawana S. Bortolatto[1]; Cintia O. Costa[1]; Gustavo H. Sera[1*]

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina.

*gustavosera@iapar.br

Palavras-chave: *Coffea* spp.; *Hemileia vastatrix*; melhoramento.

A doença ferrugem alaranjada (*Hemileia vastatrix*) é a principal doença do café. Cafeeiros arábicos da série BA possuem introgressão da espécie *Coffea liberica* e possuem características favoráveis como alta resistência à ferrugem devido à presença do gene *SH3*, tolerância à seca e resistência ao nematoides. O IAPAR possui linhagens derivadas da série BA em diferentes gerações de autofecundação, as quais ainda não foram caracterizadas agronomicamente. Portanto, o objetivo desse estudo foi selecionar linhagens derivadas da série BA com resistência a ferrugem e caracteres agronômicos desejáveis. O experimento em campo foi instalado em outubro de 2016 no IAPAR em Londrina, Pr (temperatura média anual = 21,1ºC; altitude = 580m). O delineamento experimental utilizado foi em DBC com três repetições e 10 plantas por parcela, no espaçamento 2,75 x 0,60m. Foram avaliadas 27 linhagens derivadas de cafeeiros BA-10 e BA-21. Essas linhagens estão em diferentes gerações de autofecundação e foram originadas do cruzamento de BA-10 e BA-21 com diferentes cultivares como Catuaí, Mundo Novo, Acaiá e Geisha. As cultivares IPR 100, IPR 107 e Catuaí Vermelho IAC-99 foram os controles, sendo IPR 107 o padrão de resistência à ferrugem, enquanto que IPR 100 e Catuaí foram os padrões suscetíveis à ferrugem. As três cultivares foram utilizadas como padrões comparativos de produtividade e índices de desenvolvimento vegetativo (IDV) e de nutrição foliar (INF). Em março de 2019, foram avaliadas as variáveis: produtividade (sacas beneficiadas/ha), IDV, INF e resistência à ferrugem (FERR). Para IDV foi utilizada uma escala de notas de 1 a 10, sendo 1 para plantas raquíticas com troncos e ramos finos e baixa intensidade de ramificações plagiotrópicas e 10 para plantas grandes com troncos e ramos grossos e alta intensidade de ramificações plagiotrópicas. O INF foi avaliado por meio de uma escala de 1 a 10, onde 1 foram plantas com folhas amarelas e 10 para plantas com folhas verde escuras com aspecto brilhante. Para FERR foi utilizada uma escala de notas de 1 a 5, sendo 1 as plantas mais resistentes e 5 para as mais suscetíveis. Na análise estatística das variáveis, foi aplicado o teste de médias Tukey a 5%. Das 27 linhagens, 24 foram resistentes à ferrugem e não diferiram de IPR 107, além de diferirem dos controles suscetíveis, indicando que podem ter o gene *SH3* originado dos cafeeiros da série BA. Foram selecionadas 14 linhagens que foram resistentes à ferrugem, apresentaram IDV e INF superior ao dos controles e não diferiram na produtividade em relação aos controles. Como apresentaram maior IDV e INF, provavelmente na próxima safra terão uma produtividade superior aos controles.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE CAFÉ ARÁBICA DERIVADAS DE ICATU IAC 925 X SARCHIMOR IAC 1669-33 COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA E DE CICLO PRECOCE

Carlos T. M. Pereira[1*]; Fernando C. Carducci [2]; Nathan A. N. Pereira [3]; Kawana S. Bortolato[1]; Cíntia O. Costa [1]; Luciana H. Shigueoka [1]; Lorena S. N. de Souza [1]; Gustavo H. Sera [1]

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina. [3]Universidade Norte do Paraná.

*carlosthpereira@hotmail.com

Palavras-chave: Coffea spp.; *Hemileia vastatrix*; melhoramento.

Atualmente, somente as cultivares de café arábica IPR 100 e IPR 106 são resistentes aos nematoides *Meloidogyne paranaensis* e *M. incognita*, entretanto essas duas são suscetíveis à doença ferrugem alaranjada (*Hemileia vastatrix*) e são de ciclo de maturação dos frutos tardio. O IAPAR possui linhagens F7 resistentes a esses dois nematoides, as quais ainda não foram avaliadas para resistência à ferrugem e para ciclo de maturação. Portanto, o objetivo desse estudo foi selecionar linhagens F7 com resistência a ferrugem e com ciclo mais precoce que IPR 100. O experimento em campo foi instalado, em outubro de 2016 no IAPAR em Londrina, Pr (temperatura média anual de 21,1ºC e altitude = 580m). O delineamento experimental utilizado foi em DBC com quatro repetições e oito plantas por parcela no espaçamento 2,75 x 0,55m. Foram avaliadas 17 linhagens F_7 de Icatu IAC 925 x Sarchimor IAC 1669-33, além de 3 cultivares (IPR 100, IPR 107 e Catuaí Vermelho IAC-99). IPR 107 foi o padrão de resistência à ferrugem, enquanto que IPR 100 e Catuaí foram os padrões de ciclo tardio e suscetível à ferrugem. Em março de 2019, foram avaliadas as variáveis: produtividade (sacas beneficiadas/ha), índice de desenvolvimento vegetativo (IDV), índice de nutrição foliar (INF), ciclo de maturação dos frutos (MAT) e resistência à doença ferrugem alaranjada (FERR). Para IDV foi utilizada uma escala de notas de 1 a 10, sendo 1 para plantas raquíticas com troncos e ramos finos e baixa intensidade de ramificações plagiotrópicas e 10 para plantas grandes com troncos e ramos grossos e alta intensidade de ramificações plagiotrópicas. O INF foi avaliado por meio de uma escala de 1 a 10, onde 1 foram plantas com folhas amarelas e 10 para plantas com folhas verde escuras com aspecto brilhante. Para MAT foi utilizada uma escala de 1 a 5, onde 1 foram plantas com ciclo de maturação mais tardio e 5 para as mais precoces. Para FERR foi utilizada uma escala de notas de 1 a 5, sendo 1 as plantas mais resistentes e 5 para as mais suscetíveis. Na análise estatística das variáveis, foi aplicado o teste de médias Scott-Knott a 5%. Para produtividade as 17 linhagens não diferiram estatisticamente das variedades comerciais, porém nas variáveis IDV e INF as 17 linhagens foram superiores e diferiram estatisticamente de IPR100, IPR 107 e Catuaí, indicando que provavelmente na próxima safra terão uma produtividade superior. Dessas 17 linhagens, 10 apresentaram resistência a ferrugem, não diferindo estatisticamente do padrão de resistência e 9 linhagens foram mais precoces que o IPR 100 e Catuaí. Seis linhagens foram selecionadas pois apresentaram alta produtividade, resistência à ferrugem, precocidade e alto vigor, portanto possuem uma grande chance de serem novas cultivares do tipo linha pura.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE *Coffea arabica* COM INTROGRESSÃO DE *C. liberica* E *C. canephora* COM RESISTÊNCIA À FERRUGEM ALARANJADA E CICLO PRECOCE

Luciana H. Shigueoka[1*]; Valdir Mariucci Junior[2]; Angelita G. da Silva[1]; Fernando C. Carducci[2]; Carlos T. M. Pereira[1]; Nathan A. N. Pereira[3]; Marco A. C. Fedato Junior[3]; Kawana S. Bortolatto[1]; Gustavo H. Sera[1]

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina.[3]Universidade Norte do Paraná.

*lucianashigueoka@gmail.com

Palavras-chave:café; *Hemileia vastatrix;* nematoides.

A ferrugem alaranjada (FERR), causada pelo fungo *Hemileia vastatrix*, e os fitonematoides *Meloidogyne paranaensis* (MP) e *M. incógnita* (MI) causam grandes perdas para cultura do café. As únicas cultivares de café arábica com resistência à MP e MI são IPR 100 e IPR 106, porém essas duas são de ciclo tardio e suscetíveis à FERR. O IAPAR possui várias linhagens resistentes à MP e MI, com resistência à FERR e de ciclos mais precoces.O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens F4 com potencial produtivo,resistência à FERR e com ciclo mais precoce do que IPR 100. O experimento foi instalado a campo em novembro de 2014 no IAPAR, em Londrina, PR (temperatura média anual = 21,1°C; altitude = 580 m), com espaçamento de plantio de2,50m x 0,50m. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de 10 plantas. Foram avaliadas 17linhagensF4derivadas do cruzamento natural entre (Catuaí x (Catuaí x BA-10)) eSarchimor. Catuaí é um *Coffea arabica* puro, enquanto que o BA-10 possui introgressão de *C. liberica* e Sarchimor possui introgressão de *C. canephora*. Em geração anterior dessas 17 linhagens, já foram realizadas avaliações para resistência à MP e MI, sendo que todas foram simultaneamente resistentes para os dois nematoides. Como controles de produtividade foram utilizadas as cultivares IPR 100 e IAPAR 59, sendo a primeira utilizada como controle suscetível à FERR e de ciclo tardio, enquanto que a segunda como controle resistente e de ciclo mais precoce. As avaliações foram realizadasnos meses de junho dos anos 2017 e 2018 e as variáveis analisadas foram: produtividade (sacas beneficiadas/ha), resistência à FERR e ciclo de maturação dos frutos (MAT). Para FERR, foi utilizada uma escala de 1 a 5, sendo 1 plantas resistentes e 5 plantas mais suscetíveis.O MAT foi avaliado utilizando escala de 1 a 5, sendo 1 para plantas mais tardias e 5 para plantas mais precoces. Os dados da média dos dois anos de avaliação foram analisados pelo Teste de Tukey a 5%. Todas linhagens não diferiram das cultivares padrões para produtividade, indicando que possuem grande potencial produtivo, similar às cultivares IAPAR 59 e IPR 100. 13 linhagens apresentaram MAT mais precoce do que IPR 100 e não diferiram do controle de ciclo precoce IAPAR 59. 11 linhagens foram resistentes à FERR e não diferiram do controle resistente. No total foram selecionadas nove linhagens que foram resistentes à FERR e apresentaram MAT mais precoce. Essas nove linhagens serão avançadas para próxima geração de autofecundação e possuem grande potencial de se tornarem novas cultivares resistentes aos nematoides, com resistência à FERR e com ciclos mais precoces.

Agradecimentos: Apoio financeiro do Consórcio Pesquisa Café.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO DE *OCHROMA PYRAMIDALE* VISANDO PROPAGAÇÃO VEGETATIVA

Géssica Tais Zanetti[1]; Poliana Elias Figueredo[2]; Julio Cesar Santin[3]; Amaury Burlamaqui Bendahan[4]; Ana Aparecida Bandini Rossi[5]; Maurel Behling[6]; Eulália Soler Sobreira Hoogerheide[7]

[1]Mestranda do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT), Alta Floresta, MT - Brasil. [2]Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), Sinop, MT – Brasil. [3]Mestre em Agronomia, Universidade Federal de Mato Grosso (UFMT), Sinop, MT – Brasil. [4]Doutor em Ciências Agronômicas; Pesquisador da Embrapa Roraima, Boa Vista, RR – Brasil. [5]Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas. Professora do Laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular. Faculdade de Ciências Biológicas e Agrárias. PPGBioAgro; PGMP; PPGBioNorte, Universidade do Estado de Mato Grosso, Alta Floresta, MT – Brasil. [6]Doutor em Solos e Nutrição de Plantas, Universidade Federal de Viçosa (UFV). Pesquisador da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT – Brasil. [7]Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade de São Paulo (USP). Pesquisadora da Embrapa Agrossilvipastoril, Sinop, MT – Brasil. -

eulalia.hoogerheide@embrapa.br

Palavras-chave: melhoramento; silvicultura; madeira, pau-de-balsa.

Ochroma pyramidale, conhecida como pau-de-balsa, é uma espécie arbórea nativa da região norte do país nos estados do Amazonas, Acre e Rondônia. É utilizada na recuperação de áreas degradadas, bem como em plantios comerciais devido ao potencial econômico da utilização da madeira, de baixa densidade (48 a 250 $kg.m^{-3}$), na construção de hélices eólicas, laminados, isolante térmico e acústico. O Equador é o principal produtor e supre 90% do consumo mundial de madeira de pau-de-balsa. No Mato Grosso, os primeiros plantios foram realizados há cerca de dez anos. Porém, usaram-se mudas de diversas procedências e sem práticas silviculturais adequadas. Os resultados foram áreas com grande variabilidade nos padrões das árvores, como altura de fuste, diâmetro e densidade da madeira, o que gerou grande descontentamento pela indústria e silvicultores. A principal demanda da pesquisa atualmente é uniformização do crescimento das árvores, para obter-se plantios homogêneos. Assim, este trabalho teve por objetivo selecionar árvores superiores para serem utilizadas no estabelecimento de protocolo de propagação vegetativa do pau-de-balsa. Foram avaliadas três populações, contendo 2.000 árvores de procedências distintas (Equador e Brasil) em plantios comerciais no espaçamento 3x3m, no município de Guarantã do Norte, MT. Assim, em 2018 foi realizada a seleção massal das populações, com idade entre sete a oito anos. Foram considerados a sanidade, diâmetro na altura do peito (DAP) em cm, e a altura comercial (Hc) em m (corresponde à altura do tronco abaixo da trifurcação da copa). No total, 60 árvores foram selecionadas, 20 por população. Os dados foram analisados mediante estatística descritiva e plotados em gráficos de dispersão DAPxHc. Para fins de melhoramento, o DAP da espécie deve variar entre 15 e 40 cm; e a Hc deve ter no mínimo 1,8 ou múltiplos de 1,8 e 2,4 m. Isso se deve ao tamanho do torno para processamento de madeira e as dimensões das peças de compensado, a fim de aumentar a eficiência no processamento da madeira. A média geral (dos indivíduos amostrados foram: Hc=7,22 m e DAP=21,94 cm. Quanto ao DAP, todas as árvores encontram-se no padrão desejado, ou seja, entre 15 e 40 cm. Assim, a seleção baseou-se na característica da Hc cujo desvio padrão (foi de 2,32. Foi estabelecido o critério de seleção de árvores com Hc , ou seja, Hc 9,55 m, para obtenção de pelo menos cinco toras de 1,8 m; ou três de 2,4 m; ou ainda duas toras de 2,4 m e duas de 1,8 m. Portanto, foram selecionadas doze matrizes, sendo nove procedentes do Brasil e três do Equador, as quais serão utilizadas para estabelecer e otimizar o protocolo reproduzível para a estaquia ou miniestaquia. Nos plantios de pau-de-balsa no Mato Grosso foi possível selecionar material genético com padrão comercial desejável para a produção de clones e redução da heterogeneidade da altura comercial das árvores nos plantios comerciais de pau-de-balsa.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO SIMULTÂNEA EM EUCALIPTO PARA IDENTIFICAÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES

Heloisa Guimarães Santos[1*], Lucas Rodrigues Rosado[1], Juliana Andrade Dias[1], Thiago Vilela Tristão[1], Regis de Castro Carvalho[1], Flávia Maria Avelar Gonçalves[1]

[1]Universidade Federal de Lavras.

*heloisagsantos@yahoo.com.br

Palavras chave: melhoramento genético; índice de seleção; *Eucalyptus spp*.

Em qualquer programa de melhoramento, o objetivo principal é agregar em um único genótipo vários fenótipos favoráveis. Para isso é necessário que os clones ou progênies selecionadas, reúnam em um único indivíduo um conjunto de atributos que lhe confiram rendimento elevado e que satisfaça as exigências da indústria e do mercado consumidor. Assim, a utilização de índices de seleção é uma alternativa eficiente para aumentar a chance de obter materiais genéticos realmente superiores, pois permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental e assim, selecionar com base no conjunto de variáveis. O índice de Smith & Hazel é uma combinação linear de vários caracteres de importância, ponderadas pelos coeficientes determinados, levando-se em conta as variâncias genéticas e fenotípicas entre os dados fenotípicos dos caracteres envolvidos. O objetivo deste trabalho foi selecionar progênies de *Eucalyptus spp.* que reúnam maiores circunferências à altura do peito (CAP), densidades básicas, rendimentos de polpa de celulose e menores quantidades de lignina simultaneamente pelo índice de Smith & Hazel. Foram avaliadas 33 progênies em delineamento de blocos completos casualizados com 10 repetições e uma planta por parcela (single-tree plot) no espaçamento 2x3 m. Aos 24 meses de idade as progênies foram avaliadas quanto ao CAP, por meio de uma fita métrica a 1,30 metros do solo e os demais caracteres (densidade básica, rendimento depurado e teor de lignina) foram mensurados por meio do NIR (*Near Infrared Spectroscopy)*. De posse dos dados procedeu-se uma análise multi-trait para obtenção das matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas. Em seguida estimou-se o índice de Smith & Hazel. Foram atribuídos pesos econômicos iguais aos caracteres (uk=1). As melhores progênies de acordo com o índice foram 3, 26, 28, 1, 20, 17 e 11. A estimativa do ganho genético total considerando uma intensidade de seleção de 20% foi 5,54%. Pode-se concluir que a utilização do índice é viável e as progênies selecionados poderão ser utilizadas em futuros programas de melhoramento genético do eucalipto.

Agradecimentos: Cnpq; Capes; Fapemig.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

STOMATAL CONDUCTANCE IN COFFEE PROGENIES WITH LARGE BEANS

João Pavan[1], Cyntia Santos[1], Débora Almeida[1], Peterson Nunes[1], Laila Santos[1], Matheus Alves[1], Viviane Pereira[1], Wanderson Carvalho[1], Samuel Carvalho[1]

[1] Universidade Federal de Lavras (UFLA).

joaosilvapavan@gmail.com

Key-words: Selection; gas exchange; *Coffea arabica*.

A relevant criterion in the adaptation of plant species to an environment is the verification of their physiological modifications (PAIVA et al. 2005). The higher stomatal conductance may increase the concentration of substomatic CO2, which is necessary for photosynthesis, consequently, the transpiration of the plant also intensifies (SHIMAZAKI et al., 2007). The selection of progenies according to the efficiency in gas exchange is a methodology of wide application for the coffee breeding program. The aim of this study was to measure the stomatal conductance in progenies of large coffee beans "Big Coffee VL". Approximately thirty years ago, in the center-west of Minas Gerais, a coffee plant was discovered, supposedly originated as a result of genetic mutation, which showed larger leaves and fruits than the traditional ones, being later called "Big Coffee VL". The progenies were introduced in the Department of Agriculture of the Federal University of Lavras (UFLA), Minas Gerais, in February 2012, and cultural practices were followed according to the region's technical recommendations (RIBEIRO et al. 1999). The spacing used was 3.5 × 0.9 m. According to Silva's (2016) work, were selected the most vigorous plants and in better conditions in the field. A completely randomized design was used, with 12 progenies and 3 replicates, which were divided into 3 groups, based on bean size, leaves and plant size: "Large" (G10, G12, G17 and G31), "Medium" (M4, M5, M14 and M20) and "Small" (P14, P23, P34 and P36). June 2018, an expanded leaf was selected, in the middle-third of the plants from the third or fourth node of plagiotropic branches, for each progeny. The evaluations were performed under saturating light (1000 μmol m-2 s-1), between 8 and 11 hours a.m. The stomatal conductance (mmol H2O m-2 s-1) was measured through a portable infrared gas analysis system (IRGA LICOR-6400XT). The obtained averages were grouped according to the Scott-Knott test at 5% probability and the data analysis were performed in the Genes program (CRUZ, 2013). Significant differences were observed for stomatal conductance among the progenies of the coffee tree "Big Coffee VL". The averages for stomatal conductance were allocated to three groups, ranging from 0.06 to 0.18 mmol H2O m-2 s-1. The G10 progeny stood out in comparison to the others, isolating themselves in group "a", with the highest observed value. Progenies P14 and G17 were in group "b", and the remaining in group "c". The results obtained for the progenies corroborate the work of Santos (2017), which recorded stomatal conductance in different Coffea arabica genotypes between 0.05 and 0.19 mmol H2O m-2 s-1. Therefore, it's concluded that there is genetic variability for the stomatal conductance among progenies of "Big Coffee VL".

Thanks: Departamento de agricultura (DAG), Núcleo de Estudos de Melhoramento e Clonagem (NEMEC) e INOVACAFÉ.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

TESTE DE GERMINAÇÃO EM SEMENTES DE CANA-DE-AÇÚCAR UTILIZANDO CRUZAMENTOS RECÍPROCOS

Luiz Gustavo da Mata Borsuk[1*]; Hugo Zeni Neto[2]; Henrique Sanches Angeli[2]; Letícia Martins Montini[3]; Joseli Cristina da Silva[3]; Guilherme Souza Berton[4]

[1]Pós graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – UEM/Maringá-PR/Brasil. [2]Professor do curso de Agronomia – UEM/Maringá-PR/Brasil. [2]Engenheiro Agrônomo. [3]Pós graduação em Agronomia – UEM/Maringá-PR/Brasil. [3]Pós graduação em Genética e Melhoramento de Plantas – UEM/Maringá-PR/Brasil. [4]Engenheiro Agrônomo – RIDESA.

*lgborsuk@hotmail.com

Palavras-chave: *Saccharum* spp.; herdabiladade; germinação.

A cana-de-açúcar é uma espécie alógama, ou seja, preferencialmente realiza a fecundação cruzada. A reprodução sexuada da planta tem fins voltados para os programas de melhoramento, com o intuito de obter variabilidade genética, enquanto que comercialmente ela é propagada assexuadamente, por meio da germinação de suas gemas. Para isso se torna importante a escolha de bons genitores para serem cruzados, e consigam produzir sementes viáveis para o programa de melhoramento. O objetivo é estudar a taxa de germinação de cruzamentos específicos de cana-de-açúcar via gerbox, pretendendo obter melhores clones e cultivares. Foram utilizados cinco cruzamentos de cana-de-açúcar, provenientes do programa de melhoramento da RIDESA. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado com quatro repetições. Foram contadas vinte e cinco sementes por repetição, totalizando 125 sementes por tratamento, dispostas em caixas gerbox com três folhas de papel filtro em cada um, onde foi adicionado água destilada com o volume do peso três vezes maior que do papel. Os tratamentos ficaram incubados em uma temperatura de 30ºC, com presença de luz por 16h e escuro por 8h, usando-se lâmpadas fluorescentes. As avaliações realizadas foram realizadas até 15 dias após a incubação das sementes, realizando a contagem de sementes germinadas, verificando a porcentagem. Os dados foram submetidos a uma análise de variância, uma vez que os pressupostos básicos foram atendidos, apresentando diferença significativa entre os tratamentos. As médias dos tratamentos variam entre 1 a 36% de germinação e mostram diferenças evidenciadas pelo Teste-T modificado por Bonferroni a 5%. As variâncias genéticas verificadas para cada cruzamento fora de 15,42 até 72,66 e as suas respectivas herdabilidades foram de 62 até 94%. Esse estudo demonstrou que está característica está ligada pela genética, já que se tem uma herdabilidade alta, já que comparando o cruzamento 2, que apresentou uma média de germinação de 36% e o seu recíproco se provou inferior com uma média de 1%, já que são os mesmos indivíduos nos dois cruzamentos, só que em um deles o indivíduo é utilizado como macho, e no outro como genitor, prova que a característica está ligada ao genótipo.

Agradecimentos: CAPES, Pós-graduação em Genética e Melhoramento, UEM.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

TESTE DE PROGÊNIES DE POLINIZAÇÃO LIVRE E AUTOFECUNDADAS DE EUCALIPTO EM CARACTERES TECNOLÓGICOS DE SEMENTES E FRUTOS

Lucas Leite Alves[1]; Bruno Ettore Pavan[2]; Renan Furquim da Silva[3]; Patrícia de Almeida[4]; Vitória de Almeida Moreira[5*]

[1]UNESP -Ilha Solteira.

*l.lalves@hotmail.com

Palavras-chave: *Eucalyptus grandis;* depressão por endogamia; e Polinização controlada.

Os programas de melhoramento genético de eucalipto no Brasil, utilizam metodologias de hibridação e de clonagem como ferramentas para se obter ganhos genéticos, fundamentados na divergência genética expressiva dentro e entre espécies e procedências associada à expressiva manifestação heterótica de híbridos. Porém em espécies florestais, com ciclos longos de melhoramento, a adoção de seleção recorrente reciproca veem sendo pouca utilizada principalmente pelos baixos avanços genéticos por ciclo de seleção para caracteres de baixa herdabilidade. Uma forma de aumentar os ganhos por ciclo seletivo é adoção de progênies endogâmicas, uma vez que a endogamia conduz ao aumento da variância genética entre as progênies e a um aumento esperado no progresso genético. Sendo assim, este trabalho objetivou verificar o desempenho de progênies de Eucalyptus grandis autofecundadas e por cruzamento livre e seus possíveis efeitos de depressão por endogamia. O experimento foi conduzido no pomar de polinização controlada alocado na Fazenda de Pesquisa, Ensino e Extensão da Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS) da Unesp. Foram efetuadas autofecundações e a colheita de frutos de polinização livre em quatro matrizes, em delineamento inteiramente casualizados com quatro repetições e cinco frutos por parcela. Foram avaliados então os seguintes caracteres: diâmetro médio dos frutos (mm), comprimento médio dos frutos (mm), massa média dos frutos (g) e número médio de sementes por fruto. A partir da posse de dados foi efetuada a análise de variância para determinar se houve variação entre os caracteres por árvore matriz, por tipo de cruzamento e suas interações. Em seguida, efetuou-se o teste de médias Tukey e todas as análises foram efetuadas com auxílio do programa genético estatístico SAS. A matriz foi significativa para todos caracteres avaliados, demostrando que há variabilidade genética para caracteres tecnológicos de sementes e frutos de *Eucalyptus grandis.* Isso era esperado uma vez que caracteres de frutos e sementes não são trabalhados comumente em programas de melhoramento da espécie, mantendo dessa forma a variabilidade natural. A forma de polinização foi significativa para o caráter número de sementes e não foi para os demais. Dando entender que o tipo de polinização não afeta o tamanho dos frutos de eucalipto, mas afeta o número de sementes. A matriz 320 foi a única que demonstrou depressão por endogamia em todas as características, mostrando que esse fenômeno pode ocorrer a nível de frutos e sementes. O efeito de depressão por endogamia é mais pronunciado no caráter número de sementes por fruto do que nos demais caracteres avaliados, mas podendo ocorrer de forma diferencia de acordo com a matriz estudada. As matrizes apresentam valores variados de manifestação da depressão por endogamia, sendo que algumas demostram em todos os caracteres e outras não.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA CARACTERES SILVICULTURAIS EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Parkia platycephala* Benth.

Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva[1]; Matheus Perek[2]; Séfora Gil Gomes de Farias[3*], Evandro Vagner Tambarussi[2]

[1]Bolsista do CNPq – Brasil, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" (UNESP/FCA). [2]Universidade Estadual do Centro-Oeste. [3]Universidade Federal do Piauí/Campus Professora Cinobelina Elvas.

*seflora@gmail.com

Palavras-chave: Parâmetros genéticos; Recursos genéticos florestais; Espécie arbórea

O estabelecimento de testes de progênies e procedências é uma alternativa de conservação *ex situ* de recursos genéticos florestais, seja visando a conservação genética *per se* de espécies florestais nativas com risco de extinção, ou para compor uma população base para programas de melhoramento genético. O êxito desses programas está diretamente relacionado com a variabilidade genética existente, logo, nota-se a importância dessas informações. A espécie em estudo é *Parkia platycephala*, nativa com ampla distribuição nas regiões Nordeste e Norte do Brasil, se destacando pelo seu potencial ecológico, paisagístico, energético e principalmente nutricional. Diante do exposto, objetivou-se com o estudo avaliar a variabilidade genética em teste de procedências e progênies de *P. platycephala*. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 45 progênies (tratamentos), 10 blocos e uma planta por parcela. Os materiais genéticos foram coletados de árvores matrizes localizadas em áreas de vegetação de transição cerrado-caatinga. As estimativas dos parâmetros genéticos foram baseadas nas medidas de altura (cm) e diâmetro do colo (DC) (mm) das plantas aos 90 dias após o plantio. Para a análise dos dados, utilizou-se o a função *lmer* do pacote estatístico *lme4*, implementado em ambiente *R*. Os parâmetros genéticos avaliados foram: coeficiente de variação genética individual (),herdabilidade individual no sentido restrito, aditiva dentro progênie e média de progênie (, respectivamente), coeficiente de variação ambiental (), correlação genética () e fenotípica () entre caracteres e acurácia. Os valores de estimados foram de 9,92% e 7,82% para a altura das plantas e DC, respectivamente, indicando presença de variação genética entre as progênies. Valores de herdabilidade individual no sentido restrito (e herdabilidade aditiva dentro progênies foram baixos tanto para a altura (0,13 e 0,10, respectivamente) quanto para o DC (,15 e 0,11, respectivamente). Ao avaliar a herdabilidade média de progênies (, os valores foram classificados como medianos, tanto para altura (0,25) quanto para DC (0,28). Os baixos valores de herdabilidades apresentados resultam de uma alta influência ambiental, corroborado pelos altos valores de % (27,30% para altura e 20,04% para DC). Os valores de acurácia para os caracteres avaliados foram similares (0,50 para altura e 0,52 para DC). Ao analisar as correlações, obteve-se uma maior correlação fenotípica () do que genética ( ) (0,62 e 0,33, respectivamente), o que demonstra uma alta contribuição dos fatores ambientais. Há variabilidade genética entre as progênies estudadas, sendo a seleção com base na média de progênies a mais eficiente para a obtenção de ganhos para gerações futuras. Além disso, os resultados adquiridos na pesquisa servirão de subsídios para programas de conservação e melhoramento da espécie, dada a inexistência de informações desta natureza para a mesma na literatura.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Universidade Federal do Piauí pelo apoio à pesquisa.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Variabilidade genética para peso seco da madeira e idade ótima de seleção em *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cambage

João Gabriel Zanon Paludeto[1*]; Regiane Abjaud Estopa[2]; Letícia Miranda[2]; Evandro Vagner Tambarussi[1]

[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO). [2]Klabin S.A.

*joao_gabrielzp@yahoo.com.br

Palavras-chave: seleção genética, herdabilidade, correlação genética

Este estudo teve como objetivo quantificar a variabilidade genética existente em um teste de progênies de polinização aberta de *Eucalyptus benthamii* Maiden et Cambage localizado no município de Otacílio Costa-SC aos seis anos de idade para o caractere peso seco da madeira, bem como quantificar a idade ótima de seleção para volume avaliando três diferentes idades. O experimento foi delineado em 20 blocos ao acaso, contendo 81 progênies e uma planta por parcela. Os indivíduos foram fenotipados para Diâmetro a Altura do Peito (DAP; cm) a 1,3cm do solo e altura total (m) aos três, quatro e seis anos de idade, com isso foi possível estimar o volume de madeira (m^3) nestas idades. A densidade dos indivíduos foi determinada aos quatro anos por meio da relação entre o peso absolutamente seco e o volume saturado de amostras obtidas a partir da coleta de duas baguetas na altura do DAP e, posteriormente, estimada para a idade de seis anos. Foram estimadas covariâncias genéticas nas idades avaliadas visando a obtenção de correlações genéticas para volume entre as progênies. De posse dos volumes e da densidade, estimou-se o peso seco da madeira aos seis anos, o qual foi avaliado com o ambiente estatístico *R*, por meio do método REML, utilizando o pacote *lme4*. Os erros-padrões aproximados associados aos componentes de variância foram obtidos com o pacote *breedR*, utilizando a matriz de informação de Fisher. Foi estimada a herdabilidade individual ($\hat{h}_a^2 = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_F^2$) e os coeficientes de variação genética individual ($C\hat{V}_{gi}\% = \sqrt{\hat{\sigma}_a^2} / \overline{x} .100$) e experimental ($C\hat{V}_e\% = \sqrt{\hat{\sigma}_e^2} / \overline{x} .100$). Por meio do teste LRT, constatou-se a significância do efeito de genótipo à 1% de probabilidade de erro, portanto, pode-se afirmar que há variabilidade genética para peso seco da madeira aos seis anos de idade nas progênies avaliadas. O coeficiente de variação experimental ($C\hat{V}_e$ %) encontrado foi de 64%. Valores de $C\hat{V}_e$ % desta magnitude, apesar de altos, são comuns em experimentos florestais a nível de campo, principalmente para caracteres estimados de maneira indireta. O coeficiente de variação genética individual ($C\hat{V}_{gi}$ %), apresentou valor de 38,2%, indicando acentuada variabilidade genética, o que consequentemente proporciona elevada assertividade na seleção. A herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2$) corrobora esta afirmação, pois mostra que o caractere é influenciado moderadamente por fatores genéticos (0,32). As correlações genéticas estimadas para volume nas diferentes idades são de média (0,64 aos três e seis anos) a alta magnitude (0,82 aos quatro e seis anos). Estes resultados corroboram com a hipótese de que a seleção precoce para volume aos quatro anos de idade pode ser efetiva se praticada com cautela, e é justificável devido ao ganho por unidade de tempo.

Agradecimentos: Agradecemos a empresa Klabin SA pela concessão dos dados e a CAPES pelo apoio a esta pesquisa.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Yield bienniality effect on the genomic prediction of arabica coffee

Humberto Fanelli Carvalho[1]; Giovanni Galli[2]; Luis Felipe Ventorim Ferrão[4]; Juliana Vieira Almeida Nonato[1]; Lilian Padilha[3]; Mirian Perez Maluf[3]; Marcio F.R. Resende Junior[4]; Oliveiro Guerreiro Filho[1]; Roberto Fritsche-Neto[2]

[1]Instituto Agronômico de Campinas – IAC/Café; [2]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ; [3]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA/Café; [4]University of Florida – UF/IFAS.

humberto.fanelli@gmail.com

Palavras-chave: *Coffea arabica*; genomic selection; genotyping-by-sequencing

The bienniality, the seasonal variation between high and low yielding, is a physiological event that affects the productivity of arabica coffee. Therefore, studies on this trait are determinant for more efficient breeding strategies. However, there are no studies on the best strategies to implement genomic selection in coffee, including how to establish training populations and deal with the biennially. Thus, the objective was to estimate the effect of bienniality on genomic prediction accuracy for yield. The experiment consisted of 489 plants from nine progenies, plotted in randomized complete block design with nine replications. Experimentation was carried out at the "Instituto Agronômico de Campinas". Yield was measured in the low yield years of 2005 and 2007, and in the high yield years of 2006 and 2008. All plants were genotyped by GBS. The statistical genetic analysis was performed in two steps: first, the adjusted mean of genotypes was obtained corrected for experimental effects; second, genomic prediction (GBLUP) was made considering genotype and genotype x year effects. Prediction scenarios were: 1) training and testing populations composed of individual years, considering all combinations among the four years; 2) biannually-based predictions, considering biannual from successive years (e.g., training with 2005 and 2006 to predict 2007 and 2008) or biannual from alternated years (e.g., training with 2005 and 2007 to predict 2006 and 2008); 3) progressive increase of years in the training population for prediction of subsequent year (e.g. training with 2005 and 2006 to predict 2007). Prediction abilities of scenario one ranged from 0.14 to 0.28. The biennium-based prediction (scenario two) had accuracies of 0.45 to 0.64 for biennium of successive years and 0.10 to 0.16 between biennium of alternated years. Scenario three yielded predictions between 0.14 and 0.005. Overall, the tested scenarios showed low prediction ability values, except scenario two with biennial of successive years (2005 and 2006 to predicted 2007 and 2008). Consequently, training genomic models on biennium of successive years, and predicting the following biennium appears to be the most effective strategy. This is probably due to the ability to capture the bienniality physiological effect. These results can shed light on the implementation of a genome-based selection of arabica coffee and lead to more efficient breeding strategies.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IAC Veloz: nova cultivar de feijão de tegumento preto com ciclo precoce

Sérgio Augusto Morais Carbonell[2*]; Alisson Fernando Chiorato[2]; João Guilherme Ribeiro Gonçalves[1]; Daiana Alves da Silva[1];Sara Regina Silvertrin Rovaris[1]; Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas (IAC); [2]Pesquisador do Centro de Grãos e Fibras (IAC)

*scarbonell@iac.sp.gov.br.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; precocidade; resistência a doenças.

Os feijões de tegumento carioca e preto são preferidos pelos brasileiros, ganhando destaque quanto ao melhoramento genético da cultura, que desenvolve esses tipos comerciais de grãos. Com o objetivo de disponibilizar ao agricultor uma cultivar de tegumento preto, ciclo precoce e com alta produtividade de grãos foi desenvolvida. Na safra de 2010 com a realização de hibridações dirigidas entre as cultivares IAC Imperador (tegumento carioca) e IPR Tuiuiú (tegumento preto) deram origem a linhagem avançada GEN PR 10-4-4/23. Durante quatro gerações (F_2 a $F_{2:5}$) foram realizadas diversas seleções de plantas priorizando as seguintes características: altura e porte de planta, precocidade, produtividade de grãos, rendimento de peneira e resistência a antracnose e murcha de fusarium. Em 2013 a esta linhagem foi submetida a ensaios de Valor de Cultivar e Uso (VCU) por dois anos, em três épocas de semeadura: águas, seca e inverno, em 18 ambientes do estado de São Paulo, juntamente com as demais linhagens avançadas selecionadas pelo programa de melhoramento. A superioridade produtiva da linhagem foi observada para um conjunto de ambientes, considerando cada época de semeadura com exceção da época de inverno. Apresentando as seguintes produtividades por época, águas: 2724.47 $kg.ha^{-1}$, seca: 2012.79 $kg.ha^{-1}$ e inverno: 3035.78 $kg.ha^{-1}$, atingindo seu melhor desempenho produtivo em Capão Bonito, 3.770,83 $kg.ha^{-1}$. Após todas estas avaliações a cultivar foi lançada como IAC Veloz tendo como principais características a precocidade, alta produtividade de grãos e tolerância aos patógenos da antracnose e da murcha de fusarium. Esta cultivar é recomendada para o cultivo na época das águas, seca e inverno no Estado de São Paulo, como também para a época das águas e seca nos Estados do Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul e Mato Grosso do Sul.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PARÂMETROS GENÉTICOS E VALORES GENOTÍPICOS EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUTRALIANA QUANTO AO RENDIMENTO DE PALMITO

Keny Henrique Mariguele1

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Epagri.

*kenymariguele@epagri.sc.gov.br.

Palavras-chave: Archontophoenix sp.; Herdabilidade; Acurácia

O cultivo de palmeiras para produção de palmito é uma atividade tradicional no Estado de Santa Catarina, tendo surgido 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.*). Porém, as mudas utilizadas são provenientes de sementes de plantas matrizes identificadas e no máximo selecionadas, mas nunca testadas via teste de progênie. De modo que, são inexistentes as informações genéticas das populações usadas para a produção de mudas e, portanto, necessário um programa de melhoramento que proporcione a seleção de genótipos e o lançamento de um cultivar. Os programas de melhoramento genético de plantas perenes são longos e onerosos, por isso a seleção de genótipos superiores é uma etapa importante e que deve ser realizada com todo rigor possível, a fim de se ter experimentos cada vez mais eficientes e métodos de seleção mais precisos. Por isso, o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e predizer os valores genotípicos de 42 famílias de meios-irmãos de palmeira-real-australiana quanto ao rendimento de palmito. As progênies provenientes da população da Epagri/Estação Experimental de Itajaí (EEI) foram avaliadas no município de Luiz Alves – SC, em delineamento de blocos ao acaso com 21 repetições e parcelas com 1 planta. O total de 882 plantas foram avaliadas, individualmente, na colheita, que ocorreu com 2 anos e 8 meses após o plantio. Os dados foram analisados no Selegen, usando o modelo 19 – **y = Xr +Za + e**, em que **y** é o vetor de dados, **r** é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, **a** é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), **e** é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios) e **X** e **Z** as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Foi observada variabilidade entre as matrizes avaliadas, cuja variância genética aditiva (23470,0511) foi superior à variância residual (17569,4495). Desse modo, o valor da herdabilidade no sentido restrito estimada foi 0,5715 ± 0,1440 e o rendimento de palmito (parte basal e apical) médio foi de 272,99 g. Dentre as 42 famílias avaliadas, cujos efeitos genéticos aditivos variaram de -251,1481 até 259,7742, 22 apresentaram efeitos positivo, de modo que se selecionadas proporcionarão um ganho de 104,05 g. Quantos aos valores genotípicos preditos, com uma acurácia de 0,8714 e um desvio padrão (SEP) de 66,3217, variaram de 147,4157 até 402,8769. Desse modo, é possível afirmar que existe variabilidade genética na população estudada e que a formação de um novo pomar de sementes provenientes das matrizes com efeitos genéticos aditivos positivos proporcionará ganho genético para o rendimento de palmito.

Agradecimentos: FAPESC.

RESUMOS DOS TRABALHOS DE RECURSOS GENETICOS

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ASSOCIATION MAPPING AND USEFULNESS OF LANDRACES TO IMPROVE MAIZE FOR DROUGHT TOLERANCE

Pedro Augusto Medeiros Barbosa[1*]; Giovanni Galli[1]; Humberto Fanelli[1]; Julia Silva Morosini[1]; Terence Molnar[2]; Roberto Fritsche-Neto[1]

[1]College of Agriculture "Luiz de Queiroz", University of São Paulo, ESALQ-USP. [2]International Maize and Wheat Improvement Center, CIMMYT.

*pedro.barbosa@usp.br

Keywords: GWAS; Pre-breeding; Abiotic Stress

In a scenario of climate change and an increase in the frequency of drought events, the maize production can be affected, resulting in losses in grain yield. Mexico is the center of maize diversity, and there are many diversity centers across Latin America. To bring new diversity from them to commercial breeding programs is an essential activity to avoid a restriction in genetic variability. The aim was to study the genetic resources of a landrace panel to identify chromosomal regions (SNP) of maize associated with grain yield under drought conditions. For that, we performed the Genome-Wide Association Study (GWAS) in 1306 landraces progenies developed by CIMMYT genetic resources program. The progenies were originated from 20 landraces populations selected due to its agricultural performance in dry regions and were collected in Mexico and other Latin countries. These landraces were crossed and backcrossed with CML376, an adapted elite CIMMYT maize line. Phenotypic data were obtained from early testcross trials, crossing the BC1S1 generation with a female tester. The trials were conducted in an RCDB with two blocks during the 2016 dry season at three locations in Mexico: Santiago del Ixcuintla, Tlantizapán, and Los Monchis. The irrigation was interrupted before the anthesis expected date, and after the flowering one more irrigation was done to ensure the grain filling. The populations were genotyped using the DArTSeq™ platform, and a final set of 5,695 SNPs markers was used. The genotypic values were estimated using a spatial adjustment in a two-stage analysis. The first stage was the individual spatial analysis of each site, the best linear unbiased estimators (BLUE) were used in the second stage, that is the joint analyses, to get the best linear unbiased predictor (BLUP) as the genetic value of grain yield under drought. Then, a GWAS was performed to determine the marker-trait associations. Three first principal components obtained by PCA analysis of VanRaden genomic relationship matrix were used to control the population structure. The heritability for grain yield was low (0.17). Nevertheless, we detected four significant markers associated with the grain yield under drought conditions. Although each of these marks explained less than 0.1% of the phenotypic variation, for two associated SNPs, the alleles from landraces provided a slightly higher yield under drought conditions. The Landraces NVOL46, COAH20, COAH21, and CHIH87 were those with a higher frequency of favorable alleles for these significant SNPs and should be preferred for selection. Our results indicate that the diversity delivered by these landraces combined with commercial lines is an exciting strategy to improve maize for drought tolerance.

Acknowledgments: Allogamous Plant Breeding Laboratory of ESALQ; International Maize and Wheat Improvement - CIMMYT; Centro Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE AMOSTRAGEM PARA A OBTENÇÃO DE COLEÇÃO NUCLEAR DE FEIJÃO-FAVA

Rafael da Costa Almeida[1*]; Wilson Vitorino de Assunção Neto[1]; Alexandro Bruno Meneses de Araújo[1]; Ediel Antunes Barbosa Rodrigues[1], Leonardo Castelo Branco Carvalho[1]; Verônica Brito da Silva[1]; Ângela Celis de Almeida Lopes[1]; Regina Lucia Ferreira Gomes[1]

1Universidade Federal do Piauí.

*rafa_scoutt@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; amostragem proporcional; logarítmica.

O desenvolvimento de uma coleção nuclear é, acima de tudo, um exercício de amostragem, que tenta com um número reduzido de acessos extraídos da coleção base (CB), maximizar a diversidade genética da amostra e reduzir a redundância. Portanto, o presente estudo teve por objetivo comparar duas estratégias de amostragem estratificada no estabelecimento da coleção nuclear (CN) de feijão-fava. Foram utilizados 395 acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (UFPI), com uso de caracteres morfoagronômicos. A intensidade de amostragem para as duas estratégias foi de 20%, resultando em 79 acessos para cada coleção base obtida. As estratégias de amostragem utilizaram a estratificação de toda a coleção com base nos centros de domesticação e diversidade da cultura, reunindo os acessos em quatro grandes grupos: Andino (12 acessos), Mesoamericano (48 acessos), Brasileiro (295 acessos) e Outros (40 acessos). Foram realizados dois procedimentos para a escolha do número de acessos a ser amostrado em cada grupo, proporcional (P) e logarítmico (L), baseado no método de Tocher invertido utilizando a distância de Gower. Para a validação da representatividade das estratégias para formar a CN foi calculado o índice retenção da variabilidade, onde a estratégia P não diferiu da estratégia L (0,9932% e 0,9962%, respectivamente). Também, na avaliação dos caracteres qualitativos as coleções nucleares obtidas apresentaram resultados similares se baseando no Índice de diversidade de Shannon. Para verificar a hipótese de igualdade entre as variâncias das características das coleções nucleares e as da coleção base, utilizou-se o teste F que demonstrou diferenças significativas para oito descritores quantitativos entre a CB x CN proporcional e a CB x CN logarítmica, sendo essa desigualdade de variâncias (variância da CB < variância da CN) esperada para a ampliação da variância fenotípica na CN. Assim, as estratégias de amostragem proporcional e logarítmica geram coleções nucleares representativas da coleção base. Os resultados da amostragem de acessos pelo método de Tocher invertido mostrou-se eficiente na obtenção das coleções nucleares. Portanto, a coleção nuclear facilita a conservação, a acessibilidade e o uso dos recursos genéticos.

Agradecimentos: CAPES/PROCAD, UFPI e IFPI.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA COM FLORAÇÃO PRECOCE

Thales Galdino de Andrade[1*]; Verônica Brito da Silva[1]; Yago de Oliveira Martins[1], Ângela Celis de Almeida Lopes[1], Regina Lucia Ferreira Gomes[1], Lidiane de Lima Feitoza[1]

[1]UFPI.

*thalesgaldino@hotmail.com

Palavras-chave: *P. lunatus* L.; floração precoce; citogenética.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie economicamente mais importante do gênero, sendo considerada uma importante fonte de proteína vegetal para populações da América do Sul e da África, reduzindo a dependência quase que exclusiva de feijões do grupo carioca. No Brasil, constitui uma alternativa de renda, principalmente para a região Nordeste, que lidera o ranking com a maior produção do país. Apesar da sua importância socioeconômica, ainda não há variedades melhoradas no mercado devido à escassez de informações genéticas. O objetivo do trabalho foi caracterizar citogeneticamente acessos de feijão-fava que apresentam floração precoce através da técnica de bandeamento com fluorocromos CMA/DAPI. Foram selecionados 12 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí que apresentavam essa característica. Após a germinação, suas raízes foram coletadas e submetidas ao pré-tratamento com 8-hidroxiquinoleina (0,002 M), e fixadas em Carnoy. As lâminas foram preparadas com enzima celulase 2% e pectinase 20%, envelhecidas por três dias à temperatura ambiente. Posteriormente, foram coradas com 10µL de DAPI, observadas ao microscópio de epifluorescência e pré-selecionadas. Aquelas selecionadas, foram descoradas, envelhecidas por três dias e coradas com 10µL de CMA, ficando fora do alcance da luz por uma hora. As lâminas foram lavadas e secas para, então, serem coradas novamente com DAPI por trinta minutos. Logo após, foram lavadas, secas e montadas com McIlvaine-glicerol. Os resultados foram fotografados utilizando câmera digital Leica DFC345Fx acoplada em microscópio de epifluorescência Leica DM2500. As mensurações do tamanho dos cromossomos e da heterocromatina foram feitas com o programa Micromeasure 3.3 e os idiogramas desenhados no Corel DRAW 2017. Para todos os acessos, o cariótipo encontrado foi 2n=22, com pequenos cromossomos metacêntricos e submetacêntricos, fórmula cariotípica 9M + 2SM. Foram identificados blocos heterocromáticos ricos em GC em regiões além da pericentromérica e terminal, com a porcentagem de heterocromatina identificada equivalendo a 28,66% do genoma. Tal informação é importante para os futuros programas de melhoramento genético, visto que a heterocromatina pode ter influência no desempenho agronômico. Cariótipos apresentaram estabilidade quanto ao número e morfologia dos cromossomos, porém, foram identificadas variações no padrão de distribuição da heterocromatina.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e UFPI.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO EM PROGÊNIES DE *Dipteryx alata* Vogel NA REGIÃO DO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE

Maysa Azani da Silva[1], Darlin Gonzalez-Zaruma[2], Marília Gabriela Pereira[1], Keller Barbosa de Lima[1], Sérgio Nascimento[1], José Cambuim[1], Alexandre Marques da Silva[1], Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]

[1] Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP; [2] Faculdade de Ciências Agronômicas, UNESP.

maysa.azani42@gmail.com

Palavras-chave: Baru; Conservação genética *ex situ*; Parâmetros genéticos.

Dipteryx alata é uma espécie arbórea, que ocorre no Cerrado e em áreas de transição Cerrado/Mata Atlântica (Floresta Estacional Semidecidual), sendo que a devastação dessa vegetação leva a extinção de muitas populações naturais dessa espécie. Os frutos e sementes são explorados pelo homem, sendo a espécie de interesse potencial para o melhoramento genético, visando o plantio em larga escala, para a utilização em sistemas agroflorestais e na recuperação de áreas degradadas. O presente trabalho teve por objetivo estimar a variação genética para caracteres de crescimento em um teste de progênies de D. alata, instalado na região de Selvíria-MS, em junho de 2013, a partir de 17 árvores matrizes de uma população natural, da região de Paulo de Faria-SP para fins de conservação e melhoramento genético. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com 17 tratamentos (progênies), uma planta por parcela, 17 repetições, no espaçamento de linhas duplas (1,5 x 3,0 m) x 4,5 m. Os caracteres avaliados foram: altura (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e sobrevivência (SOB), aos 6 anos de idade. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio do procedimento REML/BLUP, com base no sistema linear misto. O valor médio para ALT, DAP e SOB foi de 5,64 m, 6,48 cm e 52,2%, respectivamente. O coeficiente de variação genética ($CVgiCVgi$) para os caracteres ALT e DAP foi de 23,64% e 20,62%, respectivamente e a herdabilidade individual ($\hat{h}^2_a\hat{h}^2_a$), para esses dois caracteres, variou de 0,36 a 0,22, respectivamente. A variação entre progênies, evidenciada por meio do teste da razão da verossimilhança (LRT), foi significativa para os caracteres altura e DAP. Em função da variabilidade genética e do desenvolvimento em ALT e DAP, que essa população apresenta, pode-se recomendá-la para compor programas de conservação e melhoramento genético, na região do Bolsão Sul-Mato-grossense.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CONSERVAÇÃO GENÉTICA EX SITU DE *Hymenaea stigonocarpa* UMA OPÇÃO PARA A REGIÃO DO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE

Darlin Gonzalez-Zaruma[1]; Marcela Aparecida de Moraes[1]; Silvelise Pupin[2]; José Cambuim[2]; Daniele Fernanda Zulian[2]; Aparecida Juliana Martins Corrêa[3]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[2]

[1] Faculdade de Ciências Agronômicas, UNESP. [2]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP. [3]Planejamento e Uso dos Recursos Renováveis - UFSCar.

dgzaruma@gmail.com

Palavras-chave: Caracteres de crescimento; Cerrado; Espécies arbóreas.

A estimativa de parâmetros genéticos em espécies florestais constitui uma ferramenta útil para estudo dos caracteres de crescimento e, portanto, propicia condições para estratégias de melhoramento. Em programas de melhoramento florestal, os testes de progênies são amplamente empregados para quantificar a herança de caracteres quantitativos de valor econômico, bem como fornecer subsídios para a conservação e o melhoramento genético. O objetivo desse estudo foi estimar a variação genética para caracteres de crescimento de *H. stigonocarpa*, em um teste de progênies instalado em Selvíria-MS em janeiro de 2008, a partir de 47 árvores matrizes de uma população natural procedente de Inocência-MS, para fins de conservação genética *ex situ*. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com 47 tratamentos (progênies), uma planta por parcela, 20 repetições, no espaçamento de 3,0 × 3,0 m. Foram obtidos dados de altura (ALT), diâmetro à altura do peito (DAP) e sobrevivência (SOB) aos 11 anos de idade. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio do procedimento REML/BLUP, com base no sistema linear misto. O valor médio para ALT, DAP e SOB foi de 5,48 m, 6,16 cm e 93,0%, respectivamente. O coeficiente de variação genética () para os caracteres ALT e DAP foi de 14,58% e 15,90%, respectivamente e a herdabilidade individual (), para esses dois caracteres, variou de 0,14 a 0,18, respectivamente. A variação entre progênies, evidenciada por meio do teste da razão da verossimilhança (LRT) foi significativa para os caracteres altura e DAP. O método de agrupamento Tocher permitiu a formação de dez grupos distintos. Assim, a sobrevivência, a variação genética para os caracteres de crescimento e a formação de diversos grupos com base na distância de Mahalanobis (Tocher) indicam a presença de variabilidade genética, nessa população de *H. stigonocarpa* amostrada, o que a torna representativa da região do Bolsão Sul-Mato-grossense.

Agradecimentos: A Secretaria de Educação Superior, Ciência, Tecnologia e Inovação- SENESCYT, Equador; ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) pelo apoio financeiro, na concessão de bolsa de estudo em nível de mestrado, doutorado e produtividade em pesquisa.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE *Cattleya warneri*, UMA ORQUÍDEA BRASILEIRA AMEAÇADA DE EXTINÇÃO

Renato Gobbi Vettorazzi[1*]; Otalício Damásio da Costa Júnior[2]; Roberta Aparecida de Sales[3]; Vinicius de Freitas Manhães[4]; Lidiane Miranda da Silva[5]; Virginia Silva Carvalho[6]

[1]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. Bolsista Nota 10 FAPERJ; [2]Mestrando em Produção Vegetal - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. [3]Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. [4]Bolsista de Iniciação Científica do Laboratório de Fitotecnia - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. [5]Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. [6]Professora Associada do Laboratório de Fitotecnia - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil.

renato.g.v@hotmail.com

Palavras-chave: Orchidaceae; conservação de germoplasma; recursos genéticos.

A principal limitação para a criopreservação de sementes de orquídeas está na resposta específica dos diferentes genótipos aos protocolos de criopreservação, dificultando a generalização e o desenvolvimento de um protocolo de criopreservação de caráter universal. Além disso, a possibilidade de criopreservar material vegetal sem o uso de soluções crioprotetoras é vantajosa, visto que soluções crioprotetoras podem apresentar toxidade para o material vegetal. Portanto, esse trabalho teve por objetivo verificar a eficiência do método de desidratação na criopreservação de sementes de *C. warneri*. As flores foram submetidas à polinização cruzada e após seis meses foram coletadas duas cápsulas para utilização no experimento de criopreservação. A umidade inicial das sementes foi de 38,9% e 21,4% e o teste de viabilidade pelo método do tetrazólio foi superior a 50% para ambos os lotes. O procedimento de desidratação das sementes consistiu no armazenamento em envelopes de papel dentro de frascos de vidro sobre sílica gel (4°C), nos tempos 0h, 24h, 48h, 72h, 96h e 30 dias. Após a desidratação as sementes foram colocadas em criotubos e imersas em nitrogênio líquido (NL) por 1h. Após a imersão em NL os criotubos foram rapidamente aquecidos a 40°C por 2 minutos. Posteriormente, para avaliação da viabilidade das sementes, estas foram imersas em solução 1% de cloreto de 2,3,5-trifeniltetrazólio por 24h (27±2°C) no escuro. Após este procedimento foi avaliada a taxa de viabilidade das mesmas em microscópio estereoscópico. As sementes de todos os tratamentos foram submetidas ao teste de viabilidade em tetrazólio. Cada tratamento foi constituído por quatro repetições, sendo que cada repetição consistiu de um criotubo. Para as sementes com 38,9% de umidade inicial o armazenamento em sílica gel por tempo igual ou superior a 24h foi fundamental para aumentar a taxa de viabilidade das sementes criopreservadas. As maiores taxas de viabilidade foram observadas nos tempos de 96h e 30 dias em sílica gel. O armazenamento em sílica gel reduziu o conteúdo de água livre das sementes com 38,9% de umidade, evitando a formação de maior número de cristais de gelo ao serem imersas em NL e consequentemente aumentou a taxa de viabilidade das sementes. Já para a conservação das sementes com 21,4% de umidade inicial, a imersão direta em NL foi eficaz, apresentando taxa de viabilidade de 46,5%, não diferindo dos demais tratamentos em que as sementes foram armazenadas por diferentes tempos em sílica gel. A baixa umidade das sementes (21,4%) contribuiu para esses resultados. Portanto, para a espécie *C. warneri*, sementes com 21,4% de umidade podem ser imersas diretamente no NL, já as sementes com 38,9% de umidade devem ser armazenadas em sílica gel por no mínimo 24h antes da imersão em NL.

Agradecimentos: FAPERJ.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-COMUM PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS

Érica Munique da Silva[1]; Rodrigo de Souza Silva[1]; Paula Pereira Torga[2]; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza[2]; Marcela Pedroso Mendes Resende[1]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão.

*ericamunique47@gmail.com

Palavras-chave: Dissimilaridade, *Phaseolus vulgaris*, variabilidade genética.

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) possui ampla variabilidade genética, dividida em dois pools gênicos, Andino e Mesoamericano. A caracterização dessa diversidade genética é importante para o melhoramento, uma vez que possibilita a identificação de grupos similares que possam constituir duplicatas e realizar inferências dos caracteres que mais contribuem para a variação. Com isso, permite identificar combinações parentais que gerem genótipos superiores. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética de acessos de feijão-comum para caracteres qualitativos. Foram avaliados 372 acessos da coleção nuclear da Embrapa Arroz e Feijão, em casa de vegetação. Sete descritores morfológicos foram utilizados: hábito do crescimento (HC), uniformidade da cor do grão (UCG), cor primária do tegumento do grão (CPTG), cor secundária do tegumento do grão (CSTG), cor do halo (CH), brilho do grão (BG) e grupo de cor (GC). Os dados foram submetidos à análise de correspondência múltipla (ACM) e, para a estimação da matriz de dissimilaridade genética, os dados foram convertidos em binários para todas as classes fenotípicas. Foram utilizados os programas SPSS e GENES. As duas primeiras dimensões da análise ACM explicaram, em média, 52,5% da variação total. Os caracteres GC, CPTG e CHL explicaram, em média, 25,4%, 22,9%, e 22,5% da variação das duas primeiras dimensões, respectivamente. Observaram-se distâncias genéticas (d_{ij}) de até 0,48 entre os acessos. Foram identificadas duplicatas de alguns acessos para os sete caracteres avaliados, indicando que alguns acessos podem ser excluídos se forem considerados apenas esses caracteres. Entretanto, estudos complementares devem ser realizados com maior número de descritores para confirmar essa duplicidade. A coleção nuclear apresenta variabilidade genética para os caracteres morfológicos avaliados, sendo potencialmente promissora para ser utilizada em programas de melhoramento.

Agradecimentos: Capes, Embrapa, UFG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTABELECIMENTO E MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE ABACAXIZEIRO var. PÉROLA (*Ananas comosus* var. *comosus*)

Mariana Melo Bitencourt1; Matheus da Costa Moura2

[1]Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera. [2]Centro Universitário de Goiás Uni-Anhanguera.

*mariana.mb.agro@icloud.com

Palavras-chave: Abacaxi; BAP; Desinfestação.

O abacaxi (*Ananas comosus* var. *comosus*) pertence à família Bromeliaceae, e é uma planta de clima tropical e subtropical. Como principal variedade do estado de Goiás, o abacaxizeiro Pérola caracteriza-se por apresentar plantas eretas, com folhas longas e providas de espinhos, pedúnculos longos, numerosos filhotes e poucos rebentões. A produção de abacaxi depende exclusivamente de material vegetativo de boa qualidade, mão de obra e tempo. Nesse sentindo, a cultura de tecidos em abacaxizeiros é uma alternativa que visa à obtenção de mudas com boa qualidade fitossanitária e uniforme. Assim sendo, o presente trabalho teve como objetivo estabelecer um método eficiente de desinfestação de meristemas e definir a melhor concentração de benzilaminapurina (BAP) para a multiplicação de mudas de abacaxi var. Pérola micropropagadas. Para o teste de desinfestação, utilizou-se dois tratamentos, com 10 repetições cada. Durante 45 dias procedeu-se à avaliação do número de plântulas formadas em relação ao número de gemas inoculadas. Para o experimento de multiplicação, o delineamento foi inteiramente casualizado, com quatro tratamentos e dez repetições. Foram avaliadas a altura e a quantidade de brotações das mudas, durante 120 dias. Os dados referentes às variáveis avaliadas foram submetidos à análise de variância e de regressão. Observou-se que a concentração de hipoclorito de sódio de 2% é eficiente para desinfestação de meristemas e que a concentração de 1,0 mg/L de BAP favorece a indução de brotamento em abacaxizeiro var. Pérola cultivados *in vitro.*

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF ACESSIONS OF *Astronium fraxinifolium Schott*

Ricardo de Oliveira Manoel[1*]; Maiara Ribeiro Cornacini[2]; Marcelo Augusto Mendes Alcantara[2]; Marcela Aparecida de Moraes[3]; Patrícia Ferreira Alves[4]; Mário Luiz Teixeira de Moraes[4]; Celso Luís Marino[1,2]

[1]Instituto de Biotecnologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP/ Botucatu). [2]Instituto de Biociências, Universidade Estadual Paulista (UNESP/ Botucatu). [3]Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Ribeirão Preto (USP/ Ribeirão Preto). [4]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (UNESP/ Ilha Solteira).

*rickom.is@gmail.com

Keywords: cerrado; genetic conservation; genetic improvement; gonçalo alves; native species.

Astronium fraxinifolium, popularly known as Gonçalo-alves, is a native dioecious tree species found in the Atlantic Forest, Cerrado and Caatinga, where it forms discontinuous groupings. Due to the exceptional quality of its wood which promotes its intense exploitation among other anthropic actions to which it is exposed, the individuals of the species appear in low frequency isolated in the landscape, especially to margins of highways. Therefore, the fate of species in this anthropized environment depends on their ability to persist the deleterious effects it undergoes. The sampled accesses have had seeds collected in 1996 for the installation of a progeny and provenance test at the Teaching, Research and Extension Farm of the Engineering School of Ilha Solteira-SP in the municipality of Selvíria-MS. The objective of this study was to verify if the data set for the diameter at breast height (DAP, cm) of *A. fraxinifolium* accesses naturally distributed to the highway margins in the states of São Paulo and Mato Grosso do Sul tend to normal distribution. It was measured the DAP of 50 accesses distributed along the BR-158 highway in the State of Mato Grosso do Sul (POP-MS) and 82 accesses distributed along the roads of the SP-310 and SP-595 highways in the state of São Paulo (POP-SP). Symmetry and kurtosis were estimated in the data set. The average for the DAP of the MS and SP trees were 31.40 cm and 30.14 cm, respectively, while the highest variation was observed in the POP-SP (CV = 35.40%) regarding to POP-MS (27.74%). However, the results demonstrate that the sample has a good representation, because the curve formed is symmetric and mesocuric revealing a normal distribution. It was observed that in the accessions of both populations did not obtain significant genetic differences between them, which indicates that the mechanisms of dispersion between them are efficient, that is to say, although they are geographically isolated they are not reproductively isolated, having genetic connectivity, possibly between the populations sampled or others not sampled in the landscape. In short, these results indicate that the acessions of the specie analyzed can be used in programs of genetic conservation in situ and ex situ and of improvement beyond contribute to the recovery of degraded áreas.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processo nº 2018-00898-0 pela concessão da bolsa de pós-doutorado, tornando possível a produção deste trabalho.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTUDO DA EROSÃO GENÉTICA DO FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus*) NO NORDESTE DO BRASIL

Jéssica Daniele Lustosa da Silva[1]*; Petronílio Eduardo da Silva Neto[1]; Leonardo Castelo Branco de Carvalho[1]; Verônica Brito da Silva[1]; Ângela Celis de Almeida Lopes1; Regina Lucia Ferreira Gomes1

1Universidade Federal do Piauí.

* jessica.04lustosa@gmail.com

Palavras-chave: diversidade genética; microssatélite; gargalo genético.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) é uma das espécies mais importantes do gênero *Phaseolus*. Esta apresenta elevados níveis de diversidade genética que se refletem em uma alta riqueza de landraces cultivados por agricultores que praticam a agricultura tradicional. A perda da variabilidade genética pode provocar sérias consequências à sobrevivência de espécies cultivadas como o feijão-fava, podendo implicar diretamente na segurança alimentar de milhares de agricultores tradicionais no Nordeste do Brasil. Portanto, o objetivo do presente estudo foi avaliar a possível ocorrência de erosão genética em genótipos cultivados de feijão-fava coletados entre 1980 e 2016 na região Nordeste do Brasil. No geral, houve um déficit de heterozigosidade observada (Ho) em relação a heterozigosidade esperada (He) para os dois anos de coleta, indicando perda de variabilidade genética. Os valores do índice Garza-Williamson abaixo de 0,68 e os resultados gerados pelo software Bottleneck deram indícios de que os genótipos pertencentes aos grupos coletados nos dois anos podem ter sofrido gargalo genético, o que indica provável perda de variabilidade ou erosão genética ocasionado pela aparente deriva genética. Porém, ao confrontar os valores de He, houve um aumento nos níveis de diversidade genética do período de 2016 com relação a 1980, o que pode ser indicativo de um início de recuperação, já que o efeito gargalo ainda permaneceu até aquele ano.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq-Brasil) pelo apoio financeiro deste trabalho. A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio às bolsas de estudo. Ao Centro de Investigação Científica de Yucatán (CICY) e a Universidade Federal do Piauí (UFPI) pelo apoio a realização deste trabalho.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ESTUDO DE DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE 11 GERMOPLASMA DE FEIJÃO CAUPI DO PARAGUAI

Amalio Mendoza[1*]; Luis Robledo[1]; Orlando Noldín[1]; Pedro Juan Caballero[1]; Ada Torres[1]; José Acosta[1]

[1]Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA-Paraguay).

*amalio.mendoza@ipta.gov.py

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; acessos de poroto; dissimilaridade.

O feijão caupi é a principal leguminosa de consumo no Paraguai. O trabalho tem como objetivo determinar a diversidade genética entre germoplasmas de feijão caupi. As avaliações dos 11 germoplasmas foram feitos no Centro de Investigación para la Agricultura Familiar do Instituto Paraguayo de Tecnologia Agraria (IPTA-Paraguay). Cada germoplasma foram semeados em parcela de cinco metro de comprimento com quatro fileiras sem repetições. As variáveis avaliadas foram altura de planta, comprimento de vagens, número grão por vagem, peso de 1000 grãos e rendimento de grão. Os dados foram submetidos a procedimento de analises multivariado pela Distância Euclidiana e agrupados pelo método de Mais e Menos similares entre acessões gerados a partir da matriz de dissimilaridade, a mesma matriz foi utilizado para agrupar os acessos pelo método de UPGMA e a importância dos caráteres estimados pelo método de SINGH(1981). Os acessos PRY-P2007M e PRY-P1019A foram os menos similares e os acessos PRY-P0022A e PRY-P0001A sendo os mais similares. Pelo método UPGMA formou-se três grupos sendo dois formados com dois acessos cada um e um por sete acessos. O caráter rendimento de grão foi o que mais contribuiu para a divergência genética com 99,83% e o número de grão por vagem teve a menor contribuição com 0,0002 %.

Agradecimentos: FONTAGRO (Fondo Regional de Tecnologia Agropecuaria), projeto FTG/RG-15490-RG.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENE DE REFERÊNCIA 18S EM SEMENTES DE *Erythrina velutina* SUBMETIDAS AO ESTRESSE HÍDRICO

Juliana Lopes Souza[1]; Itamara Bomfim Gois[1]; Laura Catharine Dória Prata Lima[1]; Maria Fernanda Oliveira Torres[1]; Valdinete Vieira Nunes[1]; Renata Silva-Mann[1]; Julia Kehr[2]

[1]Universidade Federal de Sergipe. [2]Universität Hamburg.

*Juliana_lopes_souza@live.com

Palavras-chave: mulungu; expressão gênica; RNA

Os estresses ambientais causados por condições abióticas rigorosas, como o déficit hídrico, causam efeitos negativos no desenvolvimento dos vegetais. A avaliação da expressão gênica identifica a capacidade de adaptabilidade e tolerância das plantas a esses estresses. O método de PCR em tempo real (RT qPCR) é um dos mais utilizados, porém exige utilização de genes com expressão estável para os estudos, os genes de referência. Devido a inexistência de genes universalmente estáveis, deve-se avaliar genes de referência para cada espécie no mesmo processo fisiológico sob algum tratamento. A espécie arbórea *Erythrina velutina* Willd., característica da Caatinga, com ocorrência também nos biomas Mata Atlântica e Cerrado, apresenta grande potencial biotecnológico e adaptabilidade ao déficit hídrico. Portanto, objetivou-se com este trabalho avaliar a expressão para a subunidade 18S como gene de referência candidato, entre embriões de três lotes de sementes de *E. velutina* submetidos ao estresse hídrico, por meio de RT qPCR. As sementes de diferentes procedências (Pernambuco, Bahia e Sergipe) foram submetidas ao estresse hídrico usando-se solução polietileno glicol (PEG) -0,8 MPa. A partir dos embriões, RNA foi extraído (Monarch Total RNA Mini Prep - New England Biolabs), e o cDNA sintetizado (RevertAid First Strand cDNA Synthesis Kit – Thermo Fisher Scientific). As amplificações em PCR em tempo real foram realizadas usando-se agente fluorescente intercalante (Luna Universal qPCR Master Mix – NEB). As reações foram constituídas de desnaturação inicial a 95ºC, 40 ciclos de 95ºC por 15 s. e 60ºC por 30 s. e curva de dissociação. O software DataAssist (v3.01 Applied Biosystems) foi utilizado para calcular a variação em amplificação (*fold change*) entre as amostras. A expressão do gene 18S foi estável entre os três lotes de sementes e entre sementes tratadas em PEG -0,8 MPa e o controle. A subunidade ribossomal 18S é candidata como gene de referência em estudos de estresse hídrico com sementes de *E. velutina*.

Agradecimentos: Universidade Federal de Sergipe, Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade-PPGAGRI, Universität Hamburg, CAPES, CNPq e grupo de pesquisa GENAPLANT.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GENETIC CONSERVATION AND SELECTIVE MANAGEMENT OF Araucaria angustifolia (BERTOL) KTZE.: A PUBLIC POLICIES PROPOSAL FOR SUSTAINABLE MANAGEMENT FOR NATURAL POPULATION

Rafael Henrique Roque[1*], Ananda Virginia Aguiar[2], Evandro Vagner Tambarussi[1], Evaldo Muñoz Braz[2], Afonso Figueiredo Filho[1], David Boshier[3]

[1]: Universidade Estadual do Centro-Oeste. BR 153, Km 7, Riozinho, Irati/PR, Brazil. [2]: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA). Estrada da Ribeira, Km 111, Colombo/PR, Brazil.[3]: University of Oxford. Dept of Plant Sciences, South Parks Rd; Oxford, OX1 3RB

rafahroque@gmail.com

Key-words: forest management; microsatellite markers; populations genetics; Parana-pine; allelic richness.

Araucaria angustifolia (Bertol.) Ktze. (Parana pine) is the dominant species of the Araucaria Forest. The intense exploitation of this species, especially in the 50s and 70s, may have resulted in loss of part of the genetic diversity. The purpose of this research was evaluating the effect of the selective logging on genetic diversity and structure of natural *A. angustifolia* population and propose a public political for management selective of this species. The study was conducted in *A. angustifolia* population located at Fernandes Pinheiro county, Parana state, where selective logging experiments were conducted with the species. We performed DNA extraction on samples from 24 logged and 24 remnant trees. Although the *A. angustifolia* population analyzed is small, the observed allelic richness is higher than other published works. The sample of live trees presented higher average allelic richness (k = 9.64) than logged trees (k = 8.82). The logged trees removed from the population, on average, 3.73 rare alleles (A_r) per locus, 1.18 rare and private alleles (A_{rp}) and 1.27 private alleles (A_p). The diversity of the logged trees (Ho = 0.735; He = 0.732) was not significantly different to the remnant trees (Ho = 0.714; He = 0.736). Similarly, the fixation index (F) for the logged trees (F = -0.005) was also not significantly different from the remnant trees (F = 0.022). With selective logging, there was an increase in the mean coancestry coefficient ($_{xy}$) for distance classes of 200 to 600 m. There is no significant difference between the diversity parameters for the logged trees and for the remnant trees. However, there is a decrease in genetic diversity for the population of *A. angustifolia* submitted to selective logging, mainly due to the loss of rare and private alleles. The results of this study should be used for the development of public policy to define proposals for the sustainable management of *A. angustifolia* in the different regions of its natural occurrence. It is necessary needs more studies under conditions of management simulations for effective determination of public policy that make it possible to manage and value the species.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IMAGENS TERMOGRÁFICAS NA AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM EM FEIJOEIRO (*PHASEOLUS VULGARIS* L.)

Karina Kazue Nakamura Fukuji; Antônio André da Silva Alencar; Cláudia Pombo Sudré; Cláudia Lougon Paiva de Almeida; Anderson Yusei Suzuki Fukuji; Elisângela Knoblauch Viega de Andrade e Rosana Rodrigues

Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*karyna-kazue@hotmail.com

Palavras-chave: feijão; câmera infravermelha; *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*

O feijoeiro comum é vulnerável a diversas doenças, incluindo o crestamento bacteriano comum (CBC), causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (XAP). Poucas cultivares são resistentes a essa doença. A busca por fontes de resistência para subsidiar programas de melhoramento é importante, e novas ferramentas estão sendo adaptadas para detectar a doença precocemente e monitorar seu desenvolvimento de forma não destrutiva. Uma delas é a imagem termográfica por infravermelho, que detecta o diferencial de temperatura (Δt) entre a área lesionada e sadia. O objetivo deste trabalho foi detectar fontes de resistência ao (CBC) em *Phaseolus vulgaris* L. usando a termografia por infravermelho e escala de notas. O experimento foi conduzido em casa de vegetação em (DBC), com 20 genótipos e três repetições. O genótipo BAC-6 foi utilizado como padrão de resistência. A inoculação foi realizada no folíolo do terceiro par de folhas definitivas, por infiltração de agulha em suspensão bacteriana de (XAP), ajustada a concentração de 10^7 UFC. mL^{-1}, em espectrofotômetro, a 640 nm/OD=460. Para o registro das imagens térmicas e digitais, foi utilizada a câmera sistema FLIR - *Forward Looking Infra Red* (modelo T450 sc). A captura das imagens foi realizada durante três dias consecutivos após a inoculação, entre os horários (11:30 às 14:00h), a uma distância de 30 cm da folha inoculada. O Δt foi obtido utilizando o software FLIR tools na qual foi verificada a diferença de temperatura da área lesionada com a sadia dos três dias de avaliação. Foi submetido a análise de variância e comparado pelo teste DMS-*t*. A agressividade foi avaliada durante cinco dias após a inoculação seguindo uma escala de notas em que 1 é resistente e 5 suscetível, posteriormente calculou-se a AACPD (área abaixo da curva de progresso da doença). Houve diferença significativa entre os genótipos para todas as variáveis analisadas. Pelo teste DMS-*t* observou dois grupos distintos Δt nos três dias. O Δt em graus Celsius variou 1,1 a 3,76, 2,25 a 5,1 e 3,2 a 6,0 no primeiro, segundo e terceiro dia. A maioria dos genótipos classificados como resistentes e moderadamente resistentes pela AACPD foi alocada no grupo com menor Δt nos três dias. O acesso UENF 2311 obteve AACPD igual ao (BAC-6) e o menor Δt em todos os dias. Em contrapartida, o acesso UENF 2320 teve o maior Δt a partir do segundo dia e maior AACPD, demonstrando sua alta suscetibilidade. A imagem térmica diferenciou os genótipos resistentes e suscetíveis a partir do segundo dia de inoculação, concordando em sua maioria com a escala de notas, além de detectar possíveis escapes, pois todas as inoculações foram visíveis na imagem infravermelho. A câmera infravermelha possibilitou identificar fonte de resistência ao (CBC) do feijão com menor tempo de avaliação.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ. O trabalho foi realizado com o apoio da coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior - Brasil (CAPES) - código de financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

NITRATO DE PRATA NA CONSERVAÇÃO *in vitro* DE SEGMENTOS NODAIS DO MARACUJAZEIRO-AZEDO 'UENF RIO DOURADO'

[1]Roberta Aparecida de Sales; [2] Otalício Damásio da Costa Júnior; [3]Renato Gobbi Vettorazzi; [4]Vinicius de Freitas Manhães; [5]Virginia Silva Carvalho

[1]Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas - UENF/Campos dos Goytacazes- RJ/Brasil. [2]Mestrando em Produção Vegetal - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. [3]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. Bolsista Nota 10 FAPERJ. [4]Bolsista de Iniciação Científica do Laboratório de Fitotecnia - UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. [5]Professora Associada do Laboratório de Fitotecnia - UENF/Campos dos Goytacazes- RJ/Brasil.

roberthasalles@hotmail.com

Palavras-chave: *Passiflora edulis*; cultivo *in vitro;* etileno

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims*)* é nativo da América do Sul e é a espécie de maior importância econômica do gênero. A conservação *in vitro* por cultivo mínimo pode ser uma estratégia para manutenção da sua variabilidade genética. Porém, como é realizada dentro de recipientes fechados e por períodos maiores que outras técnicas *in vitro*, alguns gases, como o etileno, tendem a acumular dentro dos frascos. O nitrato de prata é um inibidor da ação do etileno. Desse modo, o presente trabalho teve por objetivo verificar o efeito de diferentes concentrações de nitrato de prata na conservação *in vitro* de segmentos nodais de maracujazeiro-azedo 'UENF RIO DOURADO'. Após 73 dias, segmentos nodais das plântulas germinadas *in vitro* foram transferidos para meio de crescimento constituído por sais minerais de ¼ MSM acrescidos de vitaminas de White, 100 mg L^{-1} de myo-inositol, 10 g L^{-1} de sacarose e diferentes concentrações de nitrato de prata (0,0; 2,0; 4,0; 6,0; 8,0 mg L^{-1}). O pH foi ajustado para 5,7 e solidificado com 6 g L^{-1} de ágar bacteriológico Vetec®. Foram distribuídos 10 mL de meio de cultivo em cada tubo de ensaio (25 mm x 150 mm) e autoclavados por 15 minutos a 121°C e 1,1 atm. O experimento foi conduzido em um delineamento inteiramente casualizado com cinco concentrações de nitrato de prata (0,0; 2,0; 4,0; 6,0; 8,0 mg L^{-1}) como tratamentos. O experimento foi constituído por seis repetições, sendo cada constituída por vinte tubos de ensaio contendo uma planta por tubo. Após 30 dias, as plantas foram avaliadas quanto à sobrevivência, altura e número de folhas. Os dados foram submetidos ao teste inicial de normalidade Shapiro-Wilk e suas interações foram desdobradas pelo testeTukey, a 5% de probabilidade. As variáveis sobrevivência e número de folhas apresentaram significância estatística. Os maiores valores de sobrevivência foram obtidos nas concentrações de 4,0 e 6,0 mg L^{-1} de nitrato de prata. O maior número de folhas, que está relacionado a não ocorrência da abscisão foliar, foi observado nos tratamentos com nitrato de prata. Após 30 dias de conservação *in vitro*, a suplementação do meio de cultura com nitrato de prata proporcionou maior sobrevivência e maior número de folhas, provavelmente devido a inibição do mecanismo de ação do etileno.

Agradecimentos: CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PRECOCIDADE E FIXAÇÃO DE FRUTOS DE MELOEIRO EM CRUZAMENTOS ARTIFICIAIS

Edicleide Macedo da Silva[1]; Bruna Fukumoto Kobayashi[1]; Lucas Matias Gomes[2]; João Pedro Peixoto Fernandes[1]; Aline Oliveira[1]; Leila Trevisan Braz[1]

[1]UNESP - Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. [2]UFG - Universidade Federal de Goiás

*edicleide.c.c@unesp.br

Palavras-chave: Seleção; Florescimento; Recursos genéticos

O meloeiro apresenta elevada expressão econômica, sendo o Nordeste brasileiro o maior produtor e exportador desse fruto no País. Existe grande variabilidade genética no germoplasma de meloeiro. No entanto, algumas informações são pouco exploradas, tendo-se a necessidade de caracterização e avaliação para fornecer informações aos programas de melhoramento genético. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a precocidade e fixação de frutos resultantes de polinizações controladas em dez genótipos de meloeiro. O experimento foi conduzido no Setor de Olericultura e Plantas Aromáticas Medicinais, em casa de vegetação, fevereiro a abril de 2018. O delineamento foi inteiramente casualizado com dez tratamentos e três repetições, com quatro plantas por parcela. Para a avaliação da precocidade dos genótipos foram contados o número de dias entre o transplante e a abertura da primeira flor feminina (AFF) e masculina (AFM), sendo contabilizado a floração inicial e plena. Foram realizadas as polinizações controladas e após oito dias considerou-se fruto fixado, quando esse iniciou seu desenvolvimento. A estimativa da porcentagem de fixação foi calculada pela relação entre o número de polinizações realizadas e o número de frutos fixados por planta, multiplicada por 100. Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa ($p < 0,05$) entre os genótipos de meloeiro avaliados para AFF e AFM, revelando a existência de variabilidade genética com relação a precocidade. A menor média observada para AFF foi 25 dias para os genótipos PI 482398, PI 157082, PI 140471 e melão gaúcho. Em termos de AFM, os genótipos PI 482398, PI 157082, PI 140471, PI 42045 e CNPH 111053 tiveram a menor média (17 dias). Foi observado também variabilidade entre os genótipos para a fixação de frutos, com porcentagens variando de 22 (melão ouro) a 100 % (CNPH 111053). Sabendo-se que os cruzamentos artificiais são fundamentais no melhoramento de plantas, o conhecimento da biologia floral é essencial para o sucesso na obtenção de populações segregantes e/ou híbridos. Neste estudo, foi possível demonstrar que existe variabilidade genética para florescimento bem como para taxa de fixação de frutos. Neste contexto, a seleção de genótipos precoces e com maiores taxas de fixação contribui para a melhoria da eficiência dos programas de melhoramento de meloeiro.

Agradecimento - O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

USO DE APRENDIZADO DE MÁQUINA PARA CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA

Leonardo Castelo Branco Carvalho[1]*, Rafael da Costa Almeida[1], Wilson Vitorino de Assunção Neto[1], Bruno Assunção Câmara[1] Verônica da Silva Brito[1], Ângela Celis de Almeida Lopes[1], Regina Lucia Ferreira Gomes1,

[1] Universidade Federal do Piauí.

*cbcleonardo@gmail.com

Palavras-chave: diversidade genética; Machine learning; *Phaseolus lunatus*

A identificação e classificação de genótipos de feijão-fava em relação aos seus centros de origem constitui tarefa desafiadora, porém necessária para a manutenção de bancos de germoplasma da espécie. Para tal, vários métodos estatísticos multivariados têm sido utilizados visando a identificação de duplicatas, bem como de acessos que sejam representativos da espécie. No entanto, a necessidade de linearidade entre as variáveis utilizadas tem sido demonstrada como uma importante barreira. Classificadores baseados em inteligência artificial constituem-se alternativas frequentemente utilizadas para contornar essa dificuldade. O objetivo do presente estudo foi avaliar a eficiência de algoritmos de aprendizado de máquina para a classificação de acessos de feijão-fava quanto aos seus centros de origem. Foram avaliados 355 acessos pertencentes ao BAG de feijão-fava da UFPI, dentre esses 295 acessos do grupo brasileiro, 48 do grupo mesoamericano e 12 do grupo andino. Para tal foram mensurados 11 caracteres relacionados ao tamanho, formato e cor da semente. O conjunto de dados foi inicialmente padronizado com base na média e desvio padrão e em seguida segmentado, por amostragem aleatória proporcional, onde 80% dos dados foram destinados ao treinamento dos modelos e 20% para os testes dos algoritmos. Foram testados quatro algoritmos: Decision tree, KNN (k-Nearest Neighbors), SVM (Support vector machine), e Random forest. A eficiência dos modelos foram testadas pelos critérios acurácia e Kappa. O modelo baseado no algoritmo Random forest foi superior aos demais considerando ambos os critérios, sendo eficiente em classificar os acessos quanto à origem geográfica 90% das vezes. Ressalta-se que todos os métodos testados obtiveram eficiência acima de 85% de acerto, sendo KNN o algoritmo com menor poder de classificação, com percentual de acerto de 86%. Todos os algoritmos falharam 100% das vezes ao classificar os acessos pertencentes ao grupo andino, no entanto foram 100% eficientes em identificar os padrões pertencentes ao grupo brasileiro. O algoritmo que melhor identificou os acessos mesoamericanos foi o Decision tree (acertando aproximadamente 50% das vezes). Os acesso andinos foram classificados como brasileiros em 62% das vezes, o que pode ser reflexo de maiores semelhanças quanto ao tamanho, forma e cor da semente entre os genótipos originários desses grupos.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

VARIABILIDADE GENÉTICA EM UMA POPULAÇÃO NATURAL DE *Hancornia speciosa* GOMES

Valdinete Vieira Nunes1*; Itamara Bomfim Gois2; Laura Catharine Doria Prata Lima1; Juliana Lopes Souza 1; Renata Silva-Mann1

[1]Universidade Federal de Sergipe. [2]Universidade Federal de Viçosa.

*val.ufs@gmail.com

Palavras-chave: Mangaba; ISSR; Extrativismo; Conservação.

Existem inúmeras espécies que apresentam potencial para a obtenção de produtos farmacológicos, alimentícios e com importância socioeconômica, entre elas, destaca-se *Hancornia speciosa*, com ampla distribuição no país. No entanto, seus produtos são obtidos por meio de atividades extrativistas nas áreas remanescentes. Existem poucos plantios comerciais e pesquisas com as populações nativas são necessárias, visando à caracterização e avaliação do potencial para a conservação da espécie e programas de melhoramento genético. Assim, este trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a variabilidade genética de uma população de *H. speciosa* Gomes por meio de marcadores ISSR. A população, composta por 14 indivíduos, está localizada no município de Pirambu, estado de Sergipe. Foram empregados 18 oligonucleotídeos para o estudo de diversidade genética e, a partir do polimorfismo observado foram calculados a porcentagem de polimorfismo; a estimativa de similaridade genética, por meio do coeficiente de Jaccard; o número de alelos observados; o número de alelos efetivos; a diversidade genética de Nei; e o Índice de Shannon. Um total de 85 locos foram detectados, sendo que 32 foram polimórficos. Cinco oligonucleotídeos foram monomórficos e o polimorfismo dos demais variou de 17 a 100%. O polimorfismo foi igual a 37,65% para a população total e a similaridade genética variou de 34% (M2 e M14) a 96% (M1 e M5; e M4 e M7). O número de alelos observados foi igual a 2 e o número de alelos efetivos foi igual a 1,7907. O Índice de diversidade genética de Nei foi igual a 0,4355 e o índice de Shannon igual a 0,6256, estes valores são considerados altos e semelhantes aos encontrados em outras espécies arbóreas. Observa-se que há alta variabilidade genética na população estudada, no entanto, o delineamento de estratégias de conservação é necessário devido ao extrativismo irregular, sem plano de manejo sustentável, praticado na área.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

VARIEDADES LOCAIS DE FEIJOEIRO DO ESTADO DO RIO DE JANEIRO RESISTENTES AO CRESTAMENTO BACTERIANO COMUM

Karina Kazue Nakamura Fukuji; Anderson Yusei Suzuki Fukuji*; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti; Sabrina Cassaro; Rosimara Barboza Bispo; Cláudia Pombo Sudré; Cláudia Lougon Paiva de Almeida; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*andersonfukuji@hotmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*; escala de notas.

A produtividade do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é depende da ocorrência de doenças e dentre elas destaca-se o crestamento bacteriano comum (CBC), causado pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (XAP). A busca por fontes de resistência ao CBC tem sido um desafio para melhoristas e fitopatologistas. O objetivo deste trabalho foi fenotipar variedades de feijoeiro comum coletadas em diferentes regiões do estado do Rio de Janeiro para a reação a XAP. Foram avaliadas 24 variedades locais de feijoeiro comum e uma linhagem do tipo carioca, BAC-6, moderadamente resistente ao CBC, usada como padrão de resistência. O experimento foi conduzido em casa de vegetação no delineamento em blocos ao acaso com 25 tratamentos e três repetições. A inoculação foi realizada na terceira folha trifoliolada por meio da inoculação pelo método da tesoura. Foram realizados dois cortes de aproximadamente 1,0 cm nas folhas, com a tesoura previamente imersa em uma suspensão bacteriana com o isolado bacteriano XAP139-Y, ajustada em espectrofotômetro UV a 640nm e OD=460 a uma concentração de $1x10^7$ UFC.mL^{-1}. As avaliações foram realizadas durante 11 dias por meio da escala de notas em que variou de 1 (sem sintomas), 2 (1 a 5% de necrose), 3 (6 a 25% de necrose), 4 (26 a 50% de necrose) e 5 (>50% de necrose). A partir das notas foi realizado o cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), o período de incubação e a nota do último dia. As variáveis foram submetidas ao teste de Shapiro-Wilk, posteriormente realizada a análise de variância e agrupados pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Sete grupos foram formados, sendo uma variedade local, UENF 2336, (tipo roxo, marmoreado) teve valor de AACPD igual ao observado para o genótipo BAC-6, ou seja, não apresentaram sintomas até o último dia de avaliação. Em outro grupo, duas variedades UENF 2316 (tipo verde) e UENF 2581 (tipo preto) ficaram com valores muito baixos de AACPD, demonstrando que também são promissoras como fontes de resistência. As demais variedades foram classificadas como suscetíveis. O período de incubação (PI) variou entre quatro e 12 dias. Os genótipos que se destacaram com baixa AACPD, tiveram PI entre nove e 12 dias e a maior nota no último dia de avaliação foi 2, demonstrando resistência ao CBC. Assim, as variedades locais com resistência a CBC podem ser utilizadas em futuros programas de melhoramento do feijoeiro de diferentes tipos, como o UENF 2581 do tipo preto, UENF 2316 do tipo verde e UENF 2336 do tipo roxo.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, O trabalho foi realizado com o apoio da coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior – Brasil (CAPES) - código de financiamento 001.

RESUMOS DOS TRABALHOS DE OUTRAS ÁREAS

AGRONOMICAND PHYSICAL-CHEMICALPERFORMANCEOFSTRAWBERRIES CULTIVARS UNDER CONVENTIONAL AND SEMI-HYDROPONIC CULTIVATION SYSTEM

Suzana Tiemi Ivamoto-Suzuki[1,2]; Leonel Vinicius Constantino[3]; Leandro Simões Azeredo Gonçalves[3]; José dos Santos Neto[1,4]*

1Centro Universitário Filadélfia – Londrina/PR. 2Universidade Estadual Paulista – Rio Claro/SP. 3Universidade Estadual de Londrina – Londrina/PR. 4Instituto Agronômico do Paraná – Londrina/PR.

suzanatiemi@yahoo.com.br

Keywords: *Fragaria* x *ananassa*. Productivity. Fruit Quality

Strawberry (*Fragaria* x *ananassa* Duch) is the most consumed red pseudofruit in Brazil (in natura, processed or industrialized). It is considered a functional food since it has several nutraceutical properties, vitamins and minerals. Strawberry production in Brazil is increasing every year, and the small strawberry producers of the conventional system (SC) are migrating to the semi-hydroponic system (SH) by several reasons such as the improvement of fruit quality, productivity, off-season production and reduction of losses due to climatic phenomena. In addition, another factor that influences the strawberry fruit production and fruit quality is the type of cultivar (long day or neutral day). Until now, there is no comparative study comparing strawberry production in SC and SH system in the Northern region of Paraná State (Brazil). In this way, the main goal of this study was to characterize strawberry fruit productivity (number of fruits per plant, plant production and fruit weight) and quality (total soluble solids, total trimetric acidity, ratio SST/ATT, vitamin C, flavonoids, phenolics, antioxidant activity and pH) of Camino Real (short day), Portola and San Andreas (neutral day) cultivars in Londrina conducted in both systems (SC and SH). Our results indicated that SH system showed better productivity in the SH compared to SC. In addition, Camino Real was classified as the best cultivar according productivity and fruit quality results. Integrative analysis of strawberry management and cultivar showed that Camino Real and San Andreas had higher ATT values when cultivated in the SH system. And also, Portola and San Andreas showed higher ratio values in the SH system. In the SH systems, San Andreas showed the highest ratio value followed by Portola and Camino Real, respectively. We observed a positive correlation among production per plant, fruit weight, vitamin C, ATT, pH, ratio, SST and flavonoids. However, phenolics compounds was negatively related to productivity, fruit weight and number of fruits. Our principal component analysis result showed that cultivars growed in SC systems were more related to fen and flavonoid compounds, and when cultivated in SH system they were more related to productivity (productivity, fruit weight) and other fruit quality traits (SST, ATT, ratio, flavonoids, antioxidant activity and pH).

Agradecimentos: Unifil, IAPAR, UNESP-Rio Claro e FAPESP

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ANÁLISE DIALÉLICA DE PIMENTAS DEDO DE MOÇA PARA CARACTERÍSTICAS MORFOAGRONÔMICAS E BIOQUÍMICAS

Gisely Paula Gomes[1*], Tauana Gibim Eisele[2], Douglas Mariani Zeffa[1], Leonel Vinicius Constantino[1], Leandro Simões Azeredo Gonçalves[1]

[1]Universidade Estadual de Londrina (UEL). [2]Universidade Estadual de Maringá (UEM)

*gipgomes@yahoo.com.br

Palavras-chave: *Capsicum baccatum* var. *pendulum*, Melhoramento de hortaliças; Dialelo de Griffiing

Capsicum baccatum L. apresenta ampla variabilidade genética e uma das espécies mais cultivada nos países da América do Sul. No Brasil, a pimenta dedo-de-moça é uma das principais representantes dessa espécie, comumente produzida em sistema de agricultura familiar, com forte influência em culinárias regionalistas. Programas de melhoramento genético de *Capsicum* spp. ainda são relativamente escassos, e a introdução de novas cultivares no mercado contribui para impulsionar o consumo, além de possuir o apelo de alimento funcional. Assim, objetivou-se nesse estudo avaliar a capacidade de combinação de três das principais cultivares de pimenta dedo-de-moça no mercado e dois acessos do nosso banco de germoplasma, com relação às características agronômicas e concentração de compostos bioativos e atividade antioxidante. Um dialelo completo com os cinco genótipos de pimenta (Hortivale, BRS Mari, Mexicali, UEL 110 e UEL 111) resultaram em 20 híbridos. Posteriormente, os frutos foram analisados quanto ao o teor de: vitamina C, compostos fenólicos totais, flavonóides totais, atividade antioxidante e capsaicinoides. Os dados foram submetidos à análise de variância e o modelo dialélico de Griffing foi empregado para estimar a capacidade de combinação geral (CGC), específica (CEC) e o efeito recíproco (ER). A análise por mapa de calor identificou a formação de três grupos de variáveis, enquanto os genótipos foram separados em quatro grupos com pelo menos um progenitor presente em cada agrupamento. O grupo 1 apresentou genótipos que se destacaram em caracteres bioquímicos (pH, TA e DPPH) e morfoagrônomicos (rendimento e massa médio do fruto). Diferentemente, os genótipos do grupo 2 se destacaram apenas nos caracteres morfoagrônomicos como espessura do pericarpo, massa seca e diâmetro do fruto, ainda que tenham apresentado os menores valores para capsaicinoides e atividade antioxidantes. O grupo 3, formado pelos parentais UEL 110 e as combinações do mesmo com as cultivares Hortivale e BRS Mari, não demonstrou valores significativos para nenhuma característica avaliada, enquanto que genótipos do grupo 4 apresentaram os maiores níveis para capsaicinoides e ácido ascórbico (AA). Em conformidade com as estimativas de CGC, a cultivar 'BRS Mari' expressou os maiores efeitos positivos de para rendimento por planta, capsaicinoides (CAP, DCAP e NCAP), AA e sólidos solúveis totais (SST). A cultivar Hortivale apresentou altos valores de para AA, fenóis totais e SST, destacando-se como genitor para características fitoquímicas e antioxidantes. Efeitos aditivos, não-aditivos e citoplasmáticos estão envolvidos no controle genético das características que foram avaliadas em *C. baccatum*. A predominância de efeitos não-aditivos mostra que a exploração do vigor híbrido pode ser uma importante estratégia para obtenção de genótipos superiores. As combinações "BRS Mari" x "Mexicali" e "BRS Mari" x Hortivale foram destaque em algumas características, incluindo rendimento por planta e, por isso, são consideradas promissoras para o desenvolvimento de novos híbridos para o mercado.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Análise do método *Straw test* para fenotipagem da reação do Tabaco ao mofo branco por inferência do ajuste do progresso dos sintomas a modelos não lineares

Fernanda Souza Lopes[1]; Antonio Carlos Mota Porto[1]; Caroline Marcela da Silva[1]; Luciana Aparecida Miguel[1]; Welison Andrade Pereira[1]

[1]Universidade Federal de Lavras.

lopess.fer@gmail.com

Palavras-chave: *Sclerotinia sclerotiorum; Nicotiana tabacum;* Modelos de crescimento.

Nos últimos anos, a cultura do tabaco tem enfrentado crescentes problemas com doenças nas lavouras. Dentre elas, o fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, tem se destacado, já que genótipos resistentes de tabaco ainda são escassos. Atualmente têm-se buscado no melhoramento genético linhagens mais resistentes para serem incluídas ao manejo integrado para essa doença. Para isso, há necessidade de que no processo de seleção de genótipos resistentes seja utilizado um método de avaliação da reação das plantas ao patógeno que seja eficiente, rápido e simples e que não enviese o nível de resistência das plantas. O objetivo deste trabalho foi comparar diferentes modelos não lineares de crescimento com base na qualidade de ajuste, bem como verificar a melhor época para avaliação pós inoculação em ambiente controlado via método *Straw Test,* utilizando aspectos do progresso da doença por meio de modelos não lineares, nível de resistência dos genótipos e época de avaliação. A inoculação foi realizada em hastes de vinte linhagens de tabaco 43 dias após germinação, com pipetas contendo o micélio do patógeno. As plantas foram mantidas em câmara de nebulização a 21Cº e 60% de umidade e avaliadas em 3, 4, 5, 6, 10 e 15 dias após inoculação (DAI) utilizando uma régua milimetrada onde foi aferida, em centímetros, a progressão (comprimento) da lesão na haste. Os modelos não lineares foram comparados por meio do Coeficiente de Determinação (R^2), Desvio Médio Absoluto (DMA) e Critério de Informação de Bayesiano (BIC). De posse dos dados, as linhagens foram ranqueadas pelos seus valores estimados após análise de variância. Em seguida, os dados de progressão dos sintomas de todas as linhagens, das 5 melhores e das 5 piores foram avaliadas pelos seguintes modelos não lineares de crescimento: Logístico, de Gompertz, Monomolecular e Von Bertalanffy. Os dados obtidos mostraram que todos os modelos tiveram ajustes parecidos, tanto para todas as linhagens, quanto para os grupos de linhagens resistentes e suscetíveis. O modelo Monomolecular foi o que obteve melhor ajuste para todos os 3 grupos avaliados, enquanto o modelo logístico obteve o pior ajuste. Ao analisar os grupos de linhagens resistentes e suscetíveis, observou-se que em todos os modelos, o grupo com o melhor ajuste obtido foi o grupo com as 5 linhagens suscetíveis. A partir das análises das estimativas dos parâmetros de assíntota do modelo, resposta precoce e taxa de progresso da doença, foi possível concluir que o gradiente de resistência entre os grupos é mais influenciado pela taxa de progresso dos sintomas do que pela reação precoce da linhagem ao patógeno. Portanto, a fenotipagem dos sintomas induzidos deve ser realizada em épocas mais tardias, a partir de 6 dias após inoculação.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

ASSINCRONIA DE RITMO MEIÓTICO EM HÍBRIDOS SEXUAIS DE Urochloa

Joyce Lisboa da Silva[1*]; Celina de Medeiros Ragalzi[1]; Cacilda Borges do Valle[2]; Andréa Beatriz Mendes[3]; Maria de Fátima Pires Machado[3];

[1] Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - Departamento de Agronomia - Universidade Estadual de Maringá - Maringá-PR. [2] Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS. [3] Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá - PR

*joycelisboa43@gmail.com

Palavras-chave: Anormalidades cromossômicas; Gramíneas; Melhoramento genético.

O gênero *Urochloa*, é uma forrageira tropical encontrada em 90% da área de pastagens cultivadas no Brasil, de amplo renome para a produção pecuária nacional. Suas espécies mais importantes apresentam limitações que podem ser aperfeiçoadas com o melhoramento genético. Em razão do caráter poliploide deste gênero, avaliações citogenéticas são indispensáveis para identificar as anormalidades meióticas que podem interferir na produção de sementes. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento meiótico de três híbridos sexuais de *Urochloa*, pertencentes ao programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte. Para as análises citológicas foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. As imagens mais representativas foram capturadas usando microscópio óptico Olympus CX 31, contendo câmera SC 30 e o programa *AnalySIS getIT*. Além das anormalidades segregacionais, foi observado assincronia de ritmo meiótico. No híbrido B1, esta anomalia foi observada somente na anáfase II da meiose, onde 95,24% das células apresentaram um grande número de cromossomos retardatários. O híbrido R33 apresentou a anormalidade nas duas fases da divisão celular, em torno de 60% das células nas anáfases I e II apresentavam muitos cromossomos retardatários. O híbrido 460-9, por sua vez, apresentou aproximadamente 40% das células com essa anormalidade. Em consequência dos vários cromossomos retardatários, a maioria das células em telófase II apresentou muitos micronúcleos, chegando a 100% no híbrido 460-9. As tétrades apresentaram, em sua maioria, micronúcleos nos quatro micrósporos e citocineses extras formando tétrades com micrócito, pêntades e héxades com micronúcleos. Isto levou a formação de produtos finais anômalos com micrósporos de diferentes tamanhos e com quantidade desbalanceada de material genético. Quando irregularidades ocorrem durante a meiose e culminam na formação de micrósporos desbalanceados, os grãos de pólen formados, por sua vez, são inviáveis. A inviabilidade polínica acarreta em baixa produção de sementes, limitando o sucesso da hibridação.

Agradecimentos: Embrapa Gado de Corte; UNIPASTO; Capes.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DA ESPORULAÇÃO DE DIFERENTES ISOLADOS DE *Pseudocercospora griseola*

Adilson Júnior Soares Alves[1], Nathalia Bottrel Maia Pereira[1], Paula Furtado de Pádua[1], Elaine Aparecida de Souza[1]*

[1]Universidade Federal de Lavras, 37200-000, Lavras, MG – Brasil

*easouza@dbi.ufla.br

Palavras chaves: Produção de inóculo; Phaseolus vulgaris; mancha angular.

A Mancha Angular do feijoeiro causada pelo fungo *Pseucocercospora griseola* é uma das principais doenças que acomete a cultura. O desenvolvimento de cultivares resistentes é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético, entretanto a avaliação da severidade da doença é dificultada devido a obtenção de inóculo com número adequado de esporos do patógeno. Desta maneira, o objetivo desse trabalho foi analisar a esporulação de diferentes isolados de *P. griseola*. Foram coletadas folhas com lesões de mancha angular em campos de feijoeiro nos municípios de Lavras (LV) e de Lambari (LB), no sul de Minas Gerais na safra da seca do ano de 2017. A partir das lesões foram realizados os isolamentos de *P. griseola* para obtenção de culturas monospóricas. Após a obtenção das culturas monospóricas os isolados foram conservados por meio do método de tiras de papel. Para a análise da esporulação, foi conduzido um experimento no delineamento inteiramente casualizados (DIC) com 19 isolados de *P.griseola* e três repetições. Cada parcela foi constituída por um tubo de ensaio. Discos de micélio da colônia dos isolados de *P. griseola* foram repicados para tubos de ensaio contendo meio BDA (batata- dextrose- ágar) e mantidos à temperatura de 24°C na incubadora (B.O.D) por 11 dias. Foi adicionado uma alíquota 5 ml de água destilada em cada tubo e contada a esporulação no microscópio optico com auxílio da câmara de Neubauer. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância utilizando-se o programa R Studio. A comparação entre as médias foi realizada utilizando o teste de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. Houve diferenças significativas entre os isolados ($p \leq 0,05$) e dentro dos isolados provenientes de cada local (LV e LB). Dez isolados ficaram agrupados no grupo de menor esporulação média, sendo seis oriundos de Lambari e quatro de Lavras. Em contrapartida, apenas o isolado LV20 ficou no grupo de maior esporulação, indicando que esporulou mais que os demais. Portanto, mais estudos precisam ser feitos para que se possa analisar a esporulação dos isolados e quais seriam mais adequados para a melhor obtenção de inóculo e utilização em programas de melhoramento.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DA INTENSIDADE DE MOSAICO E MANCHA FOLIAR EM PROGÊNIES DE *Panicum maximum* Jacq.

Lucélia de Fátima Santos[1*]; Mateus Figueiredo Santos[2]; Liana Jank[2]; Celso Dornelas Fernandes[2]; Gustavo Vitti Môro[1]; Patrick Bezerra Fernandes[3]; Naiara Scarabeli Zancanari[1]; Luiz Eduardo Tilhaqui Bertasello[1]

[1]Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho. [2]Embrapa Gado de Corte. [3]Universidade Federal do Mato Grosso do Sul.

*luceliasantos98@hotmail.com

Palavras-chave: fungo; melhoramento de forrageiras; virose

Cultivares de *Panicum maximum* Jacq. *(Megathyrsus maximus)* têm grande relevância para a pecuária brasileira. No entanto, a incidência de mosaico e de manchas foliares, causadas, respectivamente pelo vírus *Johnsongrass mosaic vírus* (JGMV) e pelo fungo *Bipolaris maydis*, têm sido uma ameaça ao uso comercial desta espécie, pois tais doenças interferem na produtividade e na qualidade da forragem. A melhor estratégia para o controle dos referidos patógenos é a utilização de genótipos resistentes. Assim, objetivou-se avaliar a reação de progênies de *P. maximum* às doenças. O experimento foi conduzido na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande/MS. Foram avaliados 30 híbridos de 58 progênies de irmãos germanos obtidas do cruzamento entre plantas sexuais e apomíticas na Embrapa Gado de Corte. As avaliações das doenças foram realizadas em cada híbrido de cada progênie. A severidade da virose foi avaliada por meio de notas que variaram de 1 a 5 (1 = plantas sem sintomas aparentes, parecendo sadias, sem descoloração, deformação de tecidos ou nanismo e 5 = todos os sintomas muito fortes com necrose e morte da planta em estágios mais avançados); a severidade da mancha foliar foi avaliada por meio de uma escala diagramática com notas de 0 a 8 (0 = ausência de manchas e 8 = severidade acima de 50% de manchas). Os dados transformados foram submetidos à análise estatística multivariada por análise canônica utilizando-se a função Candisc, do software R versão 3.5.0. Foram estimadas duas variáveis canônicas Can1 e Can2, que explicaram 67% e 33%, respectivamente, da variação total nos genótipos de *P. maximum*. Na Can1, o mosaico se destacou de forma positiva, enquanto que a mancha foliar na forma negativa. Com base na Can1, é possivel inferir que existe predominância dos genótipos apresentarem maior associação com a virose. Este fato pode estar associado às condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento dos vetores transmissores da doença. Para a mancha foliar, a ocorrência da doença nos genótipos foi menor, possivelmente, devido ao manejo de cortes de uniformização realizados, ocasionando redução das lesões na área, proporcionando melhor sanidade das plantas. Em razão da vulnerabilidade dessa espécie às doenças supracitadas, é fundamental que os programas de melhoramento genético visem à resistência dos genótipos às mesmas. Os resultados obtidos evidenciaram que as progênies apresentaram maior associação com o mosaico do que com a mancha foliar, comprovando a importância relativa destas doenças presentes no ambiente de avaliação.

Agradecimentos: Embrapa Gado de Corte, Fundect, Unipasto e CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

AVALIAÇÃO DE RESISTÊNCIA À MURCHA-BACTERIANA EM LINHAGENS DE TOMATEIRO

Roberta Luiza Vidal[1]; Gabriel Lourenço Lopes[2]; Emília Emiko Tanaka[1]; Fernando Angelo Piotto[1]

[1]Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/Universidade de São Paulo. [2]Vilmorin do Brasil

*robertalvidal@gmail.com

Palavras-chave: *Ralstonia* spp.; resistência a doenças; porta-enxerto

A murcha bacteriana, causada por *Ralstonia* spp., é considerada a principal doença bacteriana do tomateiro cultivado sob condições quentes e úmidas, sendo fator limitante à produção na maior parte do ano nas regiões Norte e Nordeste do Brasil e, também, no cultivo protegido das regiões Sul e Sudeste. O uso de porta-enxertos com resistência é importante estratégia para o controle desta doença, porém os híbridos comerciais disponíveis representam alto custo para o pequeno produtor. Assim, o uso de linhagens resistentes seria uma alternativa para reduzir tais custos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a dinâmica temporal de ocorrência da murcha bacteriana em linhagens de tomateiro, em condições de cultivo em campo e duas épocas de plantio, visando determinar seu potencial uso como porta-enxertos. Foram avaliados cinco genótipos de tomateiro: Hawaii 7996, Rotam-4, Rodade, Vietnamita e TPN191, todos com histórico de resistência à murcha bacteriana, com exceção da linhagem TPN191, utilizada como controle susceptível. Em cada uma das épocas de cultivo foi utilizado uma copa diferente, sendo em janeiro utilizada a linhagem TPN202 e em abril o híbrido Gabrielle. Ambos os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados, com 3 repetições e 12 plantas por parcela. A avaliação foi realizada diariamente através da mensuração do número de plantas sintomáticas por 45 dias a partir do transplantio. Foram obtidas as curvas de taxas de mortalidade diárias das plantas, sendo realizada a análise de variância ($P<0,05$) sobre a taxa de sobrevivência final e as médias foram comparadas pelo teste LSD ($P<0,05$). Foram detectadas diferenças apenas entre os genótipos, tendo a linhagem Hawaii 7996 se apresentado como a mais resistente, com taxa de sobrevivência média pouco maior que 80%. Já as linhagens Rodade e Rotam mostraram taxa de sobrevivência bastante reduzida em relação ao esperado, com valores entre 23 e 30%. Com relação às linhagens TPN191 e Vietnamita, estas foram extremamente afetadas pelo patógeno, apresentando taxas de sobrevivência de 0 a 8%. O genótipo Hawaii 7996 mostrou-se promissor para uso como porta-enxerto resistente à murcha bacteriana desde que outras doenças limitantes a cultura não estejam presentes na área em questão.

Agradecimentos: CNPq e CAPES

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS DE CULTIVARES DE CAPIM FORRAGEIRO DA ESPÉCIE *Megathyrsus maximum*

Dino Cesar Pereira[1]; Cristiana de Gaspari Pezzopane[2]

[1,2] Centro Universitário Central Paulista – UNICEP, Rua Miguel Petroni, 5111, CEP 13563-470, São Carlos, São Paulo, Brasil.

cristiana.gaspari@yahoo.com

Palavras-chave: taxa crescimento; perfilhamento; porcentagem de matéria seca; altura; forragem

No Brasil, a principal fonte de alimentação para os bovinos é a pastagem, ocupando uma área aproximada de 170 milhões de hectares. Para que a forragem apresente máxima produção e valor nutritivo satisfatório durante a estação de pastejo, é necessário manejo adequado com fornecimento de calagem, adubações tanto de formação como a de manutenção, além de ser preciso escolher a pastagem que mais se adapta ao tipo de solo e que possua bom valor nutritivo, associados a um bom potencial produtivo. Os dois principais gêneros de forragens tropicais são *Urochloa* e *Megathyrsus*. A espécie *Megathyrsus maximum* é uma das mais cultivadas em regiões tropicais e subtropicais. No Brasil esta espécie é muito valorizada devido a sua adaptação ao clima e seu alto rendimento por área. Atualmente, algumas das opções de cultivares dessa espécie são: Tanzânia e Mombaça, as mais antigas, além de Massai, Zuri e Quênia, as mais recentes. O trabalho teve por objetivo avaliar o desenvolvimento vegetativo e a produção de cinco cultivares de *M. maximum*. O experimento foi desenvolvido no Centro Universitário Central Paulista (UNICEP), na cidade de São Carlos, SP. Foram avaliados o desenvolvimento e o rendimento de matéria seca de cinco cultivares da espécie *M. maximum*: Zuri, Mombaça, Tanzânia, Quênia e Massai. As avaliações iniciaram após o corte de uniformização que ocorreu 60 dias após o plantio, seguido da adubação de cobertura. O desenvolvimento inicial foi avaliado por 40 dias, medindo-se semanalmente a altura do dossel e contando-se o número de perfilhos por vaso. Após esse período, a parte aérea foi cortada a 10cm do solo para a obtenção de matéria seca. As sementes foram preparadas em bandejas plásticas e as mudas foram transplantadas para vasos de plásticos com capacidade de cinco litros, sendo que cada vaso recebeu duas mudas. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com cinco cultivares e cinco repetições. Os dados foram analisados pela análise de variância, seguida do teste Tukey para comparação das médias dos tratamentos. A partir das avaliações realizadas no presente estudo, os resultados obtidos mostraram que a cultivar Massai apresentou maior taxa de perfilhamento e número total de perfilhos e também a maior porcentagem de matéria seca de parte aérea total, apesar desta última variável não apresentar diferença significativa entre as demais cultivares. Para taxa de crescimento, a cultivar Zuri foi a que apresentou maior valor, apesar da diferença não ter sido significativa com as outras cultivares avaliadas.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES DE QUIABO VISANDO O MELHORAMENTO GENETICO COM FOCO NA ALIMENTAÇÃO HUMANA

João Pedro Delicato de Araújo[1]; Leandro Simões Azeredo Gonçalves[1]*; Leonel Vinicius Constantino[1]; Douglas Mariani Zeffa[1]; Isabella Accorsi Sanches[1]; Victor Hugo Silveira Caetano[1]

[1]Laboratório de Ecofisiologia e Biotecnologia Agrícola, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Rodovia Celso Garcia Cid, Km 380, Londrina, PR 86051-900, Brasil.

*leandrosag@uel.br

Palavras-chave: Abelmoschus esculentus (L.) Moench; Pré-melhoramento de hortaliças; Cultivo orgânico.

O quiabo (Abelmoschus esculentus (L.) Moench) é uma hortaliça com forte tendência de crescimento no mercado brasileiro, impulsionado pelo forte apelo do quiabo como alimento funcional, além de sua reconhecida presença na culinária de diversas regiões do país. Por isso, são altamente relevantes estudos para o desenvolvimento de novos cultivares com foco na alimentação humana, contribuindo com a agricultura familiar, sistema de produção no qual o quiabo é amplamente cultivado, principalmente quando associado às práticas de manejo com o mínimo de impacto ao agroecossistema. Assim, este trabalho teve como objetivo identificar genótipos de quiabo que sejam promissores para serem utilizados como genitores em um programa de melhoramento genético, associado ao sistema orgânico de produção. Nove variedades de quiabo foram adquiridas do banco de germoplasma da Universidade Federal de Viçosa por meio de intercâmbio com a Universidade Estadual de Londrina. Os atributos avaliados na caracterização mineral e bioquímica foram: teores de Magnésio (Mg), Cálcio (Ca), Ferro (Fe), Zinco (Zn), Cobre (Cu), Fosforo (P), Potássio (K), compostos fenólicos totais (TPC), flavonoides totais (TFT), Vitamina C (VitC) e atividade antioxidante pelo método DPPH. Os dados foram analisados por meio do software R, aplicando-se ANOVA e teste de agrupamento de médias Skott-Knott ($P< 0,05$), além da análise de componentes principais e agrupamento por mapa de calor. A maior variabilidade entre os genótipos foi observada para a concentração de Zn (CV=16.36%), enquanto a maior precisão foi para o teor de compostos fenólicos totais - TPC (CV=4,09%), indicando que o teor de Zn sofre maior variação em reposta ao genótipo, uma vez que o efeito ambiental é o mesmo. A variedade G5 é a que apresentou maiores teores de Zn, P, K, Mg, DPPH e VitC, além de estar no grupo de segunda maior média para Ca, Fe, TPC e TFT. De acordo com a análise de agrupamento a variedade G1 representa um grupo que se difere das demais variedades, com influência dos atributos Mg e TFT, os quais obteve os maiores níveis, além das características Zn, DPPH e Ca. Nas demais variedades (G2, G3, G4, G6, G7, G8, G8) os níveis dos atributos avaliados foram similares quando cultivados em sistema de produção orgânico. Dessa forma, as variedades G1 e G5 são genótipos contrastantes com características superiores inerentes a um alimento funcional e podem ser genitores em programas de melhoramento genético de quiabo, visando a alimentação humana.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E BIOQUÍMICA DE CULTIVARES DE ALFACE CRESPA CROCANTE

Silas Mian Alves[1]; Leonel Vinicius Constantino[1]; Douglas Mariani Zeffa[2]; Laís Martins Rossetto[1], Fernando Cesar Sala[3], Camilla Andrade Pacheco[1]; Leandro Simões Azeredo Gonçalves[1]

[1]Universidade Estadual de Londrina (UEL). [2]Universidade Estadual de Maringá (UEM), [3]Universidade Estadual Paulista (UNESP) - Campus Araras

*silasmian@hotmail.com

Palavras-chave: Melhoramento de alface; Mercado consumidor; *Lactuca sativa* L; Pós melhoramento de hortaliças

O alface (*Lactuca sativa* L.) é uma das hortaliças mais produzidas no Brasil, sendo a quinta olerícola mais consumida no pais. Nesse cenário, cultivares de alface do grupo crespa recebe destaque pela maior demanda na comercialização, além das cultivares de alface americana, que tem apresentado crescimento considerável nos últimos anos. Este último grupo possui folhas crocantes com maior tempo de conservação, fatores estes que agradam aos consumidores. Atualmente, programas de melhoramento genético de alface têm se voltado para o aumento de compostos com potencial nutracêutico que contribui para a saúde humana. Por isso, cultivares comerciais de alface crespas, desenvolvidas pelo programa de melhoramento da UNESP – Araras, são uma novidade no mercado de alface no Brasil. Assim, este estudo objetivou avaliar a qualidade pós-colheita destas cultivares, comprando-as com a cultivar de alface crespa Vanda, visando a continuidade do programa de melhoramento para características físicas e bioquímicas, de interesse nutricional e de aparência. As análises realizadas foram: acidez titulável total (ATT), sólidos solúveis totais (SST), vitamina C, cor, compostos fenólicos totais e atividade antioxidante. Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste Tukey ($P<0,05$), além da análise por mapa de calor. A cultivar Crocantela apresentou a maior relação SST/ATT (23,15), ainda que Saladela e Vanda tenham apresentado os maiores valores de sólidos solúveis totais (2,77 e 2,53 °Brix). Crocantela apresentou coloração mais escura entre as demais, enquanto Vanda apresentou a coloração mais clara e Rubinela teve valores para cor consistentes com o vermelho escuro. As maiores atividades antioxidantes foram encontradas para as cultivares Brunela e Rubinela, ambas com 230 µmol TEAC 100 g^{-1}. Vanda é a cultivar que reúne a maioria dos atributos desejáveis às folhas de alface, justificado pelos maiores níveis de Vitamina C, de 8,51 mg de ácido ascórbico 100 g^{-1}, e de sólidos solúveis totais (2,53 ºBrix), além de altos níveis de fenólicos totais e de atividade antioxidante (151,62 µmol TEAC 100 g^{-1}), ainda que a cultivar Rubinela apresente maiores concentrações de compostos fenólicos (49,19 mg EAG 100 g^{-1}). As cultivares foram agrupadas em três grupos: Rubinela; Crocantela e Brunela; Saladela, Romanela; Vanda. Rubinela se destaca das demais cultivares pelos maiores níveis de atividade antioxidante e de fenólicos totais. O grupo formado por Crocantela e Brunela apresentou alta relação de sólido solúveis totais e acidez total titulável e menores concentrações de ácido ascórbico. Saladela, Romanela e Vanda foram agrupadas por apresentar os maiores teores de vitamina C e acidez titulável total. Saladela e Romanela são promissoras para continuação do programa de melhoramento de alface da UNESP - Araras, pois são as cultivares que possuem maior semelhança a cultivar Vanda, com o adicional de apresentarem folhas mais crocantes.

Agradecimentos: A Universidade Estadual de Londrina (UEL), ao Laboratório de de Ecofisiologia e biotecnologia Agrícola (LEBA) e à UNESP - Araras

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CARIÓTIPO E BANDEAMENTO CMA/DAPI EM *PIPER HISPIDINERVUM, P. ADUCUM* E *P. AFFINIS HISPIDINERVUM.*

Nina Reis Soares[1]; Jhonata Costa da Silva[1]; Giovana Augusta Torres[1].

[1]Universidade Federal de Lavras - UFLA.

*ninareissoares@hotmail.com

Palavras-chave: safrol; taxonomia; Pimenta.

O gênero *Piper* possui mais de 700 espécies, sendo que 450 são encontradas no Brasil e tem importância econômica pelo fato de ser fonte de importantes substâncias presentes em seus óleos essenciais. *Piper hispidinervum* é fonte de safrol, *Piper aduncum* é fonte de dilapiol, enquanto que *P. affinis hispidinervum* é fonte de sarisan. Estes fenilpropanóides possuem atividade inseticida, bactericida, fungicida, além de usos medicinais e na indústria de perfumaria. As espécies são morfologicamente muito similares, o que gera grande controvérsia taxonômica. Alguns trabalhos classificam *Piper hispidinervum* e *Piper aduncum* como espécies distintas, outros consideram *Piper hispidinervum* como um quimiotipo ou uma variedade de *Piper aduncum.* A classificação de *P. affinis hispidinervum* também é discutida, sendo classificada em alguns trabalhos como um quimiotipo de *P. hispidinervum,* enquanto outros a consideram um híbrido entre *Piper hispidinervum* e *P. aducum*. A definição taxonômica prescinde de informações com maior resolução e o estudo dos cromossomos pode auxiliar na distinção das espécies, como nos casos de outros grupos taxonômicos. No presente trabalho foram avaliadas as espécies nativas do Acre: *Piper hispidinervum*, *Piper aduncum e P. affinis hispidinervum,* quanto ao seu cariótipo e padrão de bandeamento fluorescente, a fim de identificar a existência de polimorfismos cromossômicos, que possam contribuir para diferenciação das três espécies. As três espécies possuem 2n= 26, x= 13, *P. hispidinervum* com cromossomos de 3.70 a 1.65 µm, *Piper aduncum* medindo de 3.32 a 1.40 µm e *Piper affinis hispidinervum* medindo de 4.22 a 1.60 µm e em todas as espécies com morfologia metacêntrica. Também apresentaram 1 banda CMA centromérica em um par de cromossomos homólogos. Já o bandeamento com o fluorocromo DAPI não produziu bandas consistentes que permitissem a construção de um padrão. Dessa forma não foi possível distinguir as espécies por meio da análise cariotípica ou de bandas CMA/DAPI, sendo necessário a utilização de técnicas de citogenética molecular que permitam a identificação de mais marcas ao longo dos cromossomos para complementar o estudo.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa, instituições de ensino etc (opcional).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

CHARACTERIZATION OF TOMATO GENOTYPES FOR TOMATO BACTERIAL SPOT RESISTANCE

Mariana Niederheitmann[1*]; Jéssica E. N. de Souza[1]; João V. Nomura[1]; Daniel P. Longatto[1]; Maria C. Q. Verdi[1]; Fernando A. Piotto[2]; David M. Francis[3]

[1]'Luiz de Queiroz' College of Agriculture, Genetics Department, University of São Paulo, Brazil. [2]'Luiz de Queiroz' College of Agriculture, Crop Science Department, University of São Paulo, Brazil. [3]Ohio Agricultural Research and Development Center, Horticulture and Crop Science Department, The Ohio State University, Wooster, USA.

*mariana_nieder@usp.br.

Keywords: *Xanthomonas perforans*; melhoramento; *Solanum lycopersicum*.

The importance of bacterial spot has extremely increased in Brazilian tomato production regions. This is mostly due to the lack of commercial hybrids with a reasonable level of resistance, the occurrence of five races of four species of *Xanthomonas* bacteria and its difficult control. The identification of resistant genotypes is a challenge in tomato breeding programs, due to the large number of diseases that occur in the plants simultaneously, besides being highly affected by environmental factors. This work was carried out aiming at characterizing tomato genotypes to their reaction to bacterial spot. 245 inbred lines from ESALQ/USP tomato germplasm were evaluated, which 24-day seedlings were inoculated with a *Xanthomonas perforans* strain isolated from contaminated plants in Holambra-SP. The bacterial suspension concentration was $3x10^8$ CFU.mL^{-1}. The experiment was conducted in greenhouses, from September to October 2018, in a randomized complete block design with three replicates. The plots were composed of four plants per pot. Two leaves per plant were collected and photographed between the 17th and 20th day after inoculation. Symptoms severity was assessed through image processing in the Trainable Weka Segmentation and Color Pixel Counter plug-ins, both present in ImageJ/Fiji Software. The data were submitted to analysis of variance and the means were grouped by the Scott-Knott test ($P \leq 0.05$). There was a significant difference between the evaluated genotypes, with the obtainment of ten groups of inbred lines with significantly different severities. 56% of the genotypes were classified into eight groups and had resistance statistically equal to or lower than the susceptibility control, IPA-6. Since most of these genotypes are commercial cultivars or acquired from breeding programs, the high percentage of susceptibility corroborates the relevance of developing more resistant genotypes to tomato bacterial spot. The most resistant group consisted of 42 genotypes, which had severities varying between 5.44% and 8.40%. These include the controls USP100 and USP101, whose high resistance had already been reported in previous experiments. The genotypes USP008, CGT-91, USP154 and USP041 and USP029 are among the most resistant ones that had been previously characterized as having high agronomic potential for production components (large number of fruits per cluster and/or large fruits). These genotypes are promising for the ESALQ/USP tomato breeding program; however, they still need to be screened for resistance to other important tomato diseases.

Acknowledgements: CAPES, CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

COMPARAÇÃO DE EFICIÊNCIA DE ESCALAS DE NOTAS PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS RESISTENTES À MANCHA-BACTERIANA EM TOMATEIRO

Jéssica E. N. de Souza[1*]; Mariana Niederheitmann[1]; João Vitor Nomura[1]; Daniel P. Longatto[1]; Maria C. Q. Verdi[1]; Fernando A. Piotto[2]

1Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz', Departamento de Genética, Universidade de São Paulo. 2Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz', Departamento de Produção Vegetal, Universidade de São Paulo.

*jess.nsouz@usp.br

Palavras-chave: *Xanthomonas perforans*; melhoramento; *Solanum lycopersicum*.

A mancha-bacteriana, uma das principais doenças do tomateiro, é causada por um complexo de bactérias do gênero *Xanthomonas spp*., havendo o predomínio da espécie *Xanthomonas perforans* em algumas das principais áreas produtoras brasileiras. Os sintomas aparecem inicialmente nas folhas mais velhas, com lesões caracterizadas por pequenas manchas, com formato irregular e aspecto encharcado, bordas delineadas e coloração verde-claro, chegando a um marrom-escuro, podendo se tornar deprimidas e até coalescerem. A severidade desta doença é estimada por meio do uso de recursos computacionais ou escala de notas, cujos níveis podem representar o percentual de área afetada. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a correlação de escalas de notas com o valor real do percentual de área afetada pela doença, mensurado por meio de um software. Para tanto, foram utilizadas três escalas: 1) "escala do melhorista", variando de 1-5; 2) escala diagramática de 1-5 (Mello et al., 1997) e 3) escala de 1 a 10 (Horsfall & Barrat,1945). Para as três escalas avaliadas, as menores notas indicam menores valores de severidade. Foram utilizados três genótipos com níveis de resistência conhecidos, sendo eles: USP 030 - IPA-6 (suscetível); USP 028 - Olirose de St Domingue (intermediário); USP 100 - CNPH1137 (resistente), os quais foram dispostos em quatro blocos casualizados, em casa de vegetação. Aos 30 dias após a semeadura (DAS), as mudas foram inoculadas com um isolado de *Xanthomonas perforans* (9C). Aos 45 DAS, as plantas foram avaliadas visualmente utilizando três escalas de notas por três avaliadores. As folhas mais sintomáticas foram coletadas e fotografadas para análise no software QUANT v1.0.1. A área afetada pela doença obtida pelo software e as notas de severidade dada pelos avaliadores utilizando as escalas foram comparadas por meio da correlação de Pearson. Dentre as escalas de notas utilizadas, a escala 1 foi a que mais se correlacionou com a área real afetada pela doença. Isso pode ser explicado pelo fato desta escala ser mais prática, com poucos níveis de resistência e respectivas notas, sendo mais fácil seu entendimento e visualização. Já a escala 3, que é uma das mais utilizadas, foi a que menos se relacionou com os resultados obtidos pelo software, provavelmente por não ser linear e possuir maior número de classes, exigindo mais experiência do avaliador. Com relação ao efeito do avaliador, foi possível constatar que houve diferenças entre os mesmos para cada escala, de acordo com sua experiência neste tipo de avaliação. Por fim, podemos concluir que escalas menos complexas são adequadas para seleções envolvendo grande número de genótipos, ao passo que para trabalhos nos quais sejam exigidas maiores acurácias, é necessário realizar a fenotipagem utilizando ferramentas computacionais.

Apoio financeiro: CAPES; CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIFERENCIAÇÃO DE PLANTULAS HAPLOIDES E DIPLOIDES DE MILHO POR PARAMETROS DE VIGOR

Barbara Balisa de Carvalho[1*], Raquel Maria de Oliveira Pires[2]; Edila Vilela de Resende Von Pinho[3]; Heloisa Oliveira dos Santos[4]

Setor de Sementes, Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras/UFLA, Lavras/MG.

*barbarabcarv@gmail.com

Palavras-chave: caracterização morfológica, citometria de fluxo, microssatélites

A obtenção de duplo-haploides (DH) tem sido uma ferramenta largamente utilizada por empresas públicas e privadas. Contudo, a diferenciação adequada e precisa entre sementes haploides e diploides é um desafio do setor. Com isso, objetivou-se com o presente trabalho estudar as diferenças entre plântulas haploides e diploides por meio da análise de características morfológicas (comprimento da radícula e do coleóptilo); e validar o uso dessas avaliações para a identificação de haploides durante as etapas iniciais do processo de obtenção de DH's. Para tanto, quatro híbridos foram cruzados com o indutor de haploidia KEMS. As sementes provenientes desses cruzamentos foram selecionadas de acordo com o marcador R-Navajo e submetidas a dois protocolos de duplicação cromossômica. As plântulas que sobreviveram aos protocolos foram aclimatizadas em casa de vegetação e, posteriormente, transplantadas para o campo. Após a autofecundação das plantas DH0, as sementes DH1 obtidas foram levadas novamente ao campo, divididas em tratamentos de acordo com os parentais e os protocolos de duplicação utilizados. No estádio V4 das plântulas DH1, amostras de tecido foliar foram coletadas para identificação dos níveis de ploidia, via citometria de fluxo, e para análises de DNA, efetuadas com o auxílio de marcadores microssatélites. Estes resultados foram confrontados com as características morfológicas das futuras plântulas DH2. Todas plântulas identificadas como diploides e haploides dos oito tratamentos tiveram sementes semeadas em bandejas contendo substrato organo-mineral, e mantidas em câmara de vegetação a 25ºC, com fotoperíodo de 12 hs. Os comprimentos dos coleóptilos e das radículas das plântulas obtidas foram mensurados com ajuda de uma régua graduada. As análises foram realizadas com base na estimativa dos componentes de variância e na predição dos efeitos aleatórios, utilizando-se a abordagem do modelo Gaussiano de mistura. As sementes DH2 colhidas de todos os tratamentos não expressaram o marcador morfológico de antocianina R1-Navajo. Por meio dos níveis de ploidia detectados na etapa de citometria, e confirmados pelas análises de DNA via marcadores SSR, observou-se a presença de 12,9% de plântulas haploides e 87,1% de plântulas diplóides, de um total de 602 plântulas avaliadas. O fator tratamento foi descartado, de modo que o modelo Gaussiano de mistura, o qual considerou o valor total de sementes, foi capaz de diferenciar sementes haploides e diploides utilizando apenas o componente comprimento de radícula, com eficiência de 67%. Em um programa de melhoramento genético, onde a redução do tempo na identificação de haploides é algo de extrema importância, pode-se utilizar a avaliação do comprimento da radícula, no quarto dia após a semeadura, como marcador do vigor de plântulas. Agência(s) de Fomento: CAPES, CNPq, FAPEMIG.

Agradecimentos: agradecer instituições de fomento à pesquisa, instituições de ensino etc (opcional).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Differential gene expression analysis in roots of commercial sugarcane genotypes under drought stress

Ana Letycia Basso Garcia[1]; Guilherme Kenichi Hosaka[1]; Fernando Henrique Correr[1]; Victor Hugo de Mello Pessoa[1]; Iago Maiochi[2]; Isabella Barros Valadão[2], Thiago Willian Almeida Balsalobre[2], Monalisa Sampaio Carneiro[2]; Gabriel Rodrigues Alves Margarido[1]

[1]Luiz de Queiroz College of Agriculture - University of São Paulo. [2]University of São Carlos.

*garcia.alb@usp.br

Keywords: RNA-Seq, Saccharum, water deficit

Sugarcane yield is highly dependent on water availability in the soil. However, given climate changes and the expansion of the crop to marginal areas, there is an increasing demand for sugarcane genotypes that can tolerate water deficit. Little is known about genetic responses and mechanisms involved in drought stress tolerance in sugarcane roots. Our goal was to investigate differential gene expression in sugarcane roots as a response to water deprivation, in comparison with normal water availability. We carried out a greenhouse experiment with six commercial sugarcane hybrids (RB867515, RB92579, RB855536, SP80-3280, RB855113 and SP79-1011) under two contrasting treatments: control and drought stress. After 120 days of sowing, drought stress was established by completely stopping irrigation for five days, while control plants continued to receive normal irrigation. We collected root samples for three biological replicates of each genotype under each treatment and extracted total RNA using the RNeasy Plant Mini Kit (Qiagen). Next, we constructed and sequenced RNA-Seq libraries for a total of 36 samples, followed by pre-processing of the raw reads to remove adaptors and low-quality reads. We then performed a *de novo* transcriptome assembly using Trinity, aligned the reads to the assembled transcriptome and quantified gene expression using a *quasi*-mapping strategy. Finally, we tested for differential expression at the gene level by comparing the two contrasting water treatments with the edgeR package. *De novo* transcriptome assembly resulted in 346,849 transcripts and 166,147 genes, with an average contig length of 1247.60 bp and an N50 of 1870 bp. For a total of 44,362 expressed genes, we found 1,730 with significant differential expression, of which 718 were downregulated and 1,012 were upregulated in drought treatment. We found evidence of substantial transcriptional changes in roots of different sugarcane genotypes under water deficit. We will present results of the functional annotation of the assembled transcriptome, including an in-depth analysis of the genes with varying expression levels. In the future, additional studies will be conducted to further understand the mechanisms behind this response, including genotype-specific genetic behavior under drought stress.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Digital phenotyping and qualitative traits applied to fruits description of *Capsicum baccatum* var. *pendulum*

Sabrina Cassaro[1], Rosimara Barboza Bispo[1]; Karina Kazue Nakamura Fukuji[1], Cláudia Pombo Sudré[1], Rosana Rodrigues[1]

[1] Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

*sabrinacassaro@pq.uenf.br.

Key-words: Chili pepper; Tests Distinctness, Uniformity and Stability; new cultivar.

Plant phenotyping is a very important step in a breeding program. Many variables need to be analyzed in a large number of plants during the process of obtaining a new cultivar. In the final evaluation tests (Distinctness, Uniformity and Stability - DUS), in which few genotypes are considered, it is necessary to analyze plants accurately in order to differentiate the genotypes from each other. The use of digital tools has been very useful in characterizing parts of plants, including the acquisition of a large number of high precision images, which can be stored and analyzed at any time with great precision. In this work, we report the use of digital phenotyping associated with qualitative fruit characterization for description of pure lines, candidates for being new cultivars of *C. baccatum* var. *pendulum*. Our goal was to compare the pure lines and commercial genotypes performance regarding fruit traits. Three pure lines (P1624, P1732, P1639) candidates to be new cultivars, and three cultivars available in the market ('BRSMari', 'Cambuci', 'Dedo-de-Moça') were evaluated in a DUS test. Three fruit per plant were harvested at mature stage. Five quantitative fruit related traits (number of locules, length, diameter, placental length, and pericarp thickness) were phenotyped using a Scanner Plustek OpticPro A320. Images were analyzed by ImageJ software. Five qualitative fruit traits (color at mature stage, shape, cross section shape, texture and pungency) were evaluated. The variables were analyzed using ANOVA, Tukey's test, and multivariate analysis. Highly significant differences for all analyzed traits, except for the number of locules ($p \leq 0.05$), were observed. The three pure lines showed superior results for all quantitative traits. Digital phenotyping made the fruits evaluation more agile and efficient, and increased the accuracy of the data. In the joint analysis, considering quantitative and qualitative data, UPGMA clustered two groups, considering a cut-off point in approximately 60%. Group I consisted of the genotypes P1624, 'Dedo-de-Moça' and 'BRSMari', both of them with elongated, wrinkled and pungent fruits. Group II joined P1732, P1639 and 'Cambuci', with campanulate fruit format and angled cross-section. Groups I and II differed from each other because group I brought together the genotypes with the highest values of fruit length (58.85mm) and placental thickness (44.21mm), and lower values for fruit diameter (14.69mm) and pericarp thickness (2.24mm). The clustering pattern was consistent, with a cophenetic correlation coefficient of 0.90. Digital phenotyping was very useful to analyze fruits and help to speed up lab work to compare genotypes. In addition, fruit image stored can be useful to produce catalogs and disseminate the information of the new cultivars to the farmers. Regarding to fruit traits, the three pure lines P1732, P1624 and P1639 are superior to the cultivars already on the Market

Acknowledgement: This work was carried out with the support of the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brazil (CAPES) – Financing Code 001. The authors also thanks to FAPERJ, CNPq and UENF.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DISCRIMINAÇÃO FISIOLÓGICA DE LINHAGENS DE TOMATEIRO PARA TOLERÂNCIA A CALOR E LUZ

Albania J. Patiño-Torres[1]*; Antonio Vargas de Oliveira Figueira[2]

[1]Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Brasil. [2]Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo, Brasil.

*albaniajose@gmail.com

Palavras-chave: estresse abiótico; fluorescência da clorofila; termoestabilidade de membranas

A combinação de calor intenso e alta irradiância solar é comum em grande número de regiões e um importante limitante abiótico da produtividade na agricultura tropical, o que se traduz em perdas econômicas. Como as plantações estão sujeitas a vários fatores de estresse abiótico, a seleção de um fenótipo adaptado a todos eles exige o aperfeiçoamento de diversos aspectos celulares. Contudo, a alteração da expressão gênica não depende do fator estressor (luz, calor, seca, radiação UV) e sim da tensão que este ocasiona na planta, frisando que diferentes fatores podem provocar a mesma tensão. Assim, vem aumentando a frequência dos estudos que abordam a interação entre o excesso de luminosidade e o calor, visto que ambos causam estresse oxidativo pela produção de espécies reativas de oxigênio nas células do mesófilo. Contudo, a fenotipagem e seleção de plantas resilientes ainda não é possível porque faltam detalhes da via de transdução/amplificação dos sinais estressores, o que impede a identificação de genes-alvo que direcionem as estratégias biotecnológicas. Este trabalho visou relacionar mecanismos fisiológicos de fotoproteção com a capacidade de adaptação ao excesso de luminosidade e calor. Para isso, se utilizaram sete linhagens de tomateiro com tolerância térmica variável e uma espécie selvagem adaptada ao clima de alta montanha andina, *Solanum pennellii*. Todos os experimentos foram conduzidos em DBCC (n=3). Plantas de 45d foram submetidas a duas horas de excesso de irradiância e calor (>1500µmol fótons m^2 s^{-1} e >35°C) durante quatro dias. Foram mensurados os parâmetros de fluorescência da clorofila e trocas gasosas por meio de *IRGA-Infra Red Gas Analyzer*. Também foi estimado o coeficiente de termoestabilidade das membranas, pelo vazamento de íons sob 70°C. Para as curvas de adaptação à luz se utilizaram plantas de 45d crescidas em ambiente não estressante. As linhagens Nagcarlan e Amália destacaram pela dissipação de energia excedente durante a fotossíntese (mecanismo NPQ). Adicionalmente, as plantas estressadas da linhagem Nagcarlan exibiram maior integridade das membranas foliares quando comparadas com as plantas controle. Os padrões de curva de luz permitiram distinguir genótipos com adaptação baixa, média e alta à intensidade luminosa. A exposição excessiva à luz promoveu o aumento dos mecanismos de dissipação de calor e, caso as adaptações diante de ambos os estímulos tiverem evoluído em conjunto, é plausível que a manipulação da expressão de genes de fotoproteção altere a adaptação ao calor. Isto ganha mais sentido perante as recentes descobertas relacionadas com o papel dual dos fotorreceptores fitocromo B e fototropina. Esta abordagem fisiológica se mostrou útil na discriminação de genótipos de *Solanum* de acordo ao grau de adaptação ao estresse por calor e luz. Indica-se a linhagem Nagcarlan como promissora no direcionamento biotecnológico do melhoramento de tomateiro para tolerância ao excesso de irradiância e calor.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DISSIMILARIDADE GENÉTICA E IMPORTÂNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MAXIXE

Irais Dolores Pascual Reyes[1]*; Aline Torquato Tavares[1]; João Victor Gonçalves Carline[1], Danilo Alves Porto da Silva Lopes[1]; Milena Benetti1; Ildon Rodrigues do Nascimento[1]

[1]Universidade Federal do Tocantins - Campus Gurupi-TO-Brasil.

*irais121@hotmail.com

Palavras-Chave: *Cucumis anguria*; Divergência genética; Seleção.

O maxixe (*Cucumis anguria* L.) é uma espécie de origem africana, pertencente à família das cucurbitáceas. No Brasil é cultivado em praticamente todas as regiões do país, com uma variedade de tipos. Estudos com divergência genética entre os tipos cultivados em uma região são de extrema importância. Com base em um conjunto de características, o trabalho objetivou-se estimar a diversidade genética entre genótipos de maxixe. Seis acessos em uso pelos produtores da região (MAXGU#01; MAXGU#02; MAXGU#03; MXGU#04; MAXGU#05 e MAXGU#06) e também três cultivares comerciais (Feltrin® Nordeste com espínculos; Feltrin® Calcutá liso e Topseed® Norte com espínculos) foram comparados em experimento conduzido em dois anos em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Os caracteres avaliados foram: diâmetro, comprimento, peso médio, firmeza e produtividade de frutos. A dissimilaridade fenotípica foi realizada por meio da distância generalizada de Mahalanobis padronizada e a importância dos caracteres foi segundo Singh (1981). Verificou-se a formação de cinco grupos principais, indicando que a presença de variabilidade genética entre os genótipos. As três maiores distâncias foram encontradas entre cruzamentos dos genótipos locais com genótipos comerciais, sendo a maior distância nas linhagens MAXGU#01 x Feltrin® Calcutá liso e MAXGU#01 x MAXGU#01 (7413,68), seguido pela linhagem MAXGU#01 x Feltrin® Calcutá liso e MAXGU#01 x Feltrin® Nordeste (6144,39) e na terceira maior distancia pela linhagem MAXGU#02 x Feltrin® Calcutá liso e MAXGU#01 x Feltrin® Calcutá liso (4949,00). A característica que mais contribui para a expressão da divergência genética foi firmeza da polpa com 34,48%, seguido do peso médio dos frutos com 25,05% e a produtividade do fruto com 19,40%.

Agradecimentos: Universidade Federal do Tocantins - Campus Gurupi, Consejo Nacional de Ciência y Tecnologia (CONACyT) e o grupo NEO Tropic.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE DE GENÓTIPOS DE CEBOLA

Aline Torquato Tavares[1*]; Francielly Quitéria Guimarães Alves[1]; Irais Dolores Pascual Reyes[1]; João Francisco de Matos Neto[1]; Juliana Lopes Santos[1]; Ildon Rodrigues do Nascimento[1]

[1]Universidade Federal do Tocantins.

*alinet4t@hotmail.com

Palavras-chave: *Allium cepa* L.; melhoramento genético; seleção.

A divergência genética é de grande importância para o melhoramento, pois, adequadamente explorada, pode reduzir a vulnerabilidade da cultura a doenças e, ao mesmo tempo, acelerar o progresso genético para determinados caracteres. O objetivo do presente trabalho foi analisar a diversidade genética de treze genótipos de cebola, sendo dez genótipos comerciais e três experimentais, para identificar futuras combinações superiores e promissoras. O experimento foi conduzido na área experimental da Universidade Federal do Tocantins, Campus de Gurupi, Tocantins. Os caracteres avaliados foram: massa média, produtividade, diâmetro, comprimento e formato do bulbo, número de folhas e ciclo. Para o cálculo das distâncias fenotípicas foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis padronizada e a contribuição relativa de cada caráter segundo Singh (1981). Dentre os genótipos analisados, todos os genótipos experimentais tiveram altos rendimentos, sendo superiores aos genótipos comerciais, destacando-se os genótipos NUN 3010 e NUN 1504. As maiores distâncias encontradas foram entre os genótipos Cimarron e NUN 1504 (43,64), seguida por NUN 1310 e Cimarron (42,72). Houve a formação de três grupos, indicando a presença de variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o primeiro formado pelos genótipos Optima, Serengeti e Cristalina, todos comerciais e possuem características bastante semelhantes, principalmente formato, comprimento e diâmetro dos bulbos; o segundo formado pelos comerciais Serena, Dulciana, Mata Hari, Rebeca, Don Victor, NUN 1502 e o experimental NUN1205, semelhantes quanto a todas as características, principalmente massa média; o terceiro reuniu dois genótipos experimentais NUN 1504 e NUN 3010 e um comercial Cimarron apresentado comprimento e ciclo similares. Para seleção, os caracteres que mais contribuíram para a divergência entre os genótipos foram a massa média de bulbos e o ciclo.

Agradecimentos: Universidade Federal do Tocantins, CAPES, Grupo de Pesquisa NEOTrop.

Distribuição espacial do Amarelecimento Fatal em diferentes materiais genéticos de palma-de-óleo, na Amazônia Oriental

A palma-de-óleo (*Elaeis guineensis* Jacq.) é a cultura agrícola com o maior potencial de produção de óleo vegetal no Brasil. No entanto, uma doença de etiologia desconhecida popularmente conhecida por "Amarelecimento Fatal", tem causado prejuízos aos produtores rurais brasileiros, principalmente na região oriental da Amazônia. Este estudo teve por objetivo avaliar a dependência espacial da doença em três genótipos de palma-de-óleo, cultivados em sistema orgânico de produção na região amazônica. O experimento foi realizado no município de Acará, estado do Pará, numa área de 4104 hectares, dividida em 139 parcelas. Os cultivares utilizados foram Avros, Deli x Lamé, Deli x Lamé EMBRAPA. Em cada parcela realizou-se o monitoramento mensal da incidência da doença para formar um banco de dados. Procedeu-se a análise descritiva e geoestatística dos resultados tomando como média a parcela e ponto amostral o centro das parcelas. Os resultados indicaram distribuição espacial das variáveis ajustadas aos modelos gaussiano, esférico e exponencial. O material Deli x Lamé apresentou os maiores valores de alcance, seguido pelo Avros e por último o Deli x Lamé (Embrapa). No critério da dependência espacial, o material Avros demonstrou dependência predominantemente moderada, enquanto os demais materiais, forte. No material Deli x Lamé foi possível observar maior ocorrência de plantas doentes às proximidades do rio. Nos anos de maior ocorrência da doença, o material genético Deli x Lamé apresentou correlação negativa moderada entre as variáveis incidência e produtividade.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E IMPORTÂNCIA DE CARACTERES ENTRE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO

Danilo Araújo Gomes[1]; Igor Matheus Alves[1]; Camila Soares de Oliveira[1]; Gabriel Mascarenhas Maciel[1*]

[1]Universidade Federal de Uberlândia.

*daniloaraujo.agro@gmail.com

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, caracteres quantitativos, erosão genética

A distinção entre genótipos divergentes é uma das principais etapas de um programa de melhoramento genético pois possibilita a obtenção de populações segregantes garantindo a variabilidade genética e gerando informações úteis para preservação e uso de acessos de um banco de germoplasma. O uso dessas informações no programa de melhoramento de tomateiro é de grande valia, uma vez que o processo de domesticação e obtenção de novas cultivares limitou a variabilidade genética dessa espécie. O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética entre acessos de tomateiro pertencentes ao banco de germoplasma da Universidade Federal de Uberlândia, campus Monte Carmelo-MG. Foi realizada a caracterização de vinte genótipos de tomateiro. Foram mensurados ° Brix com o uso de refratômetro digital, diâmetro e comprimento de frutos com paquímetro digital (mm). O delineamento adotado foi em blocos casualizados, contendo duas repetições. Para a análise de divergência foi aplicado o método de variáveis canônicas. A importância relativa das variáveis foi realizada utilizando o método de Singh (1981), levando em consideração a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e variáveis canônicas. A análise das variáveis canônicas explicou 81,5% da variação entre os genótipos. Por esse método foram distintos cinco agrupamentos. Dentre eles o grupo 2 (G2) reuniu 40% dos genótipos, caracterizando genótipos muito similares de acordo com as características avaliadas. Os demais agrupamentos foram constituídos de três genótipos cada um. A variável °Brix foi a que mais contribuiu na distinção dos genótipos (46,3%). Em contrapartida a variável comprimento foi a que menos contribuiu (20,7%). Existe variabilidade genética entre os genótipos avaliados, o que torna promissor o programa de melhoramento genético de tomateiro. A avaliação de °Brix é relevante na distinção de genótipos de tomateiro.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e UFU

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EFICIÊNCIA DO BLUP MULTI-TRAIT NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Urochloaruziziensis*

Juliana Andrade Dias[1*], Lucas Rodrigues Rosado[1], Flávio Rodrigo Gandolfi Benites[2], Fausto Souza Sobrinho[2], Flávia Maria Avelar Gonçalves[1]

[1]Universidade Federal de Lavras; [2]EMBRAPA Gado de Leite.

*julianajadias@gmail.com

Palavras-chave: *Brachiaria ruziziensis*, ganho genético, multivariada.

Urochloa ruziziensis é uma importante fonte de variabilidade genética entre as espécies do gênero *Urochloa*, uma vez que é a única espécie totalmente sexual e diploide. Embora a produção de biomassa seja a principal característica de interesse nos programas de melhoramento da espécie, a avaliação de outros caracteres também é realizada, buscando identificar indivíduos com todas as qualidades ansiadas nos programas de melhoramento. As análises considerando multicaracteres podem melhorar as estimativas dos parâmetros, proporcionando assim, maiores ganhos para a característica desejada. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência de seleção do BLUP multivariado e univariado na seleção de genótipos de *U. ruziziensis*. O experimento foi conduzido no campo experimental da Embrapa Gado de Leite, em Coronel Pacheco-MG. Foram avaliadas 10 populações melhoradas de *U. ruziziensis* do programa de melhoramento da Embrapa, juntamente com as cultivares Marandu (*U. brizantha*) e Kennedy (*U. ruziziensis*) utilizadas como testemunhas. O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos casualisados com três repetições e parcelas de 24 m^2. Os caracteres de produção de biomassa verde total (t/ha), relação folha/colmo verde, relação folha/colmo seca, produção de folhas verdes (t/ha) e a produção de folhas secas foram mensurados em dez cortes de avaliação. Os dados foram analisados via abordagens univariada e multivariada por meio do procedimento REML/BLUP no software R através do pacote Asreml. Estimou-se o ganho esperado com a seleção dos três melhores genótipos (intensidade de seleção de 30%) e a acurácia seletiva considerando as diferentes abordagens de análises. O ganho genético para produção de biomassa verde na análise univariada foi de 0,76%, já para a análise multivariada, o ganho genético foi de 9,04%. A acurácia seletiva para produção de biomassa verde na análise univariada foi 0,24, e considerando a análise de multicaracteres foi 0,83. Esses resultados evidenciam uma vantagem em se utilizar a abordagem multivariada para seleção dos melhores genótipos para produção de biomassa verde, além de ser altamente eficiente na predição do valor genotípico dos indivíduos. A seleção genótipos superiores de *U. ruziziensis* foi mais eficiente na abordagem multivariada, uma vez que a precisão experimental foi superior e os ganhos genéticos foram mais expressivos.

Agradecimentos: Embrapa, CNPq, Capes

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Estimativa da HERDABILIDADE e SIMULAÇÃO DE ganho com seleção em acessos de milho crioulo

Marcelo Henrique dos Santos[1]; Giandrei Dudek[1]; Murilo Henrique Machado Chaves[1]; Robson Fernando Missio[1]*

[1]Universidade Federal do Paraná, Departamento deCiências Agronômicas, Setor Palotina.

*Marcelohsantos1997@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento; Herdabilidade; Germoplasma

O milho é uma das principais Commodities mundiais. A produtividade nas lavouras de milho está diretamente ligada a constituição genética das cultivares, tendo como uma das principais fontes de germoplasma as variedades crioulas resistentes a vários fatores bióticos e abióticos. Com o objetivo de avaliar o ganho genético e simular seleção em acessos de milho crioulo, cultivou-se 171 acessos emPalotina-PR provindos do banco de germoplasma da UFPR(Universidade Federal do Paraná) - Setor Palotina.Coletou-se os dados para todos os descritores morfológicos recomendados para a cultura, avaliando-se neste trabalho as características de altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira. O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados e para realização da caracterização morfológica e agronômica os acessos foram distribuídos a campo em 171 linhas únicas com 5metros de comprimento e divididos em 6 blocos. Foram estimados os principais parâmetros genéticose a predição de ganho de seleção pelo software SELEGENpara cada variável. A intensidade de seleção praticada para predição de ganho genético foi de 6,3%, 12,6%, 19,0%, 25,3% e 31,6%.Os valores de herdabilidade foram de 0,45; 0,06 e 0,14 e a predição de ganho genético expressou incremento de 7,95 a 6,24%; 2,11 a 1,62% e 6,62 a 10,35% para altura de plantas, peso de 1000 grãos e número de grãos por fileira, respectivamente, variando de acordo com a intensidade de seleção. Os acessos avaliados mostraram-se eficientes para programas de melhoramento por apresentarem variabilidade e de ganho genético expressivo melhorando consideravelmente a média da população original e contribuindo para o programa de melhoramento de milho crioulo.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Estimativas de parâmetros genéticos em acessos de batata-doce

Pablo Forlan Vargas[1]; Maria Eduarda Facioli Otoboni[2]; Darllan Junior Luiz Santos Ferreira de Oliveira[2]; Bruno Ettore Pavan2; Mateus Ferreira Kitagawa[2]

1Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Centro de Raízes e Amidos Tropicais (CERAT), Botucatu-SP, Brasil. 2Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP, Brasil.

*pablo.vargas@unesp.br

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; variabilidade genética; melhoramento genético.

Dentre os sete alimentos mais importantes mundialmente, está a batata-doce (*Ipomoea batatas* L.). Ela é uma hortaliça vista como capaz de assegurar a segurança alimentar da população, principalmente das mais pobres, pela quantidade e qualidade do alimento produzido. Mesmo demonstrando importância devido sua função social, a batata-doce carece de estudos principalmente tratando-se do desenvolvimento de novas cultivares que apresentem altas produtividades e adaptação para as mais diversas regiões do Brasil. Diante disto, objetivou-se avaliar os parâmetros genéticos de acessos de batata-doce de polpa alaranjada ricos em betacaroteno, precursor de pró-vitamina A. Avaliou-se 243 acessos, dentre eles, uma cultivar comercial de polpa alaranjada, cultivar Beauregard, além de 242 acessos provenientes de 15 distintas famílias oriundas do programa de melhoramento genético do International Potato Center e Instituto de Investigação Agropecuária de Moçambique. O estudo foi realizado no município de Vera Cruz-SP adotando-se delineamento experimental em blocos casualizados em duas repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: produção total de raiz (PTRz), produção comercial de raiz (PCRz), número de raízes total (NRT), número de raízes comerciais (NRC), massa fresca de raiz (MFRz), massa seca de raiz (MSRz), coloração da casca das raízes (CCRz), coloração de polpa (CPRz), danos nas raízes (DRz), formato (FRz) e tamanho das raízes (TRz). Os dados foram submetidos à análise de variância e estimados os parâmetros genéticos utilizando o programa computacional Genes. Houveram variabilidades genéticas significativas em PTRz, PCRz, MFRz e MSRz, sugerindo que há possibilidade de ganhos expressivos no processo de seleção dos acessos estudados, visto que quanto maior forem suas magnitudes, mais heterogêneos são os materiais avaliados, aumentando então, a possibilidade de seleção de genótipos superiores. O mesmo ocorreu para variâncias fenotípicas. O coeficiente de variação genético variou de 18,66 a 56,18% sendo inferiores a 20% apenas dois caracteres, e o restante, todos superiores a 20%. Observou-se herdabilidades de média a alta magnitude, variando de 39,17 a 91,90%, para MFRz e CPRz respectivamente, demonstrando que alguns caracteres avaliados são passados para a próxima geração. A razão CVg/CVe apresentou variação de 0,56 a 2,38, sendo DRz, FRz, TRz e CPRz superiores a 1, validando-os para serem utilizados em programas de melhoramento genético. As herdabilidades acima de 70% em quatro variáveis, aliadas à alto CVg e CVg/CVe para a maioria dos caracteres, fortalecem a hipótese de se obter sucesso em programas de melhoramento genético utilizando os acessos estudados.

Agradecimentos: Processo nº 2017/08032-0, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior – CAPES - pela concessão de bolsa de Mestrado ao segundo e terceiro autor.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

EXPRESSÃO DOS GENES B- GLUC, PvPR1 E PGL EM FEIJOEIRO INOCULADO POR *COLLETOTRICHUM LINDEMUTHIANUM*, RAÇA 65

Caroline Marcela da Silva[1*], Antônio Carlos Mota Porto[1], Fernanda Souza Lopes[1], Luciana Aparecida Miguel[1], Welison Andrade Pereira[1]

[1]Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

*caroline.silva3@estudante.ufla.br

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

A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum* (Sacc & Magn) Scribn, é uma doença de grande relevância econômica para o feijoeiro, podendo levar a perdas totais de produção quando cultivares suscetíveis são expostas a condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento do patógeno. Há grande variabilidade entre e dentro das raças do patógeno, que atuam coevoluindo junto ao hospedeiro, permitindo a seleção de diferentes combinações gênicas. A raça 65 do patógeno se destaca nesse sentido, além de apresentar ampla distribuição e alta patogenicidade. O estudo da interação patógeno-hospedeiro para antracnose tem mostrado o envolvimento de vários genes diferencialmente expressos, entretanto, pouco se conhece sobre os genes que atuam em resposta a raça 65. Com isso, o objetivo do estudo foi avaliar os níveis de expressão de três genes candidatos a resistência em feijoeiro, em resposta à infecção pela raça 65 de *C. lindemuthianum*. Para isso, foram semeadas, em bandeja de polietileno, sementes de BRS Esplendor (resistente) e BRS Valente (suscetível) e mantidas em casa de vegetação (24°C/ 95% UR). A inoculação foi realizada após a abertura do primeiro trifólio, via suspensão de esporos (1,2 x 10^6 conídios ml^{-1}), com o isolado 238 da raça 65 de *C. lindemuthianum*. Como controle, foram utilizadas ambas as cultivares, sem inoculação. Amostras foliares de todos os tratamentos foram coletadas 72 horas após a inoculação e armazenadas em ultrafreezer a -80°C. Após a avaliação dos sintomas via escala de notas de 1 a 9, procedeu-se a extração de RNA, com o Concert™ Plant RNA Reagent (Invitrogen) e tratamento com DNAse, utilizando Turbo DNA-free kit (Ambion). A quantidade e pureza do RNA foi analisada por espectrofotômetro (NanoVuePlus™) e sua integridade verificada por meio de eletroforese em gel de agarose a 1,0%. Em seguida, bibliotecas de cDNA foram obtidas com Super ScriptTM IV Reverse Transcriptase kit (Invitrogen), utilizando oligod$(T)_{20}$ como primer, seguindo as recomendações do fabricante. Primers para os genes codificadores das proteínas *B-GLUC* (Phvul.009G256400), *PvPR1* (Phavul.003G109100) e *PGL* (Phvul.002G292300) foram analisados quanto sua eficiência e utilizados para os ensaios de análise de expressão, via Rt-qPCR. O gene de *actin-11* (Phvul.008G011000) foi utilizado para normatização dos dados. No que se refere a avaliação fenotípica, a linhagem BRS Esplendor mostrou-se completamente resistente e a BRS Valente mostrou-se suscetível à interação com o isolado utilizado. Nos estudos de expressão, o gene *PGL* foi regulado positivamente na linhagem resistente indicando sua participação na via de resposta da planta contra o patógeno. Já os genes *B- GLUC* e *PvPR*1 tiveram maiores níveis de expressão na linhagem suscetível inoculada, o que pode ser resultante de um reconhecimento tardio do patógeno em plantas suscetíveis, quando comparadas com as resistentes. Estudos subsequentes poderão confirmar hipóteses sobre as vias de estabelecimento da resistência à antracnose.

Agradecimentos: CAPES, FAPEMIG e CNPq.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

GERAÇÃO E DETECÇÃO DE CLONES DE BATATA RESISTENTES AO VÍRUS DO ENROLAMENTO DA FOLHA DA BATATA (PLRV) POR MEIO DE MARCADOR MOLECULAR

Silvia Regina Rodrigues de Paula Ribeiro[1*]; Rafaela Pereira Carvalho[1]; Luana de Cássia Simões[1]; Abel Jamir Ribeiro Bastos[1]; César Augusto Brasil Pereira Pinto[1]

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

* silviagammon2@yahoo.com

Palavras-chave: Resistência genética, Viroses em batateira, *Potato leafroll virus*.

O baixo potencial produtivo da batata (*Solanum tuberosum L.*) no Brasil se deve ao clima tropical, uma vez que a cultura produz melhor em clima com temperatura mais amena. O clima brasileiro contribui para a disseminação de doenças, principalmente as de natureza virótica. Há três vírus economicamente importantes para a cultura, sendo eles: *Potato leafroll virus* (PLRV), *Potato virus* Y (PVY) e *Potato virus* X (PVX). Programas de melhoramento buscam resistência genética para esses vírus através de técnicas moleculares, a fim de beneficiar a cadeia produtiva nacional. Este trabalho foi realizado com o objetivo de gerar clones e detectar a presença do alelo Rl_{adg}, que confere resistência ao PLRV, por meio de marcador molecular. Foram realizados cruzamentos na forma de um dialelo parcial entre materiais denominados OGC (portadores do alelo Rl_{adg}) e MLG do Programa de Melhoramento Genético da Batata da UFLA, obtendo-se no total, doze famílias, designadas RPC. Foi conduzido um ensaio de campo com a primeira geração clonal. O delineamento experimental foi o de blocos aumentados, com parcelas de um metro contendo três plantas. Como tratamentos comuns foram utilizadas as cultivares Ágata, Asterix, Taurus e Cupido. Os clones passaram por seleção massal para aparência de tubérculos, avaliados os caracteres agronômicos e então submetidos a extração do DNA total para a detecçao do alelo Rl_{adg}. Para isso, foi utilizado o par de primers SCAR, designado por RGASC850, que amplifica um fragmento de 850pb, característico do referido alelo, que confere um grau satisfatório de resistência ao PLRV. Os dados foram submetidos à análise de variância individual e realizado agrupamento de médias por Scott & Knott (5% de probabilidade). Do total de 328 clones avaliados, foi possível detectar a presença do alelo Rl_{adg} por meio da análise molecular em quatro deles RPC 01-06, RPC 03-18, RPC 08-21 e RPC 09-05, que foram portadores do alelo Rl_{adg}

Agradecimentos: UFLA, CNPq e CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

HERANÇA DO PORTE EM ABÓBORA (*CUCURBITA MOSCHATA* DUCH.)

Cleverson Freitas de Almeida[1]; Ronaldo Silva Gomes1; Ronaldo Machado Junior[1]; Rebeca Lourenço de Oliveira[1], Derly José Henriques da Silva[3*]

[1]Universidade Federal de Viçosa.

*cleverson_freitas02@yahoo.com.br.

Palavras-chave: *C. moschata*; Porte; estudos de herança

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) possui grande potencial para utilização de suas sementes como fonte de óleo, com excelente qualidade nutricional. Uma grande dificuldade em aumentar a produtividade de óleo em abóbora é o seu hábito de crescimento, que em geral é indeterminado com caules rastejantes que atingem grandes distâncias, a partir da coroa central o que impede maiores adensamentos de plantio, proporcionando reduzida quantidade de plantas por área. No entanto, alguns genótipos apresentam hábito reduzido, os quais possuem entrenós mais curtos, que possibilitaria aumento da densidade de plantio e, consequentemente, maior produtividade de sementes e óleo por área. Dessa forma, a transferência de alelos que confere essa redução do entrenó para genótipos com alto teor de óleo possibilitaria maior produtividade de semente por área, consequentemente de óleo. Para aumentar a eficiência desse processo é necessário o entendimento da herança desse hábito, assim como dos descritores relacionados. Diante disso o objetivo deste trabalho foi estudar a herança do porte em Abóbora, utilizando a função de verossimilhança para modelar e estimar parâmetros relativos aos efeitos de gene maior e poligenes. Os experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão - "UEPE Horta Velha". Como genitores foram utilizados o acesso BGH 7319 considerado acesso promissor para produção de óleo funcional e o cultivar Tronco verde que possui o gene que confere redução do comprimento do entrenó em homozigose. As plantas F_1, originadas do cruzamento, foram autofecundadas para obtenção da geração F_2 e retrocruzadas posteriormente com os progenitores para obtenção das gerações RC_1 e RC_2. Os descritores avaliados foram o comprimento do entrenó antes e após o florescimento. Os testes foram realizados no programa estatístico Monogen v 0.1. Na determinação dos modelos genéticos por meio da função de verossimilhança, a significância dos efeitos que comparam os modelos evidencia que a herança do comprimento do entrenó antes da primeira flor feminina é controlado por gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância mais poligenes com efeitos aditivos e de dominância e efeito ambiental. O comprimento do entrenó após a primeira flor feminina é controlado por poligenes de efeito aditivo mais efeitos ambientais.

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

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

IDENTIFICAÇÃO DE HIBRIDAÇÃO EM CRUZAMENTOS CONTROLADOS ENTRE *PASPALUM REGNELLII* E OUTRAS ESPÉCIES DO GÊNERO *PASPALUM*

Isabela dos Santos Begnami[1]; Natalia Daniel[2]; Wilson Malagó Junior[3]; Alessandra Pereira Fávero[3]; Frederico de Pina Matta[3]; Bianca Baccili Zanotto Vigna[3]

[1]Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, SP, Brasil. [2]Centro Universitário Central Paulista, São Carlos, SP. [3]Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

isabegnami@gmail.com

Palavras-chave: forrageira; hibridação; microssatélite

Paspalum é um gênero americano da família Poaceae com alta diversidade genética. No Brasil existem cerca de 214 espécies encontradas em variadas condições ecológicas, com algumas apresentando potencial forrageiro. A apomixia é o modo de reprodução mais comum no gênero e, através do cruzamento de plantas apomíticas com sexuais, é possível gerar híbridos com variabilidade que permitem a seleção de progênies de elite com fixação imediata de caracteres de interesse. Como *Paspalum regnellii* é uma espécie sexual, tetraplóide e possui bom valor forrageiro, foi escolhida como genitor feminino de cruzamentos do Programa de Melhoramento Genético de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste. Além disso, esta espécie é autocompatível, então caracterizações moleculares com marcadores, como os microssatélites (SSR), são necessárias para confirmar a hibridação nas progênies. Este estudo visou identificar hibridações intra e interespecíficas entre *P. regnellii* e espécies do gênero *Paspalum* (*P. atratum*, *P. guenoarum, P. lenticulare, P. malacophyllum*, *P. regnellii*,), com diferentes genótipos de cada espécie. Os cruzamentos controlados foram realizados em casa de vegetação na Embrapa Pecuária Sudeste, no período de Janeiro a Março de 2018. Foram utilizados os marcadores moleculares SSR (PpUnicamp06, PpUnicamp15, PpUnicamp21, PR15) e os inter-microssatélites (ISSR) (ATG)5-GA e (GA)8-C, selecionados de estudos anteriores, para analisar as 110 progênies resultantes de 16 cruzamentos diferentes. A extração de DNA das famílias foi realizada de acordo com o protocolo CTAB, em seguida as amostras foram quantificadas com espectrofotômetro Nanodrop, então foi feita PCR e eletroforese de acordo com a literatura. As famílias foram genotipadas em gel de agarose 2%, no caso dos ISSR, e em gel de poliacrilamida 6%, no caso dos SSR. As bandas provenientes exclusivamente do genitor paterno foram utilizadas para identificar a ocorrência de hibridação nas progênies. Foram identificados como híbridos: cinco plantas do cruzamento de *P. regnellii* BGP 215 x *P. regnellii* BGP 341 identificadas pelos marcadores PpUnicamp15, PpUnicamp21, PR15 e ISSR (GA)8-C, e uma planta do cruzamento de *P. regnellii* BGP 215 x *P. atratum* BGP 98, identificada pelo marcador PpUnicamp15. A taxa de hibridação observada está de acordo com o esperado segundo dados da literatura para cruzamentos em *Paspalum*. Este trabalho se encontra em andamento e pretende avaliar mais marcadores moleculares visando a confirmação de hibridação nos cruzamentos realizados. Os híbridos identificados até o momento representam materiais inéditos e serão avaliados dentro do programa de melhoramento de *Paspalum*.

Agradecimentos: à Embrapa e à Unipasto pelo financiamento.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INDUÇÃO DE ENRAIZAMENTO *IN VITRO* DE ABACAXIZEIRO CULTIVAR 'PÉROLA'

Matheus da Costa Moura1; Mariana Melo Bitencourt2; Maria Eugênia Silva Guedes3; Camila de Marillac Costa Nunes4

[1]Centro Universitário de Goiás Uni-ANHANGUERA.

*mat_moura@outlook.com

Palavras-chave: Cultura de tecidos; Reguladores de crescimento; Micropropagação.

O abacaxizeiro (*Ananas comosus*) é uma planta originária da América do Sul que, devido às suas características morfofisiológicas, possui boa adaptabilidade em todas as regiões do Brasil. Comercialmente o abacaxizeiro é propagado de forma vegetativa através de mudas. Entretanto, a utilização dessas mudas é limitada pelo ataque de *Fusarium subglutinans* f. sp *ananas*, desencadeando desuniformidade na floração e mal desenvolvimento dos frutos. Uma alternativa para a obtenção de mudas livres de patógenos e com uniformidade fenotípica é através da micropropagação. Nesta técnica, a utilização de reguladores de crescimento torna-se imprescindível para promover o crescimento e desenvolvimento de algumas espécies. Neste contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento *in vitro* de plântulas de abacaxizeiro da cultivar 'Pérola', que apresentavam, aproximadamente, 5 cm, previamente cultivadas em meio de cultura MS, acrescido de diferentes dosagens de ácido naftaleno acético (ANA). O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com seis tratamentos (0,0; 0,5; 1,0; 1,5; 2,0 e 2,5 mg/L) e cinco repetições cada. Aos 30 dias de cultivo *in vitro* realizou-se a contagem do número de raízes. Os dados foram submetidos à análise de regressão, na qual foi possível verificar que a adição de ANA em doses de 1,5 g/L até 2,5 g/L no meio de cultura, induz a formação de um maior número de raízes em plântulas de abacaxizeiro da cultivar 'Pérola' cultivadas *in vitro*.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

INTERAÇÃO NA INOCULAÇÃO COM *Bacillus* spp. E GERAÇÕES DE SEMENTES DE *Pinus taeda* L.

Yanka Rocha Kondo[1*]; Natalia Maria Martinazzo Angelo[2]; Rafael Fernandes dos Santos[2]; Leonardo Veselosk Ely[2]; Sonia Purin da Cruz[3]; Ana Carolina da Costa Lara Fioreze[3*]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. Bolsista do Programa de Educação Tutorial – PET. [2]Universidade Federal de Santa Catarina. [3]Universidade Federal de Santa Catarina.

*yanka.kondo82@gmail.com

Palavras-chave: RPCP; altura; mudas.

As indústrias florestais brasileiras geram um PIB de R$ 69 bilhões, equivalente a 6% do total do país. Especificamente nos estados do Sul, a espécie mais plantada é o *Pinus taeda*, utilizado em larga escala na indústria moveleira, de celulose, construções, laminação e serraria. O êxito do plantio começa com a qualidade morfológica e fisiológica das mudas. Para tanto, o uso de sementes com genética superior é realizado com o intuito de obter uniformidade tanto na fase de viveiro como de plantio. Aliado ao uso de genótipos superiores, oriundos dos programas de melhoramento, a utilização de Rizobactérias Promotoras de Crescimento das Plantas (RPCP) apresenta-se como uma ferramenta viável influenciando o crescimento de diversas culturas, onde o gênero *Bacillus* destaca-se. Portanto, o objetivo do trabalho foi avaliar a interação de rizobactérias do gênero *Bacillus* e sementes oriundas de pomares de 1,5 e 2ª gerações de *Pinus taeda*. O experimento foi conduzido no Viveiro Primon, em Curitibanos-SC, no ano de 2018. A inoculação com *Bacillus subtilis* e *Bacillus amyloliquefaciens* ocorreu após o terceiro mês de emergência das mudas, aplicando-se 135.000.000 UFC por tubete, onde os inoculantes foram doados pela empresa Total Biotecnologia. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado em esquema fatorial 2x3, sendo duas gerações de sementes combinadas a inoculação com *B. subtilis*, *B. amyloliquefaciens* e a testemunha (sem inoculação), com vinte e cinco repetições. Dados referentes ao diâmetro e altura das mudas foram coletados mensalmente durante três meses. Posteriormente à última coleta de dados, as mudas foram avaliadas quanto à massa fresca e seca da parte aérea e da raiz e o volume radicular. Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($p<0,05$) e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p<0,05$). Houve interação significativa para a altura das plântulas ao longo dos três meses, onde a bactéria *B. subtilis* e a testemunha promoveram maior crescimento para as sementes de 2ª geração. Os valores de diâmetro não diferiram entre os tratamentos testados ao longo do período desse estudo, porém o fator geração das sementes apresentou efeito significativo no primeiro e segundo mês de medição, sendo que a 2ª geração apresentou maior valor. A interação foi significativa para a massa seca de raiz, onde a inoculação com *B. amyloliquefaciens* e *B. subtilis* obteve maior massa para a geração 1,5. A inoculação de *P. taeda* com *B. subtilis* e *B. amyloliquefaciens* apresenta potencial de uso para as sementes geneticamente melhoradas. A presença de comportamento diferencial das mudas de diferentes gerações em relação às espécies de *Bacillus* sugere a importância da avaliação individual de cada combinação. Tais estudos trarão conhecimentos importantes para confirmar os benefícios da inoculação de *Bacillus* em *Pinus* como prática silvicultural direcionada a viveiristas.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC); ao Viveiro Primon e à empresa Total Biotecnologia.

CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MÉRITO RELATIVO DE PROGÊNIES S_3 DE MILHO COM APTIDÃO FORRAGEIRA EM *TOPCROSSES*

João Pedro Rodrigues de Almeida[1]; Cristhofer Lechackoski[2]; Diego de Paula[3]; Sidrônio Lima da Silva Neto[4]; Marcos Guilherme Ruthes[5]; Elida Auxiliadora Peralta Paiva[6]; Vitor Seiti Sagae[7]; Marcos Ventura Faria[8]*

[1]Universidade Estadual do Centro-Oeste. [2]Universidade Estadual do Centro-Oeste.[3] Universidade Estadual do Centro-Oeste[4]. Universidade Estadual do Centro-Oeste[5]. Universidade Estadual do Centro-Oeste[6]. Universidade Estadual do Centro-Oeste[7]. Universidade Estadual do Centro-Oeste [8].

joaoalmeidarodrigues@hotmail.com

Palavras-chave: *Zea mays*; melhoramento genético; digestibilidade.

A avaliação do potencial de linhagens é uma etapa importante no processo de desenvolvimento de híbridos competitivos. Os cruzamentos topcrosses permitem a obtenção de informações sobre o valor genético das linhagens, possibilitando a eliminação das inferiores ainda nas gerações iniciais de endogamia. Objetivou-se avaliar o desempenho forrageiro de híbridos *topcrosses* quanto à produtividade e qualidade bromatológica da forragem. Vinte e oito progênies S_3 foram cruzadas com três testadores, sendo LEM 2 (T1), LEM 3 (T2) e AG8025 PRO2 (T3) e os híbridos obtidos formaram o *topcross* 1 (TC1), *topcross* 2 (TC2) e topcross 3 (TC3), respectivamente. Os *topcrosses* foram avaliados na safra 2017/18, em Guarapuava-PR. As parcelas foram constituídas por uma linha de 5 m, com espaçamento de 0.5 m entre linhas e população de 72.000 plantas ha^{-1}. Os caracteres avaliados foram: produtividade da massa seca da forragem (PMS), teor de fibra em detergente neutro (FDN), teor de fibra em detergente ácido (FDA), e digestibilidade *in situ* (DIG). Foram estimados os componentes de variância e a herdabilidade no sentido amplo (h^2). Foi realizada análise dialélica parcial (progênies vs. testadores) e foram obtidas estimativas da capacidade geral e específica de combinação (CGC e CEC). Não houve diferença significativa entre os topcrosses para FDN. Para FDA foi verificada diferença significativa entre os genótipos no TC1 e TC3. Para DIG houve diferença significativa no TC1 e TC2. Para PMS houve diferença significativa para os três *topcrosses*. Para FDA o TC1 e o TC3 apresentaram valores próximos da σ^2_G e da h^2. Para DIG o TC1 apresentou o maiores estimativas da σ^2_G e da h2. Já para a PMS os três testadores apresentaram valores próximos da σ^2_G e da h^2. A análise dialélica mostrou diferença significativa dos topcross para as variáveis FDN, FDA, DIG e PMS. Houve efeito significativo da CGC e CEC para todas as características. Para a FDN se destacam os híbridos *topcrosses* TC1-85.1 e TC3-193.1 com estimativas negativas da CEC e as respectivas progênies com CGC negativas. Para a FDA os *topcrosses* TC1-126.2, TC1-235.1, TC2-54.1, TC2-138.1, TC3-54.1, TC3-81.2 e TC3-185.1 tiveram estimativas desejáveis da CEC. Para a DIG as progênies 81.2, 102.1, 184.2, 185.1 e 227.4 apresentaram estimativas positivas altas da CGC e da CEC nos cruzamentos com pelo menos um dos testadores. Para a PMS os *topcrosses* TC1-251.1, TC1-126.2; TC1-106.2; TC2-91.1, TC3-2.1 e TC3-81.2, apresentaram estimativas positivas altas da CEC e as respectivas progênies tiveram estimativas favoráveis da CGC. Os resultados favoráveis dos híbridos topcrosses mencionados são confirmados com médias fenotípicas desejaveis, cujas respectivas progênies devem seguir no processo de endogamia.

Agradecimentos: CNPq e Fundação Araucária pelo apoio financeiro e bolsas de Iniciação Científica e CAPES pela bolsa PET- Agronomia.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

MICROSPOROGÊNESE ASSOCIADA A PRODUÇÃO DE SEMENTES EM HÍBRIDOS SEXUAIS DE *Urochloa*

Celina de Medeiros Ragalzi[1]; Rosangela Maria Simeão[2]; Cacilda Borges do Valle[2]; Jaqueline Rosimeire Verzignassi[2]; Andréa Beatriz Divério Mendes[3]; Maria de Fátima Pires da Silva Machado[3].

[1]Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá. [2]Embrapa Gado de Corte. [3]Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular, Universidade Estadual de Maringá.

*celina_ragalzi@hotmail.com.

Palavras-chave: Anormalidades cromossômicas; gramíneas forrageiras; sementes.

Nas hibridações realizadas no programa de melhoramento genético, inúmeros híbridos têm produzido poucas sementes férteis, fator que compromete severamente sua adoção como nova cultivar. Também devido a poliploidia, observa-se durante a meiose associações cromossômicas múltiplas e um comportamento irregular dos cromossomos. Essas anormalidades podem resultar em gametas com números de cromossomos desbalanceados. Estudos citogenéticos prévios realizados em híbridos de *Urochloa* revelaram anormalidades meióticas em quantidades variáveis e em diferentes fases, bem como no desenvolvimento do grão de pólen capazes de comprometer a sua fertilidade e, consequentemente, a produção de sementes. O objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento meiótico de oito híbridos sexuais de *Urochloa*, pertencentes ao programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte, e correlacionar estes dados com a produção final de sementes puras. Os microsporócitos foram preparados pela técnica de esmagamento e corados com carmim propiônico (1%). O comportamento cromossômico foi analisado em metáfase I até a tétrade de micrósporos. Os dados das variáveis citológicas e de produção de sementes foram analisados usando o método de Componentes Principais (PCA), a fim de detectar uma organização estrutural dos genótipos. As representações gráficas foram feitas utilizando os pacotes "FactoMineR", "factoextra" e "vegan" (R Development Core Team). As correlações de Pearson entre todas as características foram representadas graficamente pelo software Past e $p<0,05$. A correlação entre anormalidade meiótica e produção de sementes puras foi negativa (-0,54). Há uma tendência de que os híbridos com anormalidades meióticas além das segregacionais e tétrades com três e quatro micrósporos com micronúcleos apresentem menor porcentagem de produção de sementes puras. Assim, os híbridos R33, B1 e 460-9 apresentaram as maiores porcentagens de anormalidades meióticas e uma baixa produção de sementes. Os híbridos 676-10 e B13 se mostraram bons produtores de sementes e apresentaram um comportamento meiótico menos instável em relação aos demais híbridos. O resultado do PCA revelou que os híbridos divergem quanto aos caracteres analisados. Há uma tendência de que o agrupamento formado pelos híbridos R33 e B1 seja explicado pela ocorrência de comportamento meiótico instável, tétrades com micrócito e com micronúcleos nos quatro micrósporos. Os genótipos 1386-10 e B13 se agruparam por apresentarem tétrades com micronúcleos em dois e três micrósporos. Os híbridos 676-10 e 98-9 se diferenciam dos demais por apresentarem apenas anormalidades segregacionais e pela maior produção de sementes. O híbrido 1121-9 se diferencia por formar políades e apresentar alta proporção de produto final anômalo e consequentemente baixa produção de sementes. Estes dados reforçam o fato de que irregularidades durante a meiose culminam na formação de micrósporos desbalanceados. Como resultado, os grãos de pólen formados podem apresentar alta taxa de inviabilidade, acarretando uma baixa produção de sementes.

Agradecimentos: Embrapa Gado de Corte, Unipasto, Capes.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

NÚMERO DE CROMOSSOMOS E COMPORTAMENTO MEIÓTICO EM PLANTAS DO GÊNERO *Paspalum*

Natália da Silva Volpato1; Andréa Beatriz Diverio Mendes2*

1 Graduação em Agronomia - Departamento de Agronomia – Universidade Estadual de Maringá – Maringá - PR. 2 Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR

*adbmendes74@gmail.com

Palavras-chave: microsporogênese; poliploidia.

A produção animal nos trópicos é amplamente dependente de pastagens. O gênero *Paspalum* destaca-se pelo grande número de espécies de bom potencial forrageiro. Este gênero pertence à tribo Paniceae, subfamília Panicoideae e família Poaceae. As espécies do gênero são quase na sua totalidade de origem americana, em especial do Brasil, Paraguai, Uruguai e norte da Argentina, possuindo cerca de 300 a 400 espécies. A poliploidia é predominante neste gênero e os estudos citogenéticos indicam que a origem desta tenha sido a partir da autopoliploidia e da alopoliploidia. Há uma grande variação no número de cromossomos dentro do gênero, já foram identificados acessos com 2n até 16n, com a predominância de acessos 4n. Citótipos com 2n = 20 cromossomos são sexuais e alógamos por autoincompatibilidade e os poliploides são apomíticos e autocompatíveis. Os diploides têm meiose normal, resultando em gametas viáveis. Por outro lado, em plantas poliploides, a ocorrência de associações cromossômicas anormais na prófase I leva a formação de gametas aneuploides. Levando em consideração o exposto acima, o objetivo do presente estudo foi analisar o comportamento meiótico de duas plantas (planta 11 e planta 23) de *Paspalum*. Para as análises citológicas, foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. Foram avaliadas as fases de metáfase I até a tétrade de micrósporos e o número de cromossomos foi determinado nas diacineses. A contagem do número de cromossomos revelou que as duas plantas eram tetraploides com 2n = 4x = 40 cromossomos. Foram encontradas anormalidades meióticas nas fases de metáfase I e anáfase I das duas plantas e na fase de metáfase II da planta 11. A frequência de cromossomos em ascensão precoce nas metáfases I foi baixa, variando de 1,56% na planta 23 a 7,21% na planta 11. Esta planta, além desta anormalidade, também apresentou 27,31% de cromossomos bivalentes não orientados na placa equatorial. A porcentagem de cromossomos retardatários, encontrados nas anáfases I, variou de 10,41% a 34,72%. A consequência da presença dessas anormalidades é a formação de micronúcleos nas telófases I e II e nas tétrades de micrósporos. Como estes micronúcleos não foram encontrados, sugere-se estes cromossomos, em ascensão precoce ou retardatária, tenham sido incluídos no núcleo principal. Portanto, apesar das plantas serem poliploides e a poliploidia acarretar em anormalidades meióticas que inviabilizam o grão de pólen, a meiose destas plantas pode ser considerada normal devido a baixa frequência de anormalidades observadas.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

POTENCIAL BIOCIDA DE EXTRATOS DE DIFERENTES ACESSOS DE JATROPHA CURCAS L. SOBRE *HEMILEIA VASTATRIX* E *CERCOSPORA COFFEICOLA*

Dandara Rêgo Muniz[1*]; Iasmine Ramos Zaidan[2]; Luiz Antônio dos Santos Dias[1]; João Paulo Viana Leite[1]

[1]Universidade Federal de Viçosa. [2]Universidade Federal do Espírito Santo.

*dandarabing@hotmail.com

Palavras-chave: *Jatropha curcas*; Compostos bioativos; Ferrugem; Cercosporiose; Cafeeiro.

O controle de doenças em plantas é feito, atualmente, com o uso intensivo e frequentemente indiscriminado de agrotóxicos. Esta estratégia acarreta a seleção de populações resistentes de patógenos, tornando o controle cada vez mais difícil, menos eficiente e mais oneroso. Estudos têm revelado o potencial de extratos de plantas no controle alternativo de doenças. *Jatropha curcas* L. (Euphorbiaceae), espécie arbustiva, conhecida pelo seu grande potencial na produção de biocombustíveis (biodiesel e bioquerosene) a partir do óleo das sementes, é destaque também na produção de diversas substâncias bioativas, utilizáveis na mitigação do uso de agrotóxicos. Doenças fúngicas são fatores limitantes para a produção agronômica. Em Minas Gerais, grandes perdas na produtividade e na qualidade do café são causadas por fitopatógenos. Dessa forma, o presente estudo avaliou a atividade fungicida de extratos foliares e caulinares de 12 acessos de *J. curcas*, pré-selecionados em teste de progênies, sobre os fungos *Hemileia vastatrix* e *Cercospora coffeicola*, causadores de duas das mais importantes doenças do cafeeiro: ferrugem e cercosporiose, respectivamente. Amostras de folhas e caules de *J. curcas* foram submetidas a secagem e moagem e seus extratos clorofórmicos e etanólicos preparados com auxílio do aparato Soxhlet. As atividades fungicidas e bactericidas dos 12 extratos de folhas (EF) e caules (EC) foram avaliadas *in vitro*, a partir da inibição da germinação de esporos de *H. vastatrix* e da redução do crescimento micelial de *C. coffeicola*. Todos os extratos foram capazes de inibir, em 100%, a germinação dos esporos de *H. vastatrix*. Todos os extratos reduziram significativamente o crescimento micelial de *C. coffeicola*, sendo as reduções mais expressivas de 16, 17, 12 e 20%, dos extratos EC04, EF04-clorofórmico e EC08, EF08-etanólico, respectivamente. Alterações morfológicas também foram observadas nos micélios, indicando a possível variação na produção de melanina, metabólito secundário de importância no desenvolvimento fúngico. Esses resultados demonstraram a importância dos estudos das propriedades fungicidas dos extratos de *J. curcas*, bem como, da caracterização e identificação de seus componentes bioativos.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Pré-seleção de cultivares de pimentão em simulação de estresse salino

Marina Freitas e Silva[1*]; Igor Forigo Beloti[1]; Itano Luiz de Melo[2]; Rafael Resende Finzi[1]

[1]Universidade Federal de Uberlândia – UFU. [2]Fundação Carmelita Mário Palmério – FUCAMP.

*marinafreitas.agro@hotmail.com

Palavras-chave: *Capsicum annum*; salinidade; análise multivariada

A fertirrigação é uma técnica bastante utilizada no cultivo do pimentão (*Capsicum annuum* L.). No entanto, devido ao uso freqüente da fertirrigação em um mesmo espaço têm-se a salinização do solo. Cultivares de pimentão quando cultivadas em condições de alta salinidade apresentam limitações em seu desenvolvimento, por isso a avaliação de cultivares por meio de experimentos laboratoriais que simulem condições de estresse salino é essencial para determinar seu potencial comercial. Visto isso, o objetivo deste trabalho foi realizar uma pré-seleção por métodos univariados e multivariados das cultivares que toleram melhor a condição de estresse salino. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições. Foram avaliadas cinco cultivares comerciais de pimentão (Yolo Wonder, Pimentão Amarelo SF134, Pimentão Marta, Pimentão All Big Vermelho e Pimentão Cascadura) em solução de NaCl com potencial osmótico de -0,3 MPa. As avaliações realizadas foram porcentagem de germinação (PG), índice de velocidade de germinação (IVG), massa fresca de plântula (MF) e comprimento de plântula (parte aérea e raiz; CP). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, sendo realizado o método de agrupamento de médias Scott-Knott a 0,05 de significância. As análises multivariadas foram obtidas utilizando-se a distância euclidiana média, empregando-se diferentes métodos de agrupamento (UPGMA e Tocher). Utilizou-se o programa Genes para as análises dos dados. Verificou-se que os métodos UPGMA e Tocher agruparam as cultivares de pimentão de forma semelhante, no qual discriminou as cultivares em de dois grupos. As cultivares YoloWonder, Pimentão Amarelo SF134, Pimentão Marta, Pimentão All Big Vermelho foram alocadas em um grupo, enquanto a cultivar Pimentão Cascadura em outro grupo distinto. Além disso, a cultivar Pimentão Cascadura apresentou maior PG, MF e CP no teste de médias, sendo assim mais tolerante a salinidade quando comparada as outras cultivares. Para IVG, a cultivar Pimentão Cascadura não demostrou o mesmo desempenho, sendo a cultivar Marta a com maior IVG.

Agradecimentos: Esta pesquisa contou com o apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

PRODUÇÃO DE MINIESTACAS DE *Eucalyptus benthamii* EM FUNÇÃO DE SUPLEMENTAÇÃO DE LUZ ARTIFICIAL EM MINIJARDIM CLONAL

Letícia Miranda[1]; Regiane Abjaud Estopa[1]; Erasmo Luís Tonett[1]; Milena do Amaral[2]; Marcio Carlos Navroski[2]; Natália Saudade de Aguiar[3]; Enéas Ricardo Konzen[4]; Mariane de Oliveira Pereira[2]

[1] Klabin S.A. [2] Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). [3] Universidade Federal do Paraná (UFPR). [4] Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).

*lemiranda@klabin.com.br

Palavras-chave: propagação vegetativa; produção de mudas; diodo emissor de luz.

A luz trata-se de um fator indispensável para o crescimento e desenvolvimentos das plantas, sendo responsável pelo fornecimento de energia que permite a fotossíntese. A região do Planalto Sul Catarinense possui períodos, principalmente no inverno, com baixa incidência de radiação solar, o que causa uma redução na emissão de brotações das minicepas de *Eucalyptus* em minijardins clonais. Desta forma objetivou-se com o trabalho verificar a produção de miniestacas de um clone de *Eucalyptus benthamii* suplementadas com diferentes luzes LED em minijardim clonal. O experimento foi instalado no Viveiro de Pesquisa da Klabin S.A., localizado em Otacílio Costa (SC). As minicepas do clone testado foram dispostas em fileiras no estufim, com espaçamento de 15 x 15 cm entre elas, com seis minicepas por linha, sendo que cada tratamento era composto por oito fileiras. No estufim foram instaladas lâmpadas LED nas cores branca (600 nm), vermelha/rosa (660:730 nm) e vermelho/azul (660:450 nm). Também foi adicionado um tratamento controle, totalizando 4 tratamentos. As minicepas receberam diariamente quatorze horas de iluminação artificial (6:00 até 22:00 horas). Foram realizadas avaliações mensais, de maio a dezembro de 2017 consistindo na produção de miniestacas por minicepa. A análise estatística dos dados foi realizada no software R, sendo realizado teste de Scott-Knott quando a variáveis apresentaram significância ($p < 0,05$). Quanto ao efeito das luzes LED na produção de miniestacas, todos os tratamentos apresentaram diferenças significativas entre os tratamentos. A luz vermelha/rosa apresentou maior média, apresentando até 64% mais miniestacas na coleta aos 60 dias, seguida pelo tratamento controle, enquanto as luzes vermelho/azul e branca tiveram as menores médias, inferiores ao tratamento controle. A literatura vai de encontro aos resultados obtidos relatando que a radiação vermelha é importante para o alongamento da parte aérea. Entretanto, apesar do crescimento vegetativo ter sido favorecido pela luz vermelha/rosa, observou-se que houve o estiolamento, podendo ser considerado como um efeito negativo desta suplementação luminosa. Entre as diferentes coletas, observou-se que a última (realizada aos 210 dias) apresentou maior média, diferindo das demais, fator que pode ser atribuído pelo aumento da temperatura e luminosidade natural do período (dezembro) e pela decorrente aclimatação das minicepas à suplementação luminosa. De forma geral, a suplementação com luz LED vermelha/rosa favoreceu o crescimento vegetativo e consequentemente, maximizou a produção de miniestacas de *Eucalyptus benthamii*. Entretanto, em alguns casos a luz vermelha/rosa provocou o estiolamento das brotações, necessitando de maiores estudos para que possa haver a recomendação. Podem ser testadas diferentes proporções de luz vermelha e azul ou a utilização das luzes somente em épocas determinadas do ano, como no inverno, período crítico para produção de miniestacas.

Agradecimentos: Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) e a empresa Klabin S.A pelo desenvolvimento do projeto.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

QUALIDADE TECNOLÓGICA E ESCURECIMENTO DE FEIJÕES CARIOCAS DURANTE O ARMAZENAMENTO

Luriam Brandão[1*]; Alison Fernando[1]; Vânia Kajiwara[1]; Cintia Sorane[1]; Jessica Delfini[2]; Vania Moda Cirino[1]; Leandro Simões Gonçalves[2]

[1]Instituto Agronômico do Paraná. [2]Universidade Estadual de Londrina.

*luriamribeiro@gmail.com

Palavras-chave: *Phaseolus Vulgaris* L.; tempo de cozimento; qualidade tecnológica.

O feijão (*Phaseolus Vulgaris* L.) possui grande importância econômica e social, pois está presente nas refeições diárias da população brasileira, e representa a principal fonte de renda para pequenos produtores rurais. O grupo comercial do tipo carioca corresponde a aproximadamente 70% da produção brasileira de feijão e as cultivares desse grupo diferem em relação ao tempo de escurecimento do tegumento, característica que pode reduzir a aceitação pelos consumidores. O escurecimento lento de grãos permite aumentar o tempo de armazenamento, proporcionando flexibilidade para venda e consumo. Portanto o objetivo do presente trabalho foi estudar a qualidade tecnológica e o escurecimento dos grãos durante o armazenamento. Foram avaliados 12 genótipos de feijão do grupo comercial carioca, cultivados no campo experimental do Instituto Agronômico do Paraná, em Ponta Grossa, PR, Brasil, na safra da seca 2017. Após a colheita, uma amostra de 200 gramas de grãos foi selecionada para realização do protocolo de escurecimento lento, onde, os grãos foram acondicionados em sacos de polietileno e armazenados em uma sala com temperatura ambiente, onde permaneceram armazenadas por até 90 dias. Após o armazenamento, os materiais foram submetidos para avaliação de qualidade tecnológica: capacidade de retenção de água antes do cozimento (CRAac), capacidade de retenção de água após o cozimento (CRApc), sólidos totais no caldo (ST), tempo de cozimento (TC) e coloração dos grãos conforme metodologia utilizada por Dalla Corte et al., (2002). Todas as determinações foram realizadas em duplicata e analisadas no programa estatístico XLstat. Para as variáveis avaliadas observou correlação negativa entre CRAac e cor do grão, e entre cor do grão e TC, demonstrando que o escurecimento dos grãos influenciou no TC. Já para as variáveis CRAac e TC a correlação foi positiva, demonstrando que a quantidade em que o grão absorve de água nas amostras que possui ocorrência do fenômeno "hard to cook" foi significativamente maior que as amostras que tem menor tempo de cocção. Para melhor entendimento do comportamento dos grãos durante o armazenamento, foi realizado o teste de agrupamento hierárquico, que apresentou a formação de três grupos distintos. Onde o terceiro grupo se destacou por apresentar maior CRAac, maior TC e grãos mais escuros. Já no segundo grupo apresentou menor CRApc, menor TC e maior ST. E por fim, o primeiro grupo se mostrou intermediário na maioria das características avaliadas. O armazenamento influenciou na qualidade tecnológica e na coloração do grão, no qual certas cultivares sofreram menos mudanças de cor e tempo de cozimento, portanto, são mais propícias para serem armazenadas do que outras, proporcionando maior tempo para comercialização e consumo.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

RESISTENCIA DE DIFERENTES GENOTIPOS DE TOMATEIRO À MOSCA BRANCA (*Bemisia* sp.)

Kelly Cristiane de Almeida[1]; Juliano Tadeu Vilela de Resende[2]; Paula Karine Kloster Karpinski[3]; Talia Aksenen[3*]André Gabriel[3]; Bruna Teixeira Baixo[3] ; Renato Barros de Lima Filho[3]

[1]UNICENTRO; [2]UEL; [3]UNICENTRO.

*kellyalmeida1203@yahoo.com.br

Palavras-chave: Melhoramento, tomate, pragas.

Os testes de resistência a insetos pragas são empregados com frequência em programas de melhoramento e seleção de genótipos de tomateiro, esses testes são fáceis de utilizar, com baixo custo econômico e resultados satisfatórios. Entre as pragas no tomateiro destaca-se a mosca branca (Bemísia sp.), além de ser um vetor de viroses. Genótipos de tomateiro com resistência à essa praga reduz o número de aplicações de produtos químicos. Objetivou-se com o presente trabalho avaliar genótipos de tomateiro quanto ao nível de resistência a mosca branca. Para isso foi conduzido um experimento em casa de vegetação na Universidade Estadual do Centro Oeste em Guarapuava-PR, em que foi empregado o teste de resistência com exposição de três genótipos de tomate silvestres e um genótipo comercial à praga mosca branca (Bemisia sp.), sendo eles Solanum habrochaites sp.glabratum PI 134417, Solanum pennellii LA-716 e Solanum pimpinellifolium LA-1614 e Solanum lycopersicum (cv. Redenção), com quatro repetições, foram avaliados número de ovos, ninfas e exsúvias presentes em uma folha totalmente desenvolvida na face abaxial da cada um dos três terços da planta aos 30 dias de exposição à praga, os valores foram somados em seguida obteve a média por genótipo. Os dados coletados foram submetidos ANAVA em seguida as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a nível de 5% de probabilidade no software Sisvar. Constatou-se que as espécies Solanum pimpinellifolium e Solanum lycopersicum apresentaram o maior número de ovos com 6 e 4 respectivamente, ao contrário as espécies Solanum pennellii e Solanum habrochaites sp. glabratum apresentaram as médias de 0 e 1 ovos não diferindo estatisticamente entre si. A Solanum pimpinellifolium também apresentou o maior número de ninfas com média de 1,67 ninfas por folha. Para número de exsúvias não houve diferença estatística, nenhuma das espécies apresentou média superior à 1 exsúvia por folha. Conclui-se que as espécies Solanum pennellii e Solanum habrochaites sp glabratum apresentam maior potencial de resistência à praga da mosca branca (Bemisia sp.) em relação aos genótipos Solanum lycopersicum e Solanum pimpinellifolium, sendo potenciais materiais doadores de alelos de resistência à espécie comercial.

Agradecimentos: CAPES, Fundação Araucária.

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Seleção de genótipos de batata-doce com altos teores de betacaroteno na região da Alta Paulista

Maria Eduarda Facioli Otoboni[1]; Pablo Forlan Vargas[2]; Darllan Junior Luiz Santos Ferreira de Oliveira[1]; Bruno Ettore Pavan[1]; Mateus Ferreira Kitagawa[1]

1Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Ilha Solteira-SP, Brasil. 2Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Centro de Raízes e Amidos Tropicais (CERAT), Botucatu-SP, Brasil.

*eduarda_ottoboni@hotmail.com

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; melhoramento genético; Vitamina A.

A batata-doce (*Ipomoea batatas*) é uma hortaliça tuberosa e está entre os dez alimentos mais consumidos no mundo. Apresenta vasta variabilidade genética atraindo novos produtores por alcançar altas produtividades, requer baixo investimento e é rica em nutrientes. Objetivou-se avaliar acessos de batata-doce para futura obtenção de cultivares com altos teores em betacaroteno (Vitamina A) aliados a boas produtividades visando suprimir as necessidades nutricionais da população, principalmente da mais carente. Foram avaliados 243 acessos, destes, 242 oriundos de 15 famílias de meios irmãos (*polycross*) do programa de melhoramento genético do International Potato Center (CIP) e Instituto de Investigação Agropecuária de Moçambique (IIAM), além de uma cultivar comercial, Beauregard, utilizada como testemunha. O experimento foi realizado no município de Vera Cruz, pertencente à região da Alta Paulista. Adotou-se delineamento em blocos casualisados com duas repetições. A parcela experimental foi composta por 3 plantas em espaçamento de 0,33 m entre elas. Avaliou-se: produção total de raiz (PTRz), produção comercial de raiz (PCRz), número de raízes total (NRT), número de raízes comerciais (NRC), massa fresca de raiz (MFRz), massa seca de raiz (MSRz), coloração da casca das raízes (CCRz), coloração de polpa (CPRz), danos nas raízes (DRz), formato (FRz) e tamanho das raízes (TRz). Para CCRz, CPRz, DRz, FRz e TRz realizou-se observações visuais sendo atribuídas notas de 1 a 5, sendo 1 para menos atraente e 5 mais atraente. Foi realizada análise de variância e posteriormente foram estimados ganhos através do índice proposto por Mulamba & Mock (1978) selecionando os 10 acessos mais promissores. Utilizou-se peso 3 para CPRz visando notas 4 e 5, sendo estas, polpas alaranjadas, consequentemente, ricas em betacaroteno, peso 1,5 para PCRz e 1 para os demais caracteres. Dentre os 10 acessos selecionados, um deles foi a cultivar comercial, porém, considerando-se as variáveis principais PCRz e CPRz, a testemunha foi superior apenas a três genótipos em PCRz e dois em CPRz. Os ganhos variaram de 6,50 a 39,37%. O acesso CERAT29-26 foi superior em PTRz e PCRz, com produção de 39,1 t ha^{-1} e 34,1 t ha^{-1}, respectivamente, 22,8 t ha^{-1} a mais que a testemunha em PTRz e 19,1 t ha^{-1} a mais em PCRz. CERAT16-18 foi o segundo mais produtivo em PCRz e obteve nota máxima em coloração de polpa. Em caracteres quantitativos, cinco acessos foram superiores a testemunha em PTRz e PCRz, 8 acessos em MFRz, e em MSRz todos foram superiores. Em CPRz, caractere qualitativo mais importante para o presente estudo, CERAT60-25, CERAT16-22, CERAT16-18 e CERAT31-08 obtiveram notas superiores à testemunha e CERAT25-23, CERAT29-18 e CERAT35-01 apresentaram as mesmas notas. Visto a superioridade dos genótipos estudados em alguns caracteres, os mesmos podem então serem recomendados para futuros ensaios de valor de cultivo e uso.

Agradecimentos: Processo nº 2017/08032-0, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoa de Nível Superior – CAPES - pela concessão de bolsa de Mestrado ao primeiro e terceiro autor.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Seleção de primers microssatélites para mapeamento de marcadores associados à fácil abscisão de frutos de *Capsicum chinense*.

Nayara Carvalho[1]; Felipe M. Canela[2]; Claudia S. da C. Ribeiro[3]; Márcio de C. Moretzsohn[4]; Nara O. S. Souza[5]; Gláucia S. C. Buso[6]

[1, 2, 5]Universidade de Brasília.[3] Embrapa Hortaliças.[4, 6]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

nayaracarvalho87@gmail.com

Palavras Chave: SSR; marcadores moleculares; mapa genético; pimenta.

A fácil abscisão de frutos, que permite as colheitas semimecanizada e mecanizada, é uma característica de grande interesse para o melhoramento da pimenta. O fruto da pimenta não tem uma camada de abscisão do pecíolo como do tomate, por exemplo, e a ligação do pedicelo ao fruto pode ser muito forte em algumas cultivares de pimenta. Várias vezes há rompimento do fruto e/ou considerável quebra na colheita manual. No programa de melhoramento da Embrapa Hortaliças foram selecionados parentais de *C. chinense* contrastantes para essa característica, porém a seleção tradicional sob efeito das amplas interações genótipo-ambiente se torna difícil. Uma forma de facilitar a seleção é a identificação de marcadores moleculares ligados à característica de interesse, por meio do mapeamento genético de marcadores em população F_2, originária de parentais contrastantes para a característica e avaliação da população F_3 para mapeamento da característica. Marcadores microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeats) têm sido amplamente utilizados como uma eficiente ferramenta para a construção de mapas genéticos. Dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar o polimorfismo de primers SSR entre os parentais selecionados e híbridos. Os mesmos foram provenientes do Programa de Melhoramento da Embrapa Hortaliças (CNPH) e consistiram em dois híbridos (H1 e H2) oriundos de cruzamentos alternados de dois parentais, CNPH 4337-4 (de fácil abscisão de frutos) e CNPH 40001-1 (de difícil abscisão de frutos). Os locos SSR foram amplificados por meio de reações de PCR (Polymerase Chain Reaction) e a separação dos fragmentos foi realizada por eletroforese em gel de poliacrilamida 5%. Foram testados 478 primers SSR, desenvolvidos para *C. annuum*, para os quatro genótipos utilizados. Dos 478 locos, 128 apresentaram polimorfismo, 249 não apresentaram diferenças entre os acessos e 101 não amplificaram, representando 26,8%, 52,1% e 21,1% dos primers testados, respectivamente. Esses 128 primers polimórficos estão sendo utilizados para a construção de um mapa genético de ligação, visando à identificação de marcadores associados à fácil abscisão de frutos para uso de seleção assistida no melhoramento genético da cultura.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Embrapa Hortaliças; Universidade de Brasília; CAPES.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SELEÇÃO INICIAL DE HÍBRIDOS DE *Brachiaria* spp. PARA RESISTÊNCIA ÀS CIGARRINHAS-DAS-PASTAGENS

Wyverson Kim Rocha Machado[1*]; Fabricia Zimermann Vilela Torres2; Sanzio Carvalho Lima Barrios[2]; Cacilda Borges do Valle[2]; Alexandre Menezes Dias[1]; Beatriz Tomé Gouveia[3]; Anderson Ramires Candido1; José Marcos Queiroz Júnior[4]; Juliana Lima Barbosa[4]; Raphael Neves Gortari Figueiredo[4]; Alana Aparecida Amarilha Nobre[1]

[1]Universidade Federal de Mato Grosso do Sul – UFMS. [2]Embrapa Gado de Corte. [3]Universidade Federal de Lavras - UFLA. [4]Universidade Católica Dom Bosco – UCDB.

*wyverson.krm@gmail.com

Palavras-chave: Melhoramento de forrageiras; pragas de pastagens; *Urochloa* spp.

As cigarrinhas-das-pastagens afetam a produção e qualidade das pastagens, assim, representam um sério problema para a pecuária. Em pastagens, o controle químico é antieconômico, desta forma, o lançamento de cultivares resistentes é uma alternativa sustentável para superar essa dificuldade de controle. O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e selecionar híbridos interespecíficos de *Brachiaria* spp. para caracteres relacionados a resistência às cigarrinhas-das-pastagens. Os cruzamentos para a obtenção da população e avaliação da resistência foram conduzidos na Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil. Cruzamentos interespecíficos (*Brachiaria decumbens* x *Brachiaria* spp.) foram realizados e uma população de 4.219 híbridos obtida. As sementes foram germinadas individualmente em tubetes, constituindo as parcelas do experimento, as quais foram dispostas dentro de uma casa telada, em um delineamento de blocos aumentados com 27 blocos. Cerca de 21.500 indivíduos adultos de cigarrinhas (principalmente das espécies *Notozulia entreriana* e *Deois flavopicta*) foram liberadas dentro da casa telada, o que conferiu uma proporção de aproximadamente cinco indivíduos adultos por parcela. A casa telada permaneceu fechada por 10 dias após a infestação e as plantas foram então avaliadas por meio de uma escala de notas quanto aos danos causados nas folhas pelos adultos da cigarrinha (DAC). As notas de dano variaram de 1 a 5 (1- sem dano e 5 - planta totalmente morta). Após 20 dias foi também realizada uma avaliação da produção de massas de espumas pelas ninfas das cigarrinhas na base das plantas (PEN), avaliada por meio de uma escala de notas de 1 a 5 (1- ausência de massas de espumas e 5 - grande quantidade de massas de espumas, cobrindo toda a base da planta). Os dados foram analisados utilizando a abordagem de modelos mistos, implementada no software R com auxilio do pacote ASReml. Observou-se variabilidade genética entre os híbridos para os caracteres avaliados ($p < 0,01$). As estimativas de herdabilidade entre médias de híbridos foram de 0,53 (PEN) e 0,65 (DAC), com estimativas de acurácia de 0,73 (PEN) e 0,81 (DAC). Com base nos valores genotípicos preditos (BLUP), híbridos com DAC inferior a 2,5 e PEN igual a 1,0 foram selecionados (475 selecionados dos 4.219 híbridos avaliados) para prosseguirem para as próximas etapas de avaliação. Os resultados deste trabalho demonstram a existência de variabilidade genética entre os híbridos, com estimativas de herdabilidade entre médias de tratamentos de moderada a elevada magnitude, indicando que ganhos de seleção podem ser obtidos pela seleção de híbridos superiores. Os híbridos selecionados neste trabalho serão avaliados futuramente para características agronômicas, valor nutritivo, produtividade de sementes e reavaliados em casa de vegetação para confirmação da resistência as cigarrinhas-das-pastagens.

Agradecimentos: Embrapa Gado de Corte, UNIPASTO, CAPES e CNPq.

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

SERINE THREONINE-PROTEIN KINASE PHYLOGENY, A SMALL PIECE OF PAPAYA RESISTANCE EVOLUTIVE HISTORY TO PRSV-P

Pedro Henrique Dias dos Santos1*; Fernanda Abreu Santana Arêdes1; Marcela Santana Bastos Boechat1; Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri1; Messias Gonzaga Pereira1

1 Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal - Campos dos Goytacazes RJ/ Brazil.

*pedroh_dias@hotmail.com

Palavras-chave: Divergent evolution; Phylogeny

Papaya (*Carica papaya* L) is cultivated in all the tropical and subtropical regions of the world. With an annual production of around 13 million tons, the productive market of papaya generates around USD 36.8 million annually. On the other hand, its production is limited by infections caused by papaya ringspot virus (PRSV-P). Previous studies using genetics approaches identified a functional PRSV-P resistance marker of *Vasconcellea pubescens* plants (resistant to PRSV-P) and reported homology to a serine-threonine protein kinase (STK). The STK gene of the *V. pubescens* revealed two discrete transcripts of the same gene (VP STK1 and VP STK2). The *V. pubescens* transcripts correspond to the beginning and the end of the STK gene of *C. papaya*, which is separated by a 20 kb intron. These differences between the genes from *C. papaya* and *V. pubescens* could encode different protein function and expression. These differences may be the reason that *V. pubescens* is resistant to PRSV-P and *C. papaya* susceptible. To understand when and how it occurs we used phylogenetic approaches to infer the evolutionary history of the STK gene. We used sequences of resistance genes designated CP STK from *C. papaya* and VP STK1 and VP STK2 from *V. pubescens* available in NCBI. The sequences were used for phylogenetic reconstruction using Maximum likelihood in Mega7 software with 1000 bootstrap replications and the best-fit amino acid substitution model was JTT + G. We set other closely related species to compose the analysis. We noticed that in the phylogenetic tree there was a grouping of VP STK1 with CP STK in a superior and well-supported clade (boot = 97). On the other hand, VP STK2 was grouped into an isolated and well-supported branch (boot = 100), characterizing a paraphyletic group. The divergent evolution clearly observed leads us to understand the way in which the speciation of *V. pubescens* and *C. papaya* occurred. In spite of sharing a common ancestor, *V. pubescens* suffered an event that divided the STK gene, conferring resistance to it, since VP STK2 is regarded as an important factor in contributing to the PRSV-P resistance. *Carica papaya* did not present this event and is closer to STK1. This small event may be the key point that differentiated the resistance of these two species. Our results highlight the VP STK2 potential to transfer the PRSV-P resistance from *V. pubescens* to *C. papaya*

Agradecimentos: The authors kindly thank the North Fluminense State University (UENF). This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES).

10º CBMP
CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
SBMP SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Supervised neural networks and phenotypic prediction applied in the selection of potato clones for processing.

João V. Nomura[1]; Mariana Niederheitmann[1]; Jéssica E. N. de Souza[1]; Hellen C. da Silva[1]; Roberta L. Vidal[1]; Fernando A. Piotto[2]

[1]Departamento de Genética – ESALQ/USP. [2]Departamento de Produção Vegetal – ESALQ/USP

*jnomura@usp.br

Palavras-chave: redes neurais; batata; melhoramento; correlações fenotípicas

Potato (Solanum tuberosum) is one of the main sources of food. Despite their importance, the genetic progress obtained is smaller when compared to crops such as wheat and rice. Among the many factors that hamper the progress of breeding programs, the number of genotypes to be evaluated, the limited number of tubers per clone and the traits that need to be evaluated are the major obstacles in the initial stages. Among the traits for the selection of clones for processing, there are some that it is necessary to destroy the tuber to be able to evaluate. The combined use of phenotypic correlations, prediction algorithms, and supervised machine learning can be a very useful tool to assist selection in the early stages without the need to destroy the tubers. For the study, data from 120 evaluated genotypes (102 treatments and 18 checks) were used in a augmented block design provided by the International Potato Center. The traits were classified into two categories: non-destructive (NDT) and destructive (DT). The NDT evaluated were: total yield, commercial yield, large, medium and specific tubers. The DT were: dry matter, frying yield, color after frying, fat absorption and reducing sugars. First, the mixed model approach was used to adjust the means of controls and treatments. For the prediction of DT values, the regression coefficients for each trait were calculated from the NDT in the checks. The AIC and BIC values were calculated to select the best model for each trait. After calculating the predicted value in clones not evaluated for the trait, 100 iterations were performed, subdividing the predicted treatments and those evaluated to evaluate the accuracy. The R^2 values in the checks for each trait were calculated: 85.87% for dry matter, 75.99% for reducing sugars, 70.46% for oil absorption and 53.77% for frying yield. The accuracy between the predicted values in the treatments and those evaluated was high, demonstrating that the calculated coefficients were efficient. From the predicted data, was used the approaches of supervised neural networks to predict the colors after frying through the data of the checks. For the classification, were used the DT except for frying yield. Using cross-validation between the data of the evaluated treatments and the classification obtained by the values predicted for color after frying, the accuracy calculated after 100 iterations was 90%. The selection correspondence of the twenty best clones for processing through phenotypic and predicted values was 75%. It can be concluded that the use of phenotypic correlations with the support of supervised neural networks can help in the selection of potato clones for processing in the initial stages in breeding programs.

Apoio financeiro: This study was financed in part by the Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) and Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

TEMPERATURE EFFECT IN SOYBEAN FATTY ACIDS ACCUMULATION

Mayumi Furuya de Assis[1]; Agnes de Oliveira Maciel[1]; Marcos de Oliveira Pinto[2*]; Pedro Ivo Vieira Good God[1], Everaldo Gonçalves de Barros[3]

[1]Universidade Federal de Viçosa – Campus Rio Paranaíba. [2]EMBRAPA Milho e Sorgo. [3]Universidade Católica de Brasília.

*marcos.deoliveira@embrapa.br

Palavras-chave: oleic acid, linolenic acid, FAD6

Soybean oil quality depends on fatty acid composition. The major fatty acids of soybean seeds are palmitic (C16: 0), stearic (C18: 0), oleic (C18: 1), linoleic (C18: 2) and linolenic (C18: 3) acids. Higher oleic and low linoleic/linolenic acids contents ensure oil oxidative stability. The major genes that control fatty acids conversions are desaturases genes, including ω-6 and ω-3 desaturases. To produce superior genotypes with desired fatty acid content is important to understand how fatty acids biosynthetic pathways are controlled by temperature variations. The aim of this study was to evaluate fatty acids composition, total oil content and expression levels of ω-6 and ω-3 desaturases in FA22, CD219 and A29 genotypes grown under two temperatures. The plants were grown in greenhouse, under two conditions: average temperatures of 32°C (day) and 27°C (night) or 26°C (day) and 14°C (night). Experiment was conducted in completely randomized condition, with 50 pots per genotype. Seeds from 5th, 8th and 10th-leaf stages were collected to analysis. Total oil concentration was determined in mature seeds (10th leaf stage) using Soxhlet extractor. Fatty acid concentration was estimated by gas chromatography. Total RNA extraction was performed in 100 mg samples from 5th and 8th- stages of FA22 and CD219 genotypes and cDNA strand was synthetized with 1 ug of total RNA. In silico identification of ω-6 and ω-3 desaturases used keywords and BLAST analysis of sequences available on GenBank against soybean genome in Phytozome. Levels of desaturases transcripts was determined by qPCR. Specific primers were designed from nucleotide sequences of cDNA for each desaturase gene. No significant differences in total oil was detected in mature seeds from three genotypes grown under two temperatures. Seeds from CD219 and FA22 cultivated under 32/27°C had higher oleic acid and lower linoleic/linolenic acid content. The genotype A29 had difference only for linolenic acid content. We detected 15 genes that encodes for desaturases. In all tested conditions for FA22 and CD219 genotypes, ω-6 genes (Glyma10g42470 and Glyma20g24530) that are FAD2 isoforms had the highest values of relative expression. Among ω-3 genes three FAD3 isoforms (Glyma02g39230; Glyma14g37350 and Glyma18g06950) were expressed in higher levels. Relative expression of ω-6 genes revealed that only FAD6 gene (Glyma02g36460) in 8th-leaf stage from FA22 genotype had expression profile that can explain variations of oleic/linoleic acid content. For ω-3 genes, variations of linoleic/linolenic acid content in seeds of FA22 and CD219 could be explained by the profile of FAD3 isoforms (Glyma02g39230 and Glyma18g06950). Our results show that effect of temperature in fatty acids accumulation depends on the genotype. FAD2 and FAD3 genes are the most important desaturases in fatty acids pathways and FAD6 of FA22 genotype also contributes to oleic/linoleic acids content in soybean seeds.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e Fundação de Amparo à Pesquisa de Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

CONGRESSO BRASILEIRO
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS
28 a 31 de julho de 2019 • Águas de Lindóia • SP • Brazil
10º CBMP
SBMP
SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS

Variação genotípica e biofortificação agronômica de feijão-caupi com selênio

Nandhara Angélica Carvalho Mendes[1]; Vinicius Martins Silva[2]; Andre Rodrigues dos Reis[1]*

1 Faculdade de Ciências e Engenharia (FCE), Universidade Estadual Paulista (UNESP), Rua Domingos da Costa Lopes 780, Tupa-SP, CEP 17.602-496. 2 Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - Câmpus de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Via de Acesso Prof.Paulo Donato Castellane s/n - Jaboticabal/SP - CEP 14884-900.

*andre.reis@unesp.br

Palavras-chave: Vigna unguiculata; biofortificação agronômica; segurança alimentar

O selênio (Se) é um elemento essencial para humanos e animais e considerado benéfico para as plantas. A biofortificação agronômica de culturas comestíveis usando fertilizantes contendo Se pode ser uma boa estratégia para reduzir a deficiência de Se em todo o mundo. O feijão-caupi (Vigna unguiculata (L.) Walp.) é uma importante fonte de proteína nos países em desenvolvimento. Portanto, estudos sobre o aumento da concentração de Se em partes comestíveis de cultivares modernos são necessários. Este trabalho teve como objetivo avaliar a variação genotípica de genótipos de feijão-caupi para a adubação de Se e avaliar os impactos sobre o ácido fítico (PA), açucares totais, sacarose, proteínas de reserva e concentração de aminoácidos em grãos. O experimento foi desenvolvido em casa de vegetação utilizando 29 genótipos de feijão-caupi na ausência (controle) e presença de Se (25 g ha^{-1}) para avaliar a capacidade de acumular Se e seus efeitos no metabolismo primário e qualidade nutricional. A aplicação de selenato de sódio aumentou a concentração de Se nas raízes, parte aérea e grãos de todos os genótipos testados. Houve variação genotípica no acumulo de Se nos grãos entres os genótipos testados. O genótipo BRS Guariba apresentou a maior concentração de Se em relação aos outros genótipos testados. Houve aumento na fixação biológica do nitrogênio pelo aumento na concentração de ureideos (ácido alantóico), crescimento de plantas e proteínas de reserva nos grãos dos genótipos fertilizados com Se. A aplicação de selênio aumentou a concentração de ureideos em 9 genótipos. A aplicação de Se reduziu a concentração de acido fitico (antinutriente) em 11 genótipos e aumentou a concentração total de açúcar em 2 genótipos, sacarose em 4 genótipos e aminoácidos em 10 genótipos. A aplicação do Se aumentou a concentração de albumina em 5 genótipos, globulina em 12 genótipos, prolamina em 6 genótipos e glutelina em 14 genótipos. Este estudo fornece informações valiosas para o efeito de Se sobre o crescimento das plantas e o metabolismo de genótipos de feijão-caupi. Essas informações podem ser utilizadas em futuros programas de melhoramento genético para selecionar genótipos mais eficientes para a biofortificação genética e agronômica do feijão-caupi com Se.