

S I M P Ó S I O

# MELHORAMENTO DE PLANTAS

17 e 18 de novembro de 2016  
Brasília, DF

*variabilidade genética,  
ferramentas e mercado*

## ANAIS

Promoção



Organização



FAV/UnB



MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA  
E ABASTECIMENTO





S I M P Ó S I O

# MELHORAMENTO DE PLANTAS

variabilidade genética,  
ferramentas e mercado

Setembro de 2016



Foto: Alexandre Moreira Veloso



**COMISSÃO ORGANIZADORA****Dr. Renato Fernando Amabile  
(Coordenador Geral)**

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária –  
Embrapa Cerrados  
[renato.amabile@embrapa.br](mailto:renato.amabile@embrapa.br)

**Dr<sup>a</sup>. Michelle Souza Vilela**

Universidade de Brasília - UnB  
[michellevilela@unb.br](mailto:michellevilela@unb.br)

**Dr. José Ricardo Peixoto**

Universidade de Brasília – UnB  
[peixoto@unb.br](mailto:peixoto@unb.br)

**Dr. Fábio Gelape Faleiro**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[fabio.faleiro@embrapa.br](mailto:fabio.faleiro@embrapa.br)

**Dr<sup>a</sup>. Taislene Butarello  
Rodrigues de Morais**

Universidade de Brasília – UnB  
[taislene@gmail.com](mailto:taislene@gmail.com)

**Dr<sup>a</sup>. Julceia Camillo**

Universidade de Brasília – UnB  
[julceia@gmail.com](mailto:julceia@gmail.com)

**Dr. Paulo Eduardo de Melo**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Hortaliças  
[paulo.melo@embrapa.br](mailto:paulo.melo@embrapa.br)

**MSc. Ricardo Meneses Sayd**

Universidade de Brasília – UnB  
[ricardo\\_sayd@hotmail.com](mailto:ricardo_sayd@hotmail.com)

**MSc. Rosa Maria de Deus de Sousa**

Universidade de Brasília – UnB  
[rosamdsf@yahoo.com.br](mailto:rosamdsf@yahoo.com.br)

**COMISSÃO TÉCNICO-CIENTÍFICA****Dr. Alexandre Augusto de  
Morais (Presidente)**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Hortaliças  
[alexandre.morais@embrapa.br](mailto:alexandre.morais@embrapa.br)

**MSc. Ricardo Meneses Sayd  
(Vice-Presidente)**

Universidade de Brasília – UnB  
[ricardo\\_sayd@hotmail.com](mailto:ricardo_sayd@hotmail.com)

**Dr. Andre Ferreira Pereira**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[andre.ferreira@embrapa.br](mailto:andre.ferreira@embrapa.br)

**Dr. Adriano Delly Veiga**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[adriano.veiga@embrapa.br](mailto:adriano.veiga@embrapa.br)

**Dr. Carlos Eduardo Lazarini da Fonseca**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[carlos.lazarini@embrapa.br](mailto:carlos.lazarini@embrapa.br)

**Dr. Eduardo Alano Vieira**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[eduardo.alano@embrapa.br](mailto:eduardo.alano@embrapa.br)

**Dr. Fábio Gelape Faleiro**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[fabio.faleiro@embrapa.br](mailto:fabio.faleiro@embrapa.br)

**Dr. Jorge Henrique Chagas**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Trigo  
[jorge.chagas@embrapa.br](mailto:jorge.chagas@embrapa.br)

**Dr<sup>a</sup>. Julceia Camillo**

Universidade de Brasília – UnB  
[julceia@gmail.com](mailto:julceia@gmail.com)

**Juliano Gomes Padua**

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária –  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
[juliano.padua@embrapa.br](mailto:juliano.padua@embrapa.br)

**Dr. Leo Duc Haa Carson  
Schwartzhaupt da Conceição**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[leo.carson@embrapa.br](mailto:leo.carson@embrapa.br)

**Dr. Renato Fernando Amabile**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Cerrados  
[renato.amabile@embrapa.br](mailto:renato.amabile@embrapa.br)

**Dr. Raphael Augusto de Castro e Melo**

Empresa Brasileira de Pesquisa  
Agropecuária – Embrapa Hortaliças  
[raphael.melo@embrapa.br](mailto:raphael.melo@embrapa.br)

**Dr<sup>a</sup>. Taislene Butarello  
Rodrigues de Morais**

Universidade de Brasília – UnB  
[taislene@gmail.com](mailto:taislene@gmail.com)

**SUMÁRIO**

<b>DIRETIVAS DOS GRUPOS DE TRABALHO .....</b>	<b>7</b>	Diversidade Genética de Genótipos de Maracujazeiro Azedo Selecionados no Distrito Federal.....	25
Variabilidade Genética no Melhoramento ne Plantas.....	7	<b>MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS .....</b>	<b>27</b>
Ferramentas Aplicadas ao Melhoramento Genético de Plantas..	11	Estimativa de Parâmetros Genéticos em Cultivares de Girassol Avaliados em Safrinha no Distrito Federal.....	27
Mercado.....	12	Relação entre a Fixação Biológica de Nitrogênio e Rendimento de Grãos no Processo de Seleção de Linhagens de Soja .....	28
<b>BIOTECNOLOGIA .....</b>	<b>15</b>	Parâmetros Genéticos e Caracterização Morfoagronômica de Genótipos de Girassol no Cerrado do Distrito Federal.....	29
Avaliação da Diversidade Genética entre Progenies de <i>P. Quadrangularis</i> e <i>P. Alata</i> .....	15	Recomendação Regionalizada de Cultivares Baseada em Mapas de Adaptação Genotípica.....	30
Caracterização de Eventos de Soja GM com a Construção 35S: Atareb sob Deficit Hidrico na Germinação .....	16	Variabilidade, Parâmetros Genéticos e Caracterização de Genótipos de Cevada Nua Sob Irrigação no Cerrado do Planalto Central .....	31
Caracterização de um Pomar de Limeira Ácida ‘Tahiti’ com Porta-Enxerto SKC x CTSW – 033 no Município de Capitão Poço – PA .....	17	Variabilidade Genética de Acessos de Cevada Nua sob Irrigação no Cerrado com Base em Caracteres Agronômicos.....	33
Desenvolvimento de Marcadores Microsatélites por Meio do Sequenciamento Parcial do Genoma de Maracujá-Azedo ( <i>Passiflora Edulis</i> Sims) e Transferibilidade para 78 Espécies do Gênero <i>Passiflora</i> .....	19	Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos de Genótipos Elite de Cevada Irrigada no Cerrado em Diferentes Locais e Anos .....	34
Otimização da Regeneração In Vitro de Cultivares Brasileiras de Alho Visando o Estabelecimento de Sistemas de Transformação Genética .....	20	<b>MELHORAMENTO DE ESPÉCIES FORRAGEIRAS .....</b>	<b>35</b>
Calogênese de Segmentos Foliare de Plantas In Vitro de <i>Syagrus Oleracea</i> (Mart.) Becc. Visando a Embriogênese Somática.....	21	Near Infra-Red Spectroscopy as a Tool for Breeding High Quality Forage.....	35
Diversidade Genética de Famílias Segregantes de Macaúba Avaliados no Quarto Ano de Desenvolvimento .....	23	<b>MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES .....</b>	<b>37</b>
Avaliação de Linhagens do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFG .....	24	Parâmetros Genéticos em Caracteres Morfológicos de Acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba da Embrapa por Meio de Modelos Mistos.....	37



Desempenho Produtivo de Quarenta e Oito Progênes de Maracujazeiro Azedo no Distrito Federal.....	38	IAC H7316, uma Promissora Seleção de Café Arábica Derivada da Hibridação da Cultivar Catuaí Vermelho IAC 81 com o Cafeeiro Geisha.....	59
Avaliação de Resistência Simultânea à Bacteriose e à Virose em Maracujazeiro Amarelo, em Condição de Campo.....	39	Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro à Septoriose sob Condições de Campo.....	60
Reação de Progênes de Maracujazeiro Azedo à Verrugose nas Condições do Distrito Federal .....	41	Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Antracnose, sob Condições de Campo .....	61
Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Verrugose sob Condições de Campo .....	42	Correlação entre os Caracteres Produtividade de Ramas e de Raízes em Acessos de Batata-Doce.....	63
Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo às Doenças Fúngicas, sob Condições de Campo* .....	43	<b>RECURSOS GENÉTICOS .....</b>	<b>64</b>
Avaliação de Genótipos de Maracujazeiro Azedo quanto à Resistência a Septoriose em Condições de Campo .....	45	Aspectos Relativos à Fenologia das Cultivares de Maracujá Silvestre BRS Maracujá Maçã, BRS Pérola do Cerrado e BRS Sertão Forte.....	64
Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Bacteriose em Condições de Casa de Vegetação <sup>01</sup> .....	46	Recomendações e Ajustes nos Descritores Utilizados no Processo de Proteção de Cultivares de Maracujazeiros .....	65
Variabilidade Genética em Acessos de Café Conilon sob Irrigação no Cerrado Baseado em Atributos de Qualidade.....	47	Transmutação Sexual em Teosinto .....	67
Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Bacteriose, sob Condições de Campo .....	49	Diversidade Genética de <i>Passiflora</i> Spp. Baseada em Descritores Qualitativos, Quantitativos e Moleculares.....	68
Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Virose sob Condições de Campo .....	51	Caracterização de Cultivares de Maracujá Azedo d Doce Utilizando Descritores Preconizados pelo SNP-C-Mapa.....	69
Desempenho Agrônomico de Progênes Seleccionadas de Maracujazeiro Azedo no Distrito Federal.....	53	Propagação Vegetativa de Acessos Elite de <i>Passiflora Alata</i> Curtis .....	71
Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo a Bacteriose sob Condições de Campo .....	55	Avaliação de Danos na Área Foliar de Acessos Elite de <i>P. Edulis</i> e <i>P. Alata</i> Causados por <i>Agraulis Vanilla Vanillae</i> .....	72
Produtividade de Genótipos de Maracujazeiro Azedo no Distrito Federal .....	57		



## DIRETIVAS DOS GRUPOS DE TRABALHO

## Variabilidade Genética no Melhoramento ne Plantas

Coordenador: Alexandre Siqueira Guedes Coelho

Moderador: Marco Aurélio Caldas de Pino Pessoa Filho

Relatores: Ricardo Meneses Sayd e Jamile da Silva Oliveira

**Características de relevância para o melhoramento de plantas no curto-médio prazo**

O grupo de trabalho sobre variabilidade genética no melhoramento de plantas abordou primeiramente a questão sobre quais seriam as características de relevância para o melhoramento de plantas no curto-médio prazo.

A produtividade foi descrita uma das características mais importantes aos mais variados sistemas produtivos, seja qual for a cultura utilizada. A produtividade é de forma geral, o objetivo final do produtor ou da indústria de processamento. Buscar altas produtividades tentando alcançar a máxima lucratividade, ou seja, sempre que possível priorizar o custo mínimo para produção de uma cultura, no entanto, sem perder em produtividade.

Em sequência, a resistência às pragas e doenças são características muitas vezes buscadas para aumentar a produtividade e manter a qualidade das culturas minimizando

custos com a utilização de agroquímicos. Sendo assim, sempre que for possível a introdução de algum tipo de resistência por meio do melhoramento genético de plantas, possivelmente, poderá ser aumentada a lucratividade do sistema produtivo, além de ganhos com relação ao meio ambiente e bem-estar dos recursos humanos envolvidos nas atividades agrícolas.

Outro fator importante ao melhoramento é uso eficiente de nutrientes. Quanto mais eficiente for a utilização dos nutrientes pelas culturas, menor será a utilização de fertilizantes nos sistemas produtivos (fator de maior custo para a maioria das culturas), resultando assim, em maior lucratividade por parte do produtor, sem contar, que com isso, temos ganhos efetivos na conservação do solo, pois, com a menor utilização de fertilizantes, evita-se a acidificação do solo, que pode ocorrer pela utilização excessiva de fertilizantes nitrogenados, por exemplo.

A tolerância a condições de estresses abióticos são uma tendência na agricultura, e

espécies de interesse podem ser selecionadas pelo melhoramento para apresentarem maiores níveis de tolerância a condições estressantes. Ou mesmo, terem essas características introduzidas por meio do melhoramento genético clássico ou utilizando ferramentas modernas da biotecnologia.

A qualidade, inclusive nutricional, do produto e dos derivados na busca por produtos mais ricos nutricionalmente é uma tendência por parte dos consumidores, e a indústria tende a buscar por esses produtos ou fonte dos mesmos. Com isso, há um maior retorno financeiro para os produtos com maior qualidade nutricional ou que apresentem uma maior quantidade de elementos de interesse para o consumidor ou para indústria de processamento.

Como exemplos, espécies que apresentem uma maior quantidade de ômega 3, 6 e 9, outros óleos e ainda, algum outro elemento de interesse dos consumidores e da indústria.

Ainda, foram feitas observações a respeito de conduzir programas de melhoramento



em locais que apresentem naturalmente condições mais estressantes, podendo favorecer via seleção para produtividade, a seleção indireta de materiais com maior tolerância as condições ambientais adversas. E, esse tipo de programa de melhoramento poderá resultar em economia de recursos, devido à seleção de plantas mais eficientes no uso dos recursos e mais adaptadas a essas condições.

Outro ponto importante, é que a importância de cada característica em um programa de melhoramento varia de acordo com a espécie. Nas plantas frutíferas, a qualidade nutricional pode ser mais importante que a produtividade de frutos. No entanto, em alguns cereais a produtividade de grãos pode superar qualidade dos mesmos. A importância das características pode variar de importância também de acordo com a finalidade do produto final, podendo ser para uso na indústria, consumo in natura, consumo animal, entre outros. Essas podem variar ainda, de acordo com a variação de clima e região de cultivo da espécie utilizada. Podendo, assim, selecionar plantas mais tolerantes a seca, inundações, frio ou calor excessivo.

### **Acesso à biodiversidade e intercâmbio de germoplasma**

O segundo tema tratado foi em relação ao acesso à biodiversidade e intercâmbio de germoplasma: quais seriam os efeitos da lei de Biodiversidade sobre a coleta e

intercâmbio de germoplasma, inclusive de acessos já mantidos em bancos.

Sobre a dificuldade de acesso e intercâmbio foi relatado a existência de dificuldade na coleta do patrimônio genético brasileiro, assim como o desenvolvimento de produtos com utilização da nossa biodiversidade, não necessitam de autorização prévia para o seu desenvolvimento. Será necessário apenas um registro das atividades de acesso com o patrimônio genético em um cadastro eletrônico denominado Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético - SISGen, e que está sendo desenvolvido pelo Ministério do Meio Ambiente - MMA. Porém, a dificuldade está justamente nisso, o sistema ainda não está funcionando.

Foi dito que a nova lei de biodiversidade ainda tem problemas apesar dos avanços na área de pesquisa.

Para fins unicamente de pesquisa, com o novo sistema desenvolvido bastará realizar um cadastramento, desde que prévio à divulgação dos seus resultados, parciais ou finais. Para o desenvolvimento de produtos, deverá ser feita uma notificação antes da comercialização. O cadastramento também deverá ser feito antes do requerimento de qualquer direito de propriedade intelectual ou do envio ao exterior de amostras do patrimônio genético, para atividades de acesso ou mesmo de prestação de serviço. As dificuldades na coleta ocorrem devidas

principalmente o não funcionamento do portal para o cadastramento.

Em relação à dificuldade de importação, quando um material é requerido por parte de pesquisadores brasileiros, há um período de espera muito longo entre o momento da requisição e entrega do material ao requerente. Mas essa espera na maioria das vezes deve-se ao longo tempo que os materiais ficam retidos para realização da quarentena. Essa demora, muitas vezes é devido à existência de apenas um órgão para realização da atividade de quarentena, a Embrapa Quarentena Vegetal. Essas questões são menos problemáticas em grandes companhias devido a sua capacidade de organização.

Outra colocação foi de que as maiores dificuldades em realizar coletas no Brasil ocorrem em áreas públicas, como parques Nacionais, onde podem existir normas locais, que dificultam a coleta nesses locais. Devido a esse problema os locais preferenciais de coleta são realizados em áreas privadas.

### **Conservação e caracterização de germoplasma**

O terceiro ponto discutido pelo grupo foi a respeito da importância das ações de conservação e caracterização de germoplasma e como inseri-las no processo de desenvolvimento de cultivares.

Essas atividades devem ser colocadas como de primordial importância, pois, não há possibilidade de inserir um acesso no desenvolvimento de cultivar, sem que o mesmo não tenha sido caracterizado, pois, não é possível a utilização de um acesso sem que se conheçam as suas características, até porque, uma característica só pode ser requisita se ela for conhecida.

Foi colocada a importância das parcerias e que elas podem ser úteis nas atividades de conservação e caracterização. Essas parcerias são uma opção para redução dos custos e do tempo requerido nessas atividades, além da possibilidade da conservação dos acessos em outros locais.

É primordial a necessidade de se sistematizar e se disponibilizar publicamente as informações a respeito das coleções mantidas nos bancos. As informações obtidas nos processos de caracterização, na maioria das vezes, estão armazenadas em planilhas de computadores particulares ou das instituições, ou ainda em planilhas impressas, o que de certa forma, torna a informação mais vulnerável.

Com a possibilidade de sistematização da informação, essas podem ser utilizadas mais facilmente, além de poderem ser utilizadas de forma mais efetiva, sem contar que pode

facilitar o trabalho de gerenciamento das coleções por parte do curador.

Para disponibilizar as informações é necessário que as mesmas estejam sistematizadas, para possibilitar um maior entendimento por parte de quem irá utilizar a informação. Com a disponibilização das informações publicamente, aumenta as chances de pesquisadores das mais diversas áreas terem a possibilidade de acessar a informação.

Com o compartilhamento das informações sobre os acessos conservados aumenta a possibilidade de utilização dos acessos em programas de melhoramento, ampliando assim as chances de os mesmos serem úteis no desenvolvimento de cultivares.

Com o propósito de melhorar o fluxo de informação entre os bancos de conservação, é necessária a sistematização da informação. Os curadores também podem tentar aumentar o fluxo de informação entre os seus bancos, utilizando ferramentas e softwares livres disponíveis, ou de outra forma.

Outro problema destacado foi que os programas de financiamento normalmente não são superiores a um ou dois anos. Enquanto, que as atividades de conservação dos acessos são permanentes. Desse modo, quando o financiamento termina, o curador ou

a instituição tem que fazer outro projeto para financiamento das atividades, com isso, há uma descontinuidade nas atividades, o que de certa forma, pode interferir negativamente nas atividades de conservação dos bancos.

Um diferencial para a excelência de um BAG é a proatividade do curador nas etapas de conservação e caracterização, o que também é uma característica indispensável nas atividades de intercâmbio e divulgação, porque um curador proativo pode auxiliar acelerando essa etapa.

Os curadores na maioria das vezes realizam atividades de conservar e caracterizar, disponibilizar as informações, além de facilitar o intercâmbio dos materiais. Na maioria das vezes, o curador é melhorista, mas quando o mesmo não é se faz necessário que exista um diálogo entre esses dois segmentos.

O curador tem o conhecimento dos acessos conservados e o melhorista, na maioria das vezes, procura uma característica de interesse para o seu programa de melhoramento. Essa característica pode estar em algum acesso conservado nos bancos de germoplasma, e para que o melhorista possa acessar essa característica, é preciso que o mesmo, tenha acesso a essa informação, que quase sempre é conseguida pelo estreitamento na relação entre as duas partes.





Foto: Fabiano Bastos



## DIRETIVAS DOS GRUPOS DE TRABALHO

## Ferramentas Aplicadas ao Melhoramento Genético de Plantas

Coordenador: Welcimar Gonçalves da Cunha

Moderador: Carlos Eduardo Lazarini

Relatores: Anne Pinheiro Costa e Kenia Gracielle da Fonseca

**Ferramentas atualmente aplicadas ao melhoramento genético de plantas**

A discussão teve início a partir dos dados estatísticos relatados referentes ao crescimento de pedidos de proteção de variedades/híbridos nos últimos anos junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Mais empresas têm atuado no melhoramento genético, com um ganho genético significativo.

Durante o simpósio foi abordado basicamente quatro ferramentas: a cultura de tecidos; os marcadores moleculares, os quais podem ser utilizados em qualquer fase do melhoramento; a fitossanidade, abrangendo o *screening*; e a estatística, envolvendo a genética quantitativa, parâmetros genéticos e biometria.

Além dessas ferramentas, discutiu-se sobre a necessidade de plantas que apresentem tolerância ao estresse hídrico. Mencionou-se, também, a essencialidade da fenotipagem (fenômica) no Melhoramento Genético de Plantas e uso de sensores térmicos. Além

disso, também foi relatada a modernização na coleta de dados por meio da utilização de drones ou de outros equipamentos (celulares, *tablets*) que permitem uma maior agilidade nestas coletas por meio da utilização de softwares. Porém, o uso em si dessas ferramentas não garante sua eficiência, sendo necessários o conhecimento e o entendimento da utilização dessas ferramentas para que elas possam ser utilizadas da melhor maneira. O conhecimento sobre o ambiente em que se está trabalhando também é muito importante, o que dá suporte na explicação da interação genótipo x ambiente.

Em cada área de Melhoramento Genético utiliza-se algum tipo de ferramenta, como no caso das forrageiras que tem sido utilizada a Espectroscopia de Reflectância do Infravermelho próximo (NIR) na melhoria da qualidade da forrageira. A fisiologia também foi mencionada como uma ferramenta básica e essencial que tem sido utilizada no melhoramento genético de plantas.

**Gargalos ou dificuldades para usar as ferramentas disponíveis de forma eficiente**

As ferramentas utilizadas devem fazer parte da rotina do programa de melhoramento genético de plantas, sendo muito importante a calibração, a fim de ganhar tempo e diminuir esforços. Programas de melhoramento devem buscar constantemente mais ferramentas úteis e eficientes, pois estas geram lucro às empresas.

Alguns problemas envolvendo a utilização dessas ferramentas são a falta de treinamento e conhecimento teórico-prático das novas ferramentas com visão holística; elevados custos dessas tecnologias, incluindo custo de importação; o distanciamento entre a teoria e a prática (compartimentalização); dificuldade de interação entre as equipes, instituições e interesses; burocracia e entraves legais; falta de direcionamento dos novos profissionais perdendo especialistas em áreas vitais do melhoramento genético como, por exemplo, no pré e pós-melhoramento; e o melhoramento genético visando apenas um interesse

imediatamente ao invés do desenvolvimento de um material mais complexo baseado na demanda, na sociedade.

### **Sugestões do grupo para ampliar a eficiência das ferramentas aplicadas**

Portanto, com os gargalos citados acima, foi sugerida como soluções a terceirização dos

serviços, já que os equipamentos apresentam um elevado custo de aquisição e manutenção; desenvolvimento de novas políticas públicas que auxiliem na formação de novos profissionais; cooperação científica mediante a sinergia entre setor público, privado e universidades; projetos desenvolvidos em conjunto e de forma ampla, ao invés de projetos pontuais, os quais dificultam a

interação; redução do entrave burocrático; evolução na área da instrumentação como apoio aos programas de melhoramento, principalmente a robótica e os sensores, proporcionando mais automação deste processo e maior ganho de tempo; e, por fim, incentivos às empresas de desenvolvimento de tecnologia no Brasil.

## **DIRETIVAS DOS GRUPOS DE TRABALHO**

### **Mercado**

Coordenador: Rafael Detoni

Moderador: Everaldo Anastácio Pereira

Relatores: Isadora Nogueira e Daiane da Silva Nóbrega

### **Perspectivas para o futuro do melhoramento genético da soja**

No Simpósio de Melhoramento de Plantas - *Variabilidade Genética, Ferramentas e Mercado* - foram discutidos alguns aspectos acerca do mercado de sementes de soja com ênfase na genética de cultivares. Teve como objetivo prospectar demandas para ações de pesquisa e desenvolvimento, fornecendo perspectivas para o futuro do melhoramento genético da soja.

O mercado de cultivares de soja tem como principal *driver* o agricultor. É o produtor rural que enfrenta os vários desafios presentes

no campo atuando diretamente no manejo da cultura, na escolha do sistema de plantio, na redução do custo de produção, entre outros fatores. Por isso, o agricultor tem direcionado e exigido do mercado de genética de cultivares materiais mais precoces, com maior produtividade, resistência múltipla a pragas e doenças, e qualidade da semente. Futuramente, também se cogita a possibilidade de incremento de atributos nutricionais para agregar valor as cultivares de soja.

Em segundo plano, temos as empresas de sementes influenciando o mercado, desde que apresentem um produto inovador que atenda

às necessidades demandadas pelo produtor. De outra forma, também depende da área de abrangência de atuação da empresa. Por fim, temos o consumidor visando o atendimento de sua demanda observando, principalmente, a qualidade e preço do produto, não se atentando para características agronômicas favoráveis ao cultivo da soja.

Atualmente, há predominância do consumo de produtos agroindustriais a base de soja transgênica, mas o mercado de soja convencional não deixará de existir e atuará como um nicho de mercado, não exercendo influência significativa. Sempre

existirão consumidores que não aprovam o consumo de produtos transgênicos, sejam por características ideológicas, culturais, religiosas, demanda por sistemas de cultivos orgânicos, entre outras.

### **Principal objetivo no melhoramento genético**

A produtividade ainda é pontuada como principal objetivo e sempre será relevante no melhoramento genético de soja. As empresas produtoras de sementes geralmente tem preferência por linhas de pesquisa para aumento de produtividade em detrimento à busca pela resistência múltipla, assim como o agricultor. Porém, é necessário observar e estudar os entraves no aumento da produtividade, simultaneamente, ao desenvolvimento da resistência múltipla e adaptação a condições climáticas específicas. A tendência é o desenvolvimento de cultivares cada vez mais produtivas aliadas a características adicionais favoráveis.

Durante o processo de melhoramento o melhorista deve antever as tendências futuras de evolução do mercado para direcionar suas pesquisas. É imprescindível atuar sempre em conjunto com a equipe comercial da empresa para obter as informações relevantes e selecionar as características da soja a serem estudadas. Dessa forma, consegue-se justificar os investimentos feitos em

pesquisas, remunerar o produto e se manter no mercado de sementes de soja.

### **Principais ferramentas para comercialização**

Na fase de pós-melhoramento a logística de distribuição de sementes em pacotes de tecnologia é uma das principais ferramentas para comercialização da soja. Na produção de sementes de soja deve ser feito um planejamento estratégico baseado no zoneamento agrícola, sendo o armazenamento, transporte e entrega realizado dentro dos padrões técnicos para manter a qualidade da semente de soja alcançada no melhoramento. O marketing é outra ferramenta relevante para consolidar o produto no mercado, sendo necessário oferecer um produto de alta qualidade; conhecer as características do produto, do mercado alvo e seu posicionamento no mercado para não denegrir a imagem do material desenvolvido e da empresa que o comercializa. Uma boa estratégia de marketing é essencial para divulgar o produto, fidelizar clientes e manter a produção de sementes e o melhoramento genético da soja.

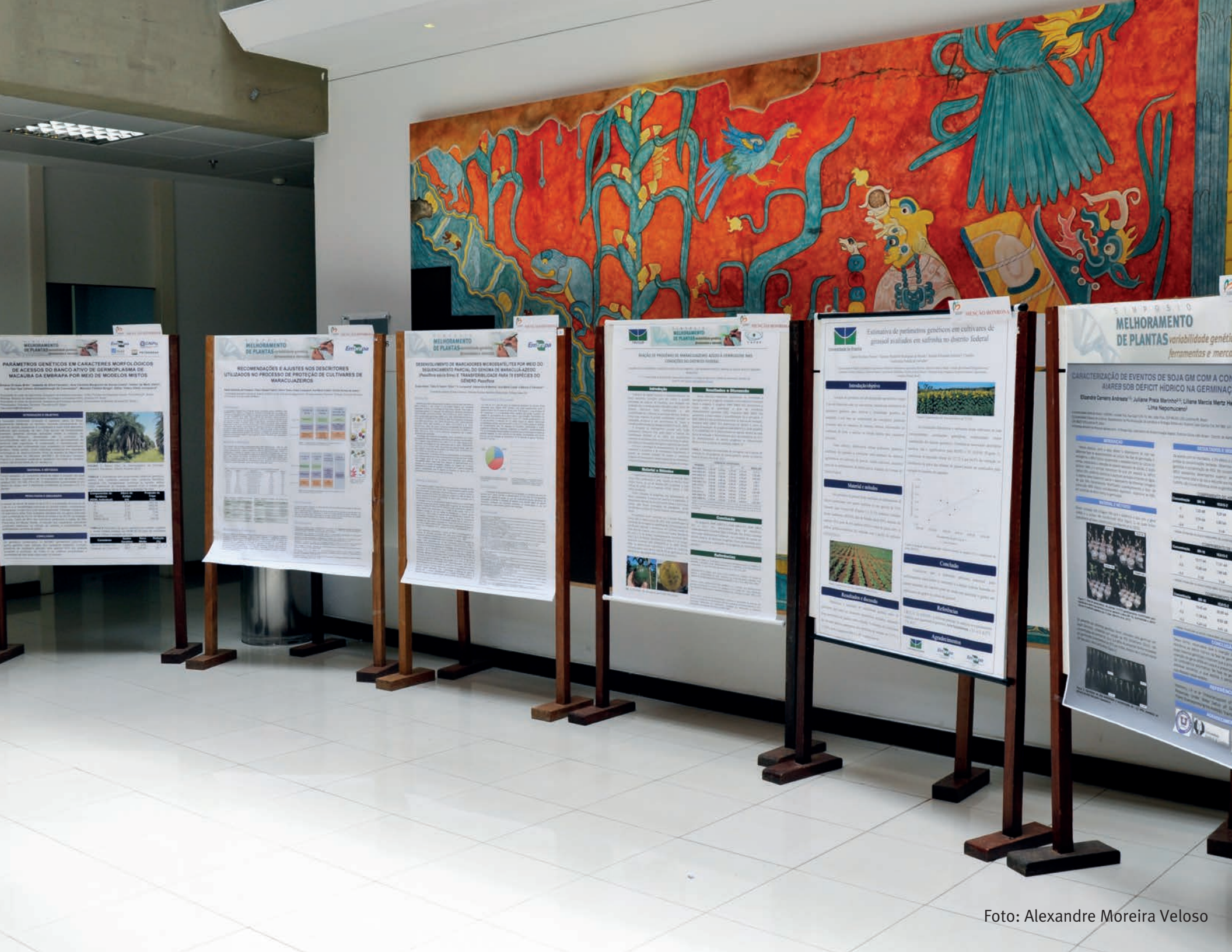
O marketing cumpre papel importante, no lançamento e comercialização de cultivares de soja, para geração de fundos que refinanciarão o melhoramento genético. O lucro obtido da comercialização das cultivares

é reinvestido nos programas de melhoramento genético das empresas produtoras de sementes, por isso é importante salientar a proteção de cultivares.

A soja possui características que permitem a reutilização das sementes por sucessivas safras, as chamadas sementes “salvas”. Para manter a receita das empresas e financiar pesquisas futuras é necessário incentivar: a fiscalização, por meio de órgãos governamentais regionais para evitar a pirataria e comercialização de sementes “salvas”; a aplicação de taxas pelo uso de sementes piratas - taxação na moega da trade; e, principalmente, a conscientização dos produtores da utilização de sementes certificadas.

As características das variedades assim como os desafios enfrentados pelos produtores mudam ao longo do tempo. Deve-se fazer um trabalho massivo para conscientizar o agricultor da importância da utilização e compra de semente certificada, o que ela representa e financia, auxiliando no estímulo a pesquisa e melhoramento para atender suas necessidades futuras.





**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM CARACTERES MORFOLÓGICOS DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MACAÛBA DA EMBRAPA POR MEIO DE MODELOS MISTOS**

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo avaliar os parâmetros genéticos em caracteres morfológicos de acessos do banco ativo de germoplasma de macaúba da Embrapa por meio de modelos mistos. Foram avaliados 100 acessos de macaúba em um experimento de campo. Os caracteres morfológicos avaliados foram: altura da planta, número de panículas por planta, número de panículas por espiga, número de grãos por panícula, peso de mil grãos e rendimento de grãos. Os dados foram analisados por meio de modelos mistos com efeitos fixos e aleatórios. Os resultados mostraram que os caracteres morfológicos avaliados são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Os modelos mistos foram capazes de explicar a variabilidade genética dos caracteres morfológicos avaliados.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**RECOMENDAÇÕES E AJUSTES NOS DESCRITORES UTILIZADOS NO PROCESSO DE PROTEÇÃO DE CULTIVARES DE MARACUJAZEIROS**

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo avaliar os descritores utilizados no processo de proteção de cultivares de maracujazeiros. Foram avaliados 100 acessos de maracujazeiros em um experimento de campo. Os descritores avaliados foram: altura da planta, número de panículas por planta, número de panículas por espiga, número de grãos por panícula, peso de mil grãos e rendimento de grãos. Os dados foram analisados por meio de modelos mistos com efeitos fixos e aleatórios. Os resultados mostraram que os descritores avaliados são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Os modelos mistos foram capazes de explicar a variabilidade genética dos descritores avaliados.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSATÉLITES POR MEIO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL DO GENOMA DE MARACUJAZEIRO (Passiflora edulis Sims) E TRANSFERIBILIDADE PARA 19 ESPÉCIES DO GÊNERO Passiflora**

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo desenvolver marcadores microsatélites por meio do sequenciamento parcial do genoma de maracujazeiro (Passiflora edulis Sims) e transferibilidade para 19 espécies do gênero Passiflora. Foram avaliados 100 acessos de maracujazeiros em um experimento de campo. Os marcadores microsatélites desenvolvidos foram avaliados por meio de modelos mistos com efeitos fixos e aleatórios. Os resultados mostraram que os marcadores microsatélites desenvolvidos são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Os modelos mistos foram capazes de explicar a variabilidade genética dos marcadores microsatélites desenvolvidos.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**ANÁLISE DE PROCELOSOS DE MARACUJAZEIROS ATIVA E SUBSTRATOS NA COMPOSIÇÃO DO SOLO EM UM SISTEMA DE CULTIVO**

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo analisar os procelosos de maracujazeiros ativos e substratos na composição do solo em um sistema de cultivo. Foram avaliados 100 acessos de maracujazeiros em um experimento de campo. Os procelosos de maracujazeiros ativos e substratos foram avaliados por meio de modelos mistos com efeitos fixos e aleatórios. Os resultados mostraram que os procelosos de maracujazeiros ativos e substratos são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Os modelos mistos foram capazes de explicar a variabilidade genética dos procelosos de maracujazeiros ativos e substratos.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**Estimativa de parâmetros genéticos em cultivares de girassol avaliadas em safra no distrito federal**

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos em cultivares de girassol avaliadas em safra no distrito federal. Foram avaliados 100 acessos de girassol em um experimento de campo. Os parâmetros genéticos avaliados foram: altura da planta, número de panículas por planta, número de panículas por espiga, número de grãos por panícula, peso de mil grãos e rendimento de grãos. Os dados foram analisados por meio de modelos mistos com efeitos fixos e aleatórios. Os resultados mostraram que os parâmetros genéticos avaliados são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Os modelos mistos foram capazes de explicar a variabilidade genética dos parâmetros genéticos avaliados.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**CARACTERIZAÇÃO DE EVENTOS DE SOJA GM COM A CONDIÇÃO DE DEFICIT HÍDRICO NA GERMINAÇÃO**

RESUMO: Este trabalho teve como objetivo caracterizar eventos de soja GM com a condição de déficit hídrico na germinação. Foram avaliados 100 acessos de soja GM em um experimento de campo. Os eventos de soja GM avaliados foram: altura da planta, número de panículas por planta, número de panículas por espiga, número de grãos por panícula, peso de mil grãos e rendimento de grãos. Os dados foram analisados por meio de modelos mistos com efeitos fixos e aleatórios. Os resultados mostraram que os eventos de soja GM avaliados são influenciados por fatores genéticos e ambientais. Os modelos mistos foram capazes de explicar a variabilidade genética dos eventos de soja GM avaliados.

Foto: Alexandre Moreira Veloso

## BIOTECNOLOGIA (MENÇÃO HONROSA)

Avaliação da Diversidade Genética entre Progênes de *P. Quadrangularis* e *P. Alata*

Carolina Gomes Viana<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Jamile da Silva Oliveira<sup>3</sup>; Kênia Gracielle da Fonseca<sup>3</sup>; Marcelo Libindo Viana<sup>1</sup>; João Pedro Basso<sup>1</sup> e Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>União Pioneira UPIS; Planaltina; e-mail: carolinaa.gviana@gmail.com; Distrito Federal; Brasil;

<sup>2</sup>Embrapa Cerrados; Planaltina; Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Universidade de Brasília; Agronomia; Brasília; Distrito Federal, Brasil

Neste trabalho, objetivou-se caracterizar e quantificar a diversidade genética de acessos de *P. quadrangularis*, *P. alata* e progênes de *P. quadrangularis* da Embrapa Cerrados, utilizando marcadores moleculares ISSR e RAPD. O estudo foi realizado no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Cerrados. Foram caracterizados 16 acessos de *Passiflora* spp. utilizando as técnicas moleculares ISSR e RAPD. A metodologia de extração de DNA foi a do CTAB, a quantidade de DNA foi estimada por espectrofotometria a 260 nm (A<sub>260</sub>), e a relação A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub> foi utilizada para avaliar a pureza e a qualidade das amostras. A matriz de dissimilaridade genética foi empregada para realizar análises de agrupamento por meio de dendrograma, utilizando o método *Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages* como critério de agrupamento, e a dispersão gráfica

baseada em escalas multidimensionais, usando o método das coordenadas principais. Por meio dos marcadores ISSR, observa-se no dendrograma de similaridade, adotando como ponto de corte a distância genética de 0,3, observamos a formação de sete grupos de similaridade, em que, o acesso de *P. alata* ficou separado do acesso de *P. quadrangularis* e das progênes de *P. quadrangularis*, formando o grupo um. O grupo dois foi formado pelo acesso de *P. quadrangularis* e as progênes PL1, PL4, PL2, PL3, PL7 e PL6. O grupo três foi formado pelas progênes PL5 e PL9, o grupo quatro foi formado pela progênie PL10; o grupo cinco foi formado pelas progênes PL8 e PL11, o grupo seis foi formado pela progênie PL13. O híbrido conhecido entre *P. quadrangulares* X *P. alata* formou o grupo sete com a progênie PL12. Por meio dos marcadores RAPD obteve-

se o dendrograma de similaridade no qual quando adota-se como ponto de corte a distância média de 0,3, pode-se observar a formação de dois grupos de similaridade, em que, o acesso de *P. alata* ficou no mesmo grupo que o híbrido entre *P. quadrangularis* X *P. alata*, esses acessos formaram o grupo um. Os demais acessos ficaram agrupados no grupo dois, sendo eles, o *P. quadrangularis* e as 13 progênes. Os marcadores ISSR foram mais incisivos na diferenciação dos acessos enquanto os marcadores RAPD foram mais flexíveis, porém, os marcadores mostraram variabilidade entre os acessos e as progênes avaliadas.

**Palavras-chave:** Maracujá-melão; recursos genéticos; fruticultura; marcadores RAPD e ISSR.

**Apoio:** CNPq.



## Caracterização de Eventos de Soja GM com a Construção 35S: Atareb sob Deficit Hídrico na Germinação

Elizandra Carneiro Andreatta<sup>1,3</sup>; Juliane Prela Marinho<sup>2,3</sup>; Liliane Marcia Mertz Henning<sup>3</sup>; Alexandre Lima Nepomuceno<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Norte do Paraná - UNOPAR, Londrina-PR, Brasil, elizandra.andreatta@hotmail.com;

<sup>2</sup>Universidade Estadual de Londrina, Departamento de Pós-Graduação de Genética e Biologia Molecular, Londrina-PR, Brasil;

<sup>3</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Soja, Laboratório de Biotecnologia Vegetal, Londrina-PR, Brasil

Fatores abióticos, como a seca, afetam o desenvolvimento da soja nas diferentes fases de desenvolvimento da cultura. Na fase de germinação e emergência, o déficit hídrico compromete o estabelecimento da cultura no campo, prejudicando a obtenção do estande adequado de plantas. O ácido abscísico (ABA) é o principal transmissor de sinal em resposta ao déficit hídrico (DH), conferindo tolerância à planta em períodos limitantes de água. O objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho de diferentes linhagens de soja GMs (Geneticamente Modificados) superexpressando o fator de transcrição AREB (*Abscisic acid-dependent regulation*), responsivo ao ABA, em condições de déficit hídrico na germinação. O ensaio foi conduzido em laboratório, utilizando três eventos GMs (1Ea15, 1Ea2939 e 1Eb2889) e o respectivo background não transformado

(BR16). As sementes foram semeadas em rolo de papel do tipo germitest, umedecido com água (controle) e o déficit hídrico imposto por meio de diferentes concentrações de polietilenoglicol (PEG) (-0,2 e -0,4 MPa). Posteriormente, as amostras foram colocadas em germinador a 25°C, por um período de 6 dias, e avaliou-se o comprimento de plântulas (total, raiz, parte aérea). De acordo com os resultados, o DH afetou o desempenho de plântulas, em ambas as concentrações testadas. Observou-se efeito da interação entre genótipo e concentração de PEG. Na concentração de -0,2MPa, a cultivar BR16 apresentou desempenho superior aos demais genótipos para o comprimento total e de raiz e reduzido pra hipocótilo. No estresse severo, -0,4MPa, não houve diferença entre os genótipos. Dessa forma, observasse que a inserção do transgene não melhorou

a tolerância ao déficit hídrico na fase de germinação. Trabalhos prévios com esses mesmos genótipos mostram que a principal característica alterada pela inserção do gene AREB em soja é a preservação de água através da redução da condutância estomática. Na fase de germinação, o que prevalece é o estresse osmótico, o que explica o porquê da característica não ter se manifestado nesse estágio.

**Palavras-chave:** Osmoregulação; transgenia; vigor; *Glycine max*.

**Apoio financeiro:** Macroprograma Embrapa Soja, Capes (bolsa de mestrado).



## BIOTECNOLOGIA (MENÇÃO HONROSA)

## Caracterização de um Pomar de Limeira Ácida ‘Tahiti’ com Porta-Enxerto TSKC x CTSW – 033 no Município de Capitão Poço – PA

Fábio de Lima Gurgel<sup>1</sup>; Helane Cristina Aguiar Santos<sup>2</sup>; Alane Cristina Peixoto de Brito<sup>2</sup>; Marluce Reis Santos Santa Brígida<sup>3</sup>; Eduardo Augusto Girardi<sup>4</sup>; Walter dos Santos Soares Filho<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Pesquisador da Embrapa Amazônia Oriental, fabio.gurgel@embrapa.br ; <sup>2</sup>Estagiária da Embrapa Amazônia Oriental; <sup>3</sup>Professora da Universidade Federal Rural da Amazônia - UFRA. <sup>4</sup>Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura

O Estado do Pará é o 5º maior produtor nacional de citros segundo os dados do IBGE/LSPA (SEDAP, 2011), sendo o mais importante da Amazônia e um dos poucos polos citrícolas na zona equatorial, em nível mundial. O trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento inicial de um pomar de limeira ácida ‘Tahiti’ [*Citrus latifolia* (Yu. Tanaka) Tanaka], clone local, em combinação com o porta-enxerto TSKC [tangerineira ‘Sunki’ comum *C. sunki* (Havata) hort. ex Tanaka] x CTSW [citrumelo ‘Swingle’ *C. paradisi* Macfad. x *Poncirus trifoliata* (L.) Raf.] - 033. O experimento foi instalado em março de 2015 no Sítio Confiança, Município de Capitão Poço. Os dados foram tratados por meio de estatística descritiva e teste de normalidade a 5% de probabilidade de erro, mediante teste de Shapiro Wilk, com 115 parcelas (plantas) experimentais. O experimento é irrigado e compõe um consórcio com outras espécies fruteiras: maracujá, açaí e mamão. As avaliações foram realizadas aos 12 e 18 meses

após o plantio, considerando as variáveis altura da planta (AP), diâmetro do caule abaixo e acima do enxerto (DCAb) e (DCAc), número de brotos (NB) e vigor das plantas (Vi), o qual foi mensurado a partir do padrão de qualidade das folhas, onde: nota 1 = plantas de baixo vigor, 2 = plantas com vigor intermediário e 3 = plantas vigorosas. Para a maioria das variáveis houve normalidade entre os dados. Aos 12 meses a AP e DCAc apresentaram normalidade pelo teste de Shapiro Wilk e aos 18 meses as variáveis AP, DCAc e DCAb pelos testes de Kolmogorov-Smirnov e Shapiro Wilk, respectivamente. Ou seja, o crescimento e desenvolvimento vegetativo das plantas estão se dando de forma bastante homogênea. Número de brotos (3,66 e 3,68) e vigor (2,85 e 2,12) aos 12 e 18 meses, respectivamente, foram às únicas variáveis que não apresentaram distribuição normal em ambos os meses de avaliação. Quanto ao arranjo de copa, está se dando de forma irregular no pomar.

Em relação à média dos dados, aos 12 e 18 meses, observa-se que se encontram dentro do esperado em um experimento sob irrigação, considerando que para AP (134,43 e 159,04 cm), DCAb (40,43 e 49,18 mm) e DCAc (34,05 e 39,45 mm) a distribuição se dá de forma padronizada, o que pode estar associado à sua normalidade, expressa nos dados. A variabilidade espacial de um pomar é importante para sua caracterização e para o gerenciamento adequado do sistema produtivo, especialmente pelo fato de a citricultura tratar-se de atividade de grande interesse econômico nacional. Logo, a caracterização de pomares pode favorecer o pleno desenvolvimento destes, resultando em ganhos significativos de produtividade.

**Palavras-chave:** *Citrus latifolia*; porta-enxerto híbrido; variabilidade; variáveis.

**Agradecimentos:** Ao Sítio Confiança pelo suporte à pesquisa.



Foto: Ricardo Sayd

## BIOTECNOLOGIA (MENÇÃO HONROSA)

Desenvolvimento de Marcadores Microsatélites por Meio do Sequenciamento Parcial do Genoma de Maracujá-Azedo (*Passiflora Edulis Sims*) e Transferibilidade para 78 Espécies do Gênero *Passiflora*Susan Araya<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>; Alexandre M. Martins<sup>3</sup>; Ana Maria Costa<sup>2</sup>; Márcio Elias Ferreira<sup>3</sup><sup>1</sup>Universidade de Brasília, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: susan\_araya@hotmail.com;<sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil

O gênero *Passiflora* compreende centenas de espécies silvestres e cultivadas de maracujá utilizadas na alimentação, na indústria, na medicina e também como plantas ornamentais. Marcadores microsatélites em espécies do gênero *Passiflora* são, geralmente, limitados em número, apresentando reduzido polimorfismo, onde a maioria estão baseados em repetições nucleotídicas compostas ou imperfeitas. Nessa pesquisa, é descrito o uso do sequenciamento de nova geração (NGS) para a montagem parcial do genoma de *P. edulis* com o intuito de desenvolver centenas de novos marcadores microsatélites para diferentes espécies do gênero *Passiflora*. Um total de 14,11 Mpb de *reads* de sequências *paired-end* de Illumina foram analisadas para detectar sequências simples repetidas (SSR) que foram selecionadas para o

desenvolvimento de combinações de *primers* para PCR. Os painéis para os marcadores di e tri-nucleotídeos foram testados em acessos do germoplasma de *P. edulis* para a sua validação. Polimorfismo foi detectado em 74% dos marcadores (PIC = 0,16 a 0,77; número de alelos/loco = 2 a 7). Os marcadores mais polimórficos (PIC = 0,46 a 0,77) foram usados em análises de transferibilidade para 78 espécies de *Passiflora* (incluindo *P. edulis*), pertencentes a quatro subgêneros (*Astrophea*, *Decaloba*, *Distephana* e *Passiflora*). Aproximadamente 71% da combinação marcador/espécie foram positivos para a amplificação em todas as espécies testadas. Polimorfismo foi detectado nos acessos de seis espécies de *Passiflora* relacionadas entre si (*P. edulis*, *P. alata*, *P. maliformis*, *P. nitida*, *P. quadrangularis* e *P. setacea*), e os dados foram usados para a diferenciação

entre acessos e espécies. O novo conjunto de marcadores microsatélites está pronto para seu uso em análises de polimorfismo de 79 espécies do gênero *Passiflora*.

**Palavras-chave:** NGS; genômica; maracujazeiro; recursos genéticos; melhoramento.

**Apoio:** CAPES; CNPq.

## Otimização da Regeneração In Vitro de Cultivares Brasileiras de Alho Visando o Estabelecimento de Sistemas de Transformação Genética

Danielle Camargo Scotton<sup>1,4</sup>; Luís Carlos da Silva Galhardo<sup>1</sup>; Flávio José Pagnan<sup>1</sup>; Leonardo Silva Boiteux<sup>2</sup>; Raysa Gevartosky<sup>3</sup>; Mayara Diehl Rodrigues<sup>3</sup>; Augusto Tulmann-Neto<sup>4</sup>; Antonio Figueira<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Agrocinco, Monte Mor-SP-Brasil, e-mail: daniscotton@yahoo.com.br; <sup>2</sup>Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil; <sup>3</sup>ESALQ/USP, Piracicaba-SP-Brasil; <sup>4</sup>CENA/USP, Piracicaba-SP-Brasil, CEP: 13.400-970

Duas espécies do gênero *Allium*, o alho e a cebola, ocupam posição de destaque na agricultura. O alho (*A. sativum* L.) é propagado vegetativamente, uma vez que a quase totalidade do germoplasma da espécie não floresce nas condições padrões de cultivo. O melhoramento genético depende de métodos que gerem variabilidade genética, como indução de mutações, fusão de protoplastos e transformação genética. Para aplicá-los é necessária a regeneração eficiente de plantas *in vitro*. O objetivo deste trabalho foi otimizar protocolos de regeneração *in vitro* de cultivares comerciais de alho, para permitir a transformação genética de calos provenientes de segmentos radiculares, mediada por *A. tumefaciens*, visando a introdução de genes de interesse para o melhoramento da cultura. Bulbilhos de oito cultivares comerciais brasileiras (Caçador, Jonas, Chonan, Ito, São Valentin, NIIN, Pérola

e Quitéria) foram introduzidos em meio MS básico e incubados em sala de luz. Após 30 dias, as raízes foram cortadas em segmentos de 1 cm e transferidas para diversos meios de indução de calos constituído de meio básico MS acrescido 30 g L<sup>-1</sup> de sacarose diferindo em hormônios e concentrações, sendo eles: C1 (2,26 µM 2,4-D + 2,46 µM IBA), C2 (4,50 µM 2,4-D + 0,49 µM 2iP), C3 (4,50 µM 2,4-D + 1,14 µM IAA), C4 (2,26 µM 2,4-D + 5,37 µM NAA), C5 (2,26 µM 2,4-D + 2,68 µM NAA) e C6 (0,5 µM 2iP + 20,7 µM Picloran). Culturas foram mantidas por 60 dias no escuro a 27°C, sendo transferidas para meio novo após 30 dias. Os calos obtidos foram transferidos para frascos contendo meio de regeneração constituído de meio MS com 8,8 µM BAP e 0,1 µM NAA. As culturas foram mantidas em sala de luz por cinco meses. Os brotos gerados foram individualizados em tubos de ensaio, aclimatados e transferidos para casa

de vegetação. O melhor meio de calogênese para as cultivares Chonan, Jonas, Pérola e São Valentin foi o C4; o C5 para Caçador, Ito e NIIN, e C6 para Quitéria. As cultivares Caçador, Ito, NIIN e Pérola foram as que mais produziram brotos e, portanto, com maior porcentagem de regeneração. Um total de 52 plantas de todas cultivares foram aclimatadas. A identificação de protocolos otimizados de regeneração de plantas das cultivares brasileiras de alho é uma importante etapa visando o estabelecimento de eficientes sistemas de transformação genética via *A. tumefaciens*.

**Palavras-chave:** *Allium sativum*; bulbilhos de alho; calogênese; organogênese indireta.

**Apoio financeiro:** CNPq; Agrocinco.



## Calogênese de Segmentos Foliares de Plantas In Vitro de *Syagrus Oleracea* (Mart.) Becc. Visando a Embriogênese Somática

Inaê Mariê de Araújo Silva<sup>1,4</sup>; Zanderluce Gomes Luis<sup>2</sup>; Anderson Marcos de Souza<sup>3</sup>; Jonny Everson Scherwinski-Pereira<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Universidade de Brasília, Departamento de Engenharia Florestal, Brasília-DF, Brasil, e-mail: inaemarie@hotmail.com;

<sup>2</sup> Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará, Marabá-PA, Brasil; <sup>3</sup> Universidade de Brasília, Departamento de Engenharia Florestal, Brasília-DF, Brasil;

<sup>4</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Prédio da Biotecnologia, Laboratório de Cultura de Tecidos II, Brasília-DF, Brasil.

*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. (gueroba) é uma palmeira nativa da região Leste e Central do Brasil, com notável potencial alimentício. Dado o processo germinativo baixo e irregular das suas sementes, além da heterogeneidade genética resultante, a embriogênese somática surge como uma alternativa para propagação dessa espécie. Assim, objetivou-se desenvolver um protocolo para indução de calos, a partir de segmentos foliares de plantas provenientes da germinação *in vitro* de embriões zigóticos de gueroba, visando subsidiar a embriogênese somática futura. Foram utilizadas 40 plantas (20 plantas clorofiladas – incubadas sob disponibilidade de luz e 20 plantas aclorofiladas – incubadas sem disponibilidade de luz), com pelo menos 5 cm de altura, as quais tiveram as raízes e cotilédones removidos. A parte aérea, contendo o meristema apical e bainha foliar, foi seccionada transversalmente em segmentos com comprimento variando entre

1 e 2 mm. Padronizou-se 15 segmentos/planta, partindo da região meristemática. Os segmentos foram inoculados em meio basal Y3 e a fonte de ferro e vitaminas foi mantida conforme a concentração original do meio de MS. O meio foi suplementado com 0,5 g.L<sup>-1</sup> de glutamina, 2,5 g.L<sup>-1</sup> de carvão e auxinas Picloram e 2,4-D (450 µM). Os subcultivos foram realizados mensalmente e a percentagem de explantes com formação de calo primário foi determinada após 180 dias. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2 (plantas fornecedoras dos explantes previamente incubadas em luz e em escuro) x 3 (Picloram, 2,4-D e ausência de auxina). Aos 30 dias, calos primários foram verificados nas bainhas internas e externas em todos os tratamentos sob efeito de auxina e, aos 60 dias, verificou-se o desenvolvimento do explante meristemático com emissão de parte aérea em 58,3% dos propágulos sob 2,4-D. Quanto

à percentagem de calo primário após 180 dias de indução, a interação entre os fatores testados não foi significativa. As auxinas foram igualmente eficientes para a formação de calos e, de maneira geral, a região meristemática e as regiões mais basais (cinco primeiros explantes) exibiram notadamente maior produção de calos primários em comparação às demais regiões. Também não foram verificadas diferenças na percentagem de formação de calos entre os regimes de incubação (luz e escuro) previamente adotados. Os tratamentos desprovidos de auxina exibiram alta percentagem de oxidação e de emissão de parte aérea a partir do explante meristemático. De forma geral, Picloram e 2,4-D foram eficientes na formação de calos primários a partir de segmentos foliares de plantas *in vitro* de gueroba.

**Palavras-chave:** Calos; Picloram; 2,4-D; Gueroba.



**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES POR MEIO DO SEQUENCIAMENTO PARCIAL DO GENOMA DE MARACUJÁ-AZEDO (*Passiflora edulis* Sims) E TRANSFERIBILIDADE PARA 11 ESPÉCIES DO GÊNERO *Passiflora***

Bruna Alves<sup>1</sup>, Fábio D. Farias<sup>1</sup>, Nelson F. V. Gonçalves<sup>2</sup>, Alexandre M. Murtola<sup>3</sup>, Ana Maria Canal<sup>4</sup> e Maria L. Ferraz<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade de Brasília, <sup>2</sup> Universidade Federal do Rio de Janeiro, <sup>3</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, <sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa

**Introdução:** O conhecimento do genoma de espécies de interesse econômico é fundamental para a identificação de genes envolvidos em características importantes para a produção e melhoramento genético. O sequenciamento de regiões específicas do genoma pode ser utilizado para a identificação de marcadores microsatélites (SSR) que são amplamente utilizados em estudos de diversidade genética, parentesco e mapeamento genético.

**Objetivos:** O objetivo deste trabalho foi desenvolver marcadores microsatélites por meio do sequenciamento parcial do genoma de maracujá-azedo e avaliar sua transferibilidade para 11 espécies do gênero *Passiflora*.

**Material e Métodos:** O DNA de maracujá-azedo e das 11 espécies de *Passiflora* foi extraído e submetido a uma reação de PCR com primers específicos para a identificação de regiões contendo repetições de nucleotídeos curtos. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel e a análise dos produtos foi realizada por meio de sequenciamento de Sanger.

**Resultados e Discussão:** Foram identificados 11 marcadores microsatélites em maracujá-azedo e em 10 das 11 espécies de *Passiflora*. Os marcadores foram caracterizados quanto ao tamanho das repetições, número de alelos e distribuição de frequência. Os resultados indicam que os marcadores desenvolvidos são altamente polimórficos e transferíveis para as espécies estudadas.

**Conclusão:** Os marcadores microsatélites desenvolvidos são adequados para estudos de diversidade genética e parentesco em espécies do gênero *Passiflora*.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, diversidade genética, parentesco, mapeamento genético.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA E VARIABILIDADE NAS CULTIVARES DE MARACUJÁ-AZEDO (GÊNERO *Passiflora*)**

BRUNO A. SILVA<sup>1</sup>, FÁBIO D. FARIAS<sup>1</sup>, NELSON F. V. GONÇALVES<sup>2</sup>, ALEXANDRE M. MURTOLO<sup>3</sup>, ANA MARIA CANAL<sup>4</sup> E MARIA L. FERRAZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade de Brasília, <sup>2</sup> Universidade Federal do Rio de Janeiro, <sup>3</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, <sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa

**Resumo:** O conhecimento da diversidade genética e da variabilidade das cultivares de maracujá-azedo é fundamental para o melhoramento genético. Este trabalho teve como objetivo analisar a diversidade genética e a variabilidade das cultivares de maracujá-azedo utilizando marcadores microsatélites (SSR) desenvolvidos anteriormente.

**Material e Métodos:** O DNA de 15 cultivares de maracujá-azedo foi extraído e submetido a uma reação de PCR com primers específicos para a identificação de regiões contendo repetições de nucleotídeos curtos. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel e a análise dos produtos foi realizada por meio de sequenciamento de Sanger.

**Resultados e Discussão:** Foram identificados 11 marcadores microsatélites em maracujá-azedo e em 10 das 11 espécies de *Passiflora*. Os marcadores foram caracterizados quanto ao tamanho das repetições, número de alelos e distribuição de frequência. Os resultados indicam que os marcadores desenvolvidos são altamente polimórficos e transferíveis para as espécies estudadas.

**Conclusão:** Os marcadores microsatélites desenvolvidos são adequados para estudos de diversidade genética e parentesco em espécies do gênero *Passiflora*.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, diversidade genética, parentesco, mapeamento genético.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA E VARIABILIDADE NAS CULTIVARES DE MARACUJÁ-AZEDO (GÊNERO *Passiflora*)**

BRUNO A. SILVA<sup>1</sup>, FÁBIO D. FARIAS<sup>1</sup>, NELSON F. V. GONÇALVES<sup>2</sup>, ALEXANDRE M. MURTOLO<sup>3</sup>, ANA MARIA CANAL<sup>4</sup> E MARIA L. FERRAZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade de Brasília, <sup>2</sup> Universidade Federal do Rio de Janeiro, <sup>3</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, <sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa

**Resumo:** O conhecimento da diversidade genética e da variabilidade das cultivares de maracujá-azedo é fundamental para o melhoramento genético. Este trabalho teve como objetivo analisar a diversidade genética e a variabilidade das cultivares de maracujá-azedo utilizando marcadores microsatélites (SSR) desenvolvidos anteriormente.

**Material e Métodos:** O DNA de 15 cultivares de maracujá-azedo foi extraído e submetido a uma reação de PCR com primers específicos para a identificação de regiões contendo repetições de nucleotídeos curtos. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel e a análise dos produtos foi realizada por meio de sequenciamento de Sanger.

**Resultados e Discussão:** Foram identificados 11 marcadores microsatélites em maracujá-azedo e em 10 das 11 espécies de *Passiflora*. Os marcadores foram caracterizados quanto ao tamanho das repetições, número de alelos e distribuição de frequência. Os resultados indicam que os marcadores desenvolvidos são altamente polimórficos e transferíveis para as espécies estudadas.

**Conclusão:** Os marcadores microsatélites desenvolvidos são adequados para estudos de diversidade genética e parentesco em espécies do gênero *Passiflora*.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, diversidade genética, parentesco, mapeamento genético.

**MELHORAMENTO DE PLANTAS**

**ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA E VARIABILIDADE NAS CULTIVARES DE MARACUJÁ-AZEDO (GÊNERO *Passiflora*)**

BRUNO A. SILVA<sup>1</sup>, FÁBIO D. FARIAS<sup>1</sup>, NELSON F. V. GONÇALVES<sup>2</sup>, ALEXANDRE M. MURTOLO<sup>3</sup>, ANA MARIA CANAL<sup>4</sup> E MARIA L. FERRAZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade de Brasília, <sup>2</sup> Universidade Federal do Rio de Janeiro, <sup>3</sup> Universidade Federal de Minas Gerais, <sup>4</sup> Universidade Federal de Viçosa

**Resumo:** O conhecimento da diversidade genética e da variabilidade das cultivares de maracujá-azedo é fundamental para o melhoramento genético. Este trabalho teve como objetivo analisar a diversidade genética e a variabilidade das cultivares de maracujá-azedo utilizando marcadores microsatélites (SSR) desenvolvidos anteriormente.

**Material e Métodos:** O DNA de 15 cultivares de maracujá-azedo foi extraído e submetido a uma reação de PCR com primers específicos para a identificação de regiões contendo repetições de nucleotídeos curtos. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel e a análise dos produtos foi realizada por meio de sequenciamento de Sanger.

**Resultados e Discussão:** Foram identificados 11 marcadores microsatélites em maracujá-azedo e em 10 das 11 espécies de *Passiflora*. Os marcadores foram caracterizados quanto ao tamanho das repetições, número de alelos e distribuição de frequência. Os resultados indicam que os marcadores desenvolvidos são altamente polimórficos e transferíveis para as espécies estudadas.

**Conclusão:** Os marcadores microsatélites desenvolvidos são adequados para estudos de diversidade genética e parentesco em espécies do gênero *Passiflora*.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, diversidade genética, parentesco, mapeamento genético.



## Diversidade Genética de Famílias Segregantes de Macaúba Avaliados no Quarto Ano de Desenvolvimento

Lucas Miguel Pereira<sup>1</sup>; Jussara Barbosa Leite<sup>2</sup>; Renato Domiciano Silva Rosado<sup>3</sup>;  
Tatiana Barbosa Rosado<sup>4</sup>; Bruno Galves Laviola<sup>5</sup>; Cosme Damião Cruz<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília, Campus Planaltina, Planaltina, Distrito Federal, Brasil – lucassmig@gmail.com.

<sup>2</sup>Universidade de Brasília, Campus Planaltina, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Pos Doc em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa – MG, bolsista PDJ/CNPq;

<sup>4</sup>Professor adjunto UNB/Brasília – DF, bolsista PQ/CNPq; <sup>5</sup>Pesquisador Embrapa Agroenergia, Brasília/DF;

<sup>6</sup>Professor titular do Departamento de Biologia Geral/Laboratório de Bioinformática, UFV/Viçosa – MG, bolsista PQ/CNPq

A macaúba (*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. ex Mart.) é um recurso da biodiversidade brasileira com formação vegetal variada, podendo ser encontrada nos biomas do Cerrado e Pantanal (MIRISOLA FILHO, 2009). A busca pela variabilidade genética é de suma importância para se iniciar um programa de melhoramento da espécie e para tanto torna-se necessário estimar os parâmetros genéticos bem como mensurar a sua diversidade genética. (GOMES JUNIOR et al., 2014). Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética no primeiro ano de produção em 15 famílias de meios-irmãos de macaúba. O experimento foi conduzido com 15 famílias de meios-irmãos de macaúba. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com cinco repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 5x5m. As seguintes características morfológicas

foram avaliadas nos anos agrícolas 2012, 2013, 2014 e 2015: altura da planta (em m) e projeção da copa na linha. Foram estimados os componentes de variância e realizados os testes de hipóteses considerando na natureza do modelo o genótipo como fixo e anos como aleatório. A análise de diversidade foi realizada por meio da distância euclidiana média padronizada com os métodos de agrupamento Tocher e de UPGMA. Verificou-se a existência de variabilidade genética para a característica altura de plantas de macaúba. A estimativa de herdabilidade para altura considerando análise conjunta de quatro anos foi de 54,30%. Observando as análises individuais para altura das plantas somente a partir do terceiro ano de desenvolvimento que as diferenças entre os tratamentos foram detectadas. Já para a variável projeção na copa na linha apenas a partir do quarto

ano que foram observadas diferenças significativas entre as progênies. Tudo indica que é possível selecionar progênies precoces através da variabilidade para velocidade de desenvolvimento e altura de palmeiras das progênies avaliadas. Genitores adequados à obtenção de cruzamentos com maior efeito heterótico devem envolver progênies que se encontram em diferentes grupos pelo método de agrupamento de otimização tocher e hierárquico UPGMA para que proporcionem maior segregação e recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos no programa de pré-melhoramento de macaúba.

**Palavras-chave:** Biodiesel; *Acrocomia aculeata*; melhoramento genético; melhoramento de plantas.

**Apoio:** FINEP; FAPDF.



## Avaliação de Linhagens do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas da UFG

Luma Mariano Cascão<sup>1</sup>; Anderson Gomes da Silva<sup>2</sup>; Lorena Lopes Sousa<sup>3</sup>; Patrícia Guimarães Santos Melo<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Acadêmica da Escola de Agronomia/UFG;Goiânia-GO, Brasil, e-mail: lumamarianoagr@hotmail.com; <sup>2</sup>Acadêmico da Escola de Agronomia/UFG, Goiânia-GO, Brasil; <sup>3</sup>Pós-Doutoranda da Escola de Agronomia/UFG, Goiânia-GO, Brasil; <sup>4</sup>Docente Escola de Agronomia/UFG;Goiânia-GO, Brasil

O arroz de terras altas é uma cultura explorada por pequenos e médios produtores que utilizam diferentes sistemas de produção, muitas vezes com pouca tecnologia, necessitando de materiais resistentes a doença, boa produtividade de grãos, mais competitivos com plantas daninhas e mais eficientes na utilização de nutrientes do solo. Para atender essa demanda a parceria entre a Universidade Federal de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão e Emater-GO, desde 2003, visa atender esta demanda. A cultivar BRSGO Serra Dourada é um produto do programa, que continua atuando em busca de novos materiais. O programa é constituído por um Viveiro de Seleção de Progênie (VSP), Ensaio de Observação de Linhagens (EOL) e Preliminar (EP) e Ensaio de Valor de Cultivo e Uso, em que um alimenta o outro respectivamente, selecionando linhagens que atendam os objetivos como maior produtividade, resistência a doenças e

qualidade de grãos. O programa inicia com as populações cedidas pela Embrapa Arroz e Feijão. Na safra de 2015-2016 os ensaios VSP e EOL e EP foram conduzidos na Escola de Agronomia da UFG, as avaliações nos dois primeiros foram estritamente visuais analisando qualidade de grãos, sanidade, tamanho e número de panículas, precocidade e altura de planta. O EP constituiu de 13 linhagens e duas cultivares (BRS Sertaneja e BRS GO Serra Dourada) utilizando delineamento em blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados florescimento (dia), altura de plantas (cm), massa de 100 grãos (g), porcentagem de grãos inteiros e quebrados e produtividade de grãos (kg/ha). Não houve ocorrência de doenças na área, impossibilitando realizar esta avaliação. Foram selecionadas neste ensaio quatro linhagens que irão compor os ensaios de VCU da safra seguinte. O ensaio de VCU foi realizado em três locais: Goiânia, Rio Verde

e Santo Antonio de Goiás. Dez linhagens e duas cultivares compuseram este ensaio em que avaliou-se altura de plantas, dias de florescimento e produtividade de grãos. Outros caracteres foram analisados em locais específicos, como reação a doenças em Santo Antônio. Os resultados mostraram que houve diferenças significativas entre as linhagens para os três caracteres avaliados na análise conjunta, bem como entre os ambientes e presença da interação de genótipos com ambientes. Com relação a reação a doenças, apenas para brusone houve diferenças entre as linhagens, sendo possível identificar três linhagens com reação de resistência. As linhagens selecionadas foram CSD 09001 e CSD 09009, pois apresentaram altura semelhante as testemunhas, precocidade e resistência à brusone.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa*; avaliação; seleção; linhagens; agricultura familiar.

## Diversidade Genética de Genótipos de Maracujazeiro Azedo Selecionados no Distrito Federal

Taislene Butarello Rodrigues de Moraes<sup>1</sup>; Angélica Vieira Sousa Campos<sup>1</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>1</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: taislene@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil

Os programas de melhoramento genético de maracujá-azedo visam desenvolver genótipos com alto desempenho agrônomo e tolerante as principais pragas e doenças. Métodos como seleção massal e seleção recorrente têm sido efetivamente empregados no melhoramento da cultura. Entretanto, o sucesso destes programas está em manter a variabilidade genética das populações e identificar e selecionar indivíduos potencialmente interessantes. Um dos meios de se detectar a variabilidade genética e, conseqüentemente, auxiliar os programas de melhoramento, tornando a seleção mais efetiva, é utilizando marcadores de DNA, como o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a distância genética molecular entre 24 genótipos de maracujazeiro-azedo, previamente selecionados para as principais características agrônômicas: produtividade. ha<sup>-1</sup>, número total de frutos.ha<sup>-1</sup>, massa média total de frutos, classificação dos frutos quanto ao diâmetro equatorial em três categorias

(quantidade de frutos, produtividade e massa média em cada classificação) e resistência às principais doenças fúngicas causadas por *Septoria passiflorae*, *Cladosporium herbarum*, *Colletotrichum gloeosporioides*, bacteriana causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* e virótica causada por *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, no Distrito Federal, a fim de identificar as melhores combinações e manter a variabilidade genética dentro dos sucessivos ciclos de seleção recorrente do programa de melhoramento da UnB. Para tanto, foram utilizados oito iniciadores RAPD e os locos gerados foram convertidos em uma matriz de dados binários, a partir da qual foram obtidas as estimativas de similaridade genética, empregando-se o coeficiente de similaridade de Nei e Li, utilizando-se o Programa Genes. Com base na matriz de similaridade foi realizado o agrupamento dos genótipos utilizando o método UPGMA. As amplificações do DNA dos 24 genótipos de maracujá-azedo permitiram a obtenção de 54 locos RAPD, dos quais 87,04% foram

polimórficos, evidenciando alta variabilidade genética entre os materiais, o que pode ser explicado devido a fatores como alopoliploidia e ao sistema de autoincompatibilidade característicos da cultura. Os genótipos estudados foram subdivididos em pelo menos seis grupos, onde a maior dissimilaridade (0,451) foi observada entre os materiais ROSA INTENSO3 e AP01, sugerindo que quando cruzados expressem alta variabilidade genética. A amplitude da dissimilaridade genética observada entre os genótipos (0,043 a 0,451) caracteriza a expressiva diversidade existente entre eles, os quais podem ser considerados na continuidade dos ciclos de seleção e recombinação no programa de melhoramento da UnB.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; melhoramento; variabilidade genética; RAPD.

**Apoio:** Embrapa Cerrados.

**Agradecimentos:** FUB; CNPq; CAPES.

abilidade genética,  
amentos e mercado

FAV/UnB **Embrapa** MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA  
E ABASTECIMENTO



Apoio

SBMP

FUNDAÇÃO BA

ABRASEM

PLANT

idade gen

ntas e mer

Foto: Alexandre Moreira Veloso



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS (MENÇÃO HONROSA)

## Estimativa de Parâmetros Genéticos em Cultivares de Girassol Avaliados em Safrinha no Distrito Federal

Gabriel Emiliano Pereira<sup>1</sup>; Taislene Butarello Rodrigues de Moraes<sup>1</sup>; Renato Fernando Amabile<sup>2</sup>; Claudio Guilherme Portela de Carvalho<sup>3</sup><sup>1</sup>Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: gb.emiliano28@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Pesquisa e Desenvolvimento, Agronomia, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Soja, Pesquisa e Desenvolvimento, Agronomia, Londrina, Paraná, Brasil

Altamente adaptada a diferentes condições edafoclimáticas a cultura do girassol (*Helianthus annuus* L.) é uma excelente opção de cultivo em safrinha para a região do Cerrado. A obtenção de genótipos com maior ganho no rendimento de grãos é um dos objetivos do melhoramento genético. Porém, a seleção de genótipos com alto desempenho agrônomo requer o uso de ferramentas mais precisas, baseada nas estimativas de parâmetros genéticos para observar a variabilidade genética da população e com base no conhecimento das correlações genéticas existentes entre os caracteres de interesse, fornecer informações ao melhorista de modo a auxiliar na seleção indireta para caracteres principais. Neste contexto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos, coeficiente de regressão e correlações entre caracteres de interesse agrônomo em cultivares de girassol, visando selecionar caracteres para uso no melhoramento da cultura para as condições do Cerrado do Distrito Federal. Seis genótipos de girassol

foram analisados em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições no ano agrícola de 2016. Os caracteres avaliados foram: rendimento (REND), data da floração inicial (DFI), tamanho do capítulo (TC), peso de mil aquênios (PMA) e altura de planta (AP). As análises foram realizadas com o auxílio do software GENES (2013). Detectou-se a presença de variabilidade genética entre os genótipos para todos os caracteres agrônomo avaliados, indicando boas perspectivas de ganhos com a seleção. A estimativa do coeficiente de variação genética apresentou uma amplitude de variação de 5,77% a 13,50%, para os caracteres PMA e AP, respectivamente. De modo geral, os valores de CVg/CVe obtidos foram altos acima de 1 para todos os caracteres avaliados, com exceção de DFI (0,74), evidenciando condições favoráveis para seleção das características de maior interesse agrônomo. Altos valores para coeficiente de herdabilidade no sentido amplo foram detectados para os diferentes caracteres, variando de 0,99

a 0,69 para AP e DFI, respectivamente, confirmando o grande potencial de seleção. As correlações fenotípicas e ambientais foram inferiores as suas correspondentes correlações genotípicas, evidenciando maior contribuição dos fatores genéticos. Constatou-se associação genotípica positiva, alta e significativa para REND e TC (0,854), coeficiente de regressão linear de 127,72 e que 64,2% da variação no rendimento de grãos das plantas de girassol podem ser explicados pela variação no tamanho do capítulo. Conclui-se que a população apresenta potencial para melhoramento para todos os caracteres, e a seleção indireta baseada no caráter tamanho do capítulo pode ser usada para aumentar o ganho em rendimento de grãos na cultura do girassol.

**Palavras-chave:** *Helianthus annuus* L.; rendimento de grãos; correlações genéticas; variabilidade genética; cerrado.

**Apoio:** Universidade de Brasília; Embrapa Cerrado; Embrapa Soja.

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS

## Relação entre a Fixação Biológica de Nitrogênio e Rendimento de Grãos no Processo de Seleção de Linhagens de Soja

Anna Karolina Grunvald<sup>1</sup>; João Antônio Pissinati Pelaquim<sup>2</sup>; Antônio Eduardo Pípolo<sup>3</sup>; Marco Antonio Nogueira<sup>3</sup>; Mariangela Hungria<sup>3</sup>

<sup>1</sup>CNPq – Pós-doutorado Júnior, Departamento Biotecnologia de Solos, Londrina, Paraná, Brasil, e-mail: annakgrunvald@gmail.com;

<sup>2</sup>Universidade Norte do Paraná, Departamento Agronomia, Londrina, Paraná, Brasil;

<sup>3</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Soja, Biotecnologia de Solos, Londrina, Paraná, Brasil

A soja (*Glycine max* L.) é uma cultura que possui alta produtividade de grãos com características desejáveis para a alimentação animal e humana. Além disso, é uma leguminosa capaz de fixar o nitrogênio por meio da fixação biológica. No entanto, os caracteres relacionados à fixação biológica do nitrogênio (FBN) em geral não são considerados nos programas de melhoramento genético. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a relação entre a FBN e o rendimento de grãos durante o processo de seleção de linhagens de soja. Foram avaliadas 29 linhagens provenientes do cruzamento entre um genótipo com alto potencial produtivo (BRS284) e a PI 471938, que mantém a FBN em condições de seca. As linhagens foram obtidas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Soja. Ao todo foram avaliados 31 genótipos, incluindo os parentais, na safra

2015/2016, em delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições. Na semeadura, as sementes foram inoculadas com uma mistura das estirpes de *Bradyrhizobium japonicum* SEMIA 5079 e de *Bradyrhizobium diazoefficiens* SEMIA 5080, ambas contendo  $1 \times 10^9$  células viáveis mL<sup>-1</sup>. No início do florescimento, cinco plantas de cada repetição foram coletadas para avaliação do número de nódulos (NN, n<sup>o</sup> planta<sup>-1</sup>), massa de nódulos seco (MNS mg planta<sup>-1</sup>), número específico de nódulos (MNS/NN mg n<sup>o</sup><sup>-1</sup>) e massa da parte aérea seca (MPAS g planta<sup>-1</sup>). Diferenças significativas foram observadas para o rendimento de grãos e para os caracteres da FBN, exceto para MNS/NN. O NN variou de 98,5 a 38,6, com uma média geral de 61,8. A MSN variou de 265 a 155 (média geral = 208) e a MPAS de 7,03 a 3,54 (média geral = 5,12). A média geral para rendimento de grãos foi de 3628 kg ha<sup>-1</sup>, variando entre

4585 e 2580 kg ha<sup>-1</sup>. A linhagem BR12-11023 apresentou o maior rendimento de grãos e, também, apresentou o maior NN e MNS. As demais linhagens que tiveram um bom desempenho produtivo apresentaram valores elevados para NN ou MNS. A parental PI 471938 apresentou o menor rendimento de grãos e, também, valores baixos de NN e MNS. Com base nos resultados obtidos, foi possível observar que houve uma relação entre os caracteres da FBN e a produtividade de grãos. Sendo assim, esses caracteres podem ser melhor explorados durante o processo de seleção do programa de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Glycine max* L.; simbiose; *Bradyrhizobium*; melhoramento genético.

**Apoio:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS

## Parâmetros Genéticos e Caracterização Morfoagronômica de Genótipos de Girassol no Cerrado do Distrito Federal

Carlos Henrique Patriota Moura<sup>1</sup>; Ana Paula Leite Montalvão<sup>2</sup>; Renato Fernando Amabile<sup>3</sup>; Ricardo Meneses Sayd<sup>4</sup>; Pedro Ivo Aquino Leite Sala<sup>4</sup>; Felipe Augusto Alves Brige<sup>3</sup>; Cláudio Guilherme Portela de Carvalho<sup>5</sup>

<sup>1</sup>União Pioneira de Integração Social, Campus 2, Agronomia, Planaltina, Distrito Federal, Brasil, carlospatriotamoura@gmail.com; <sup>2</sup>Estudante de mestrado da University of Göttingen, Faculty of Agricultural Sciences, Crop Protection, Göttingen, Lower Saxony, Germany; <sup>3</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>4</sup>Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil; <sup>5</sup>Embrapa Soja, Londrina, Paraná, Brasil

O girassol (*Helianthus annuus* L.) possui grande potencial para se estabelecer em sistemas de produção diversificados devido à sua adaptabilidade, alta tolerância à seca, alto rendimento de grãos e seu óleo ser de excelente qualidade industrial e nutricional. Nesse contexto, é fundamental a identificação e caracterização de genótipos para atender as exigências dos diversos sistemas de produção do Cerrado e consolidá-lo como opção econômica para este bioma. O objetivo do trabalho foi avaliar e caracterizar genótipos de girassol em três ambientes no Cerrado. Os ensaios foram conduzidos em delineamento de Blocos ao Acaso com quatro repetições, na Embrapa Cerrados, na Embrapa Produtos e Mercado e na UnB (Fazenda Água Limpa). Foram avaliados 12 genótipos e analisadas as características:

rendimento de grãos (kg ha<sup>-1</sup>), tamanho do capítulo (cm), peso de mil aquênios (g), altura de plantas (cm) e dias para floração inicial (DFI). Os dados foram submetidos à análise de variância, as médias agrupadas pelo teste Scott-Knott e foram estimadas as variâncias genotípica, fenotípica e ambiental. A verificação da variabilidade genética foi feita pela Análise de Componentes Principais com os dados padronizados. Os coeficientes das componentes principais foram obtidos pelos autovalores da matriz de correlação entre as medidas das variáveis morfoagronômicas. Os altos valores de herdabilidade, coeficiente de variação genético e acurácia demonstraram condições favoráveis à seleção, com exceção para a característica tamanho do capítulo. Na análise multivariada, o peso de mil aquênios, dias para floração inicial e altura compõem o

primeiro componente em todos os ambientes. Houve uma tendência de agrupamento dos genótipos da Embrapa BRS G43, BRS G44, BRS G45 e BRS G46, que possuem os mesmos parentais. Foi possível indicar o descarte da variável DFI em futuras análises deste grupo de genótipos no Cerrado.

**Termos para indexação:** *Helianthus annuus* L.; recursos genéticos; análise de componentes principais; melhoramento vegetal.



## Recomendação Regionalizada de Cultivares Baseada em Mapas de Adaptação Genotípica

Germano Martins Ferreira Costa Neto<sup>1</sup>; Adriano Pereira de Castro<sup>2</sup>; Alexandre Bryan Heinemann<sup>3</sup>; João Batista Duarte<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, Goiás, Brasil, e-mail: germano.cneto@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Arroz e Feijão, Melhoramento Genético de Arroz, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Arroz e Feijão, Agrofisiologia, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil; <sup>4</sup>Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, Goiás, Brasil

Na fase final dos programas de melhoramento, a avaliação do valor de cultivo e uso (VCU) e a recomendação genotípica de novas cultivares depende, entre outros fatores, da qualidade experimental e da adequada modelagem da interação genótipo x ambiente (GA) para a região-alvo. Métodos para estudo de adaptabilidade e estabilidade, que suportam a tomada de decisão nesse processo, possuem baixa capacidade preditiva, representam diferentes conceitos de difícil interpretação ou são computacionalmente onerosos. Em razão disso, comumente melhoristas optam pela seleção de genótipos baseando-se apenas na média fenotípica do caráter prioritário, dispensando o uso de informações sobre a adaptação dos materiais. O uso de informações ambientais pode auxiliar na solução dessas limitações. O objetivo deste trabalho foi apresentar um método alternativo para estudo da interação GA, capaz de modelar a plasticidade fenotípica dos materiais na região-alvo usando covariáveis ambientais e uma

simples e intuitiva abordagem cartográfica. O procedimento consiste na decomposição da matriz de interações GA a partir de regressão fatorial e de covariáveis geográficas (latitude, longitude e altitude), modelando-a como:  $GA = Z + \text{resíduo}$ . Desse modo, esperam-se captar melhor os padrões de respostas genotípicas que explicam a soma de quadrados de GA. A partir disso, construímos o índice de adaptação genotípica resultante do valor genotípico acrescido das respostas específicas dos genótipos aos efeitos da covariáveis, ou seja:  $Ad = G + Z$ . Como Z é obtida por variáveis georeferenciadas, é possível construir mapas com boa resolução (8,8 km x 8,8 km) para a recomendação genotípica regionalizada. Para demonstração do método foram utilizados dados de dezoito ensaios VCU do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa Arroz e Feijão. Estes foram distribuídos em seis estados (MA, PI, MT, RO, TO e GO), em 2013, contendo cultivares testemunhas cuja plasticidade fenotípica já é conhecida pelos

melhoristas. A abordagem foi comparada ao método de Toler, dada a possibilidade de discriminar grupos genotípicos em: com alta resposta a condições favoráveis (grupo A); com adaptabilidade geral (grupo C); e aqueles indesejáveis para a região-alvo (grupo E). Tais resultados foram concordantes com os da abordagem gráfica proposta, indicando a capacidade de os mapas revelarem os materiais que capitalizam os efeitos da interação em estabilidade, adaptabilidade e média fenotípica. Ademais, a interpretação biológica da adaptação dos materiais possibilita identificar aqueles com sensibilidade particular aos efeitos de latitude, longitude e altitude. O método permite a recomendação regionalizada de modo simples, objetivo e intuitivo.

**Palavras-chave:** Adaptabilidade; estabilidade fenotípica; envirotyping.

**Apoio:** CAPES, Embrapa Arroz e Feijão

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS

## Variabilidade, Parâmetros Genéticos e Caracterização de Genótipos de Cevada Nua Sob Irrigação no Cerrado do Planalto Central

Pedro Ivo Aquino Leite Sala<sup>1</sup>; Carlos Henrique Patriota Moura<sup>2</sup>; Ricardo Meneses Sayd<sup>1</sup>; Renato Fernando Amabile<sup>3</sup>; Ana Paula Leite Montalvão<sup>4</sup>; Felipe Augusto Alves Brige<sup>1</sup>; Francisco Marcos dos Santos Delvico<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília, Campus Darcy Ribeiro, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF, Brasil, e-mail: pedroivo.sala@gmail.com; <sup>2</sup>União Pioneira de Integração Social, Campus 2, Agronomia, Planaltina, DF, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Cerrados, Departamento de Produção Vegetal, Planaltina, DF, Brasil; <sup>4</sup> Estudante de mestrado da University of Göttingen, Faculty of Agricultural Sciences, Crop Protection, Göttingen, Lower Saxony, Germany

A cevada nua (*Hordeum vulgare* L. Var. *nudum* Hook f.) é utilizada na alimentação animal e humana *in natura*. Esta espécie é um nicho para a indústria cervejeira por não apresentar a pálea e lema aderida a semente, o que promove uma maior quantidade de extrato para fabricação de cerveja. Apresenta grande adaptabilidade às condições edafoclimáticas e possui elevado potencial agronômico para sistemas de produção irrigado no Planalto Central. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética, parâmetros genéticos e caracterização de genótipos de cevada nua irrigada no Cerrado do Planalto Central. Conduziu-se o experimento na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, situada a 15°35'30" de latitude Sul e 47°42'30" de longitude Oeste, numa altitude de 1.007 m, sob irrigação. Foram avaliados 18 genótipos elite de cevada nua, hexástica e dística, provenientes da Coleção de Trabalho da Embrapa Cerrados, com origem em quatro diferentes continentes, adotando-se o delineamento experimental de Blocos ao

Acaso, com três repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância, as médias agrupadas pelo teste Scott-Knott. Foram estimadas as variâncias genotípica, fenotípica e ambiental. A variabilidade genética foi verificada pela Análise de Componentes Principais com as características: rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, peso de mil sementes, altura de plantas, acamamento e ciclo. Foram detectadas diferenças para todas as características observadas como rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, peso de mil sementes, altura de plantas, acamamento e ciclo. A acurácia seletiva foi considerada, alta acima de 87% para todos os caracteres. Os quatro primeiros componentes principais acumularam 88,4% da variância total. As variáveis classificação comercial de primeira e peso de mil semente estiveram mais correlacionadas com o primeiro componente principal, e com o segundo componente principal, ciclo e acamamento. O terceiro componente

principal está mais correlacionado com rendimento, as correlações genotípicas foram, para todos os caracteres, em valores absolutos, superiores às suas correspondentes correlações fenotípicas e ambientais. Houve grande contribuição dos fatores genéticos na expressão dos caracteres e que a expressão fenotípica é diminuída ante as influências do ambiente. A acurácia seletiva e a herdabilidade foram altas para todos os caracteres. A existência de variabilidade genética aponta a possibilidade de obterem-se ganhos genéticos com a seleção para todos os caracteres. Materiais genéticos promissores para as características agronômicas avaliadas foram identificados no trabalho, podendo ser explorados em blocos de cruzamentos em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L. Var. *nudum* Hook f., recursos genéticos, melhoramento genético, irrigado.







## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS

## Variabilidade Genética de Acessos de Cevada Nua sob Irrigação no Cerrado com Base em Caracteres Agronômicos

Renato Fernando Amabile<sup>1</sup>; Felipe Augusto Alves Brige<sup>1</sup>; Carlos Henrique Patriota Moura<sup>2</sup>; Ana Paula Leite Montalvão<sup>3</sup>; Pedro Ivo Aquino Leite Sala<sup>4</sup>; Ricardo Meneses Sayd<sup>4</sup>; Francisco dos Santos Delvico<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil, e-mail: renato.amabile@embrapa.br; <sup>2</sup>União Pioneira da Integração Social, *Campus 2*, Faculdade de Agronomia, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>University of Göttingen, Faculty of Agricultural Sciences, Crop Protection, Göttingen, Lower Saxony, Germany; <sup>4</sup>Universidade de Brasília, *Campus Darcy Ribeiro*, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

A cevada nua (*Hordeum vulgare* L. var. *nudum* Hook. f.) tem despertado grande interesse na indústria alimentícia devido suas propriedades físico-químicas relacionadas à saúde tais como alto teor de  $\beta$ -glucanas, alta porcentagem de proteína e grande quantidade de fibra dietética solúvel. Além disso, agrega valor ao seu produto uma vez que não apresenta a pálea e a lema aderidas à semente, o que promove maior rendimento de extrato de malte. A caracterização agronômica tem grande importância, pela necessidade de se conhecer a identidade de cada acesso através de uma série de dados que permitam estudar sua variabilidade genética. O objetivo deste trabalho foi verificar a variabilidade genética de 19 acessos de cevada nua utilizando caracteres agronômicos e de

qualidade. O experimento foi realizado na estação experimental da Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, situada a 15°35'30" de latitude Sul e 47°42'30" de longitude Oeste, em uma altitude de 1007 m, irrigado via pivô central. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. A análise de componentes principais (ACP) das variáveis gerou três componentes principais (CP) significativos que explicaram 31,77%, 21,66% e 18,30%, respectivamente. Os caracteres mais correlacionados com o primeiro CP foram peso de mil sementes, classificação comercial de primeira classe e teor de proteína, com o segundo CP foram grau de acamamento e altura de planta e com o terceiro CP foram ciclo de espigamento, peso hectolítrico e rendimento de grãos. Para o descarte de

variáveis redundantes adotou-se o critério de eliminação das variáveis com maior autovetor nos componentes com autovalores menores que 0,7, sendo elas, por ordem, teor de proteína, peso de mil sementes, classificação comercial de primeira classe e rendimento de grãos, para estudos relacionados à população em estudo.

**Palavras-chave:** *Hordeum vulgare* L.; diversidade genética; análise de componentes principais.

## Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos de Genótipos Elite de Cevada Irrigada no Cerrado em Diferentes Locais e Anos

Ricardo Meneses Sayd<sup>1</sup>; Carlos Henrique Patriota Moura<sup>2</sup>; Renato Fernando Amabile<sup>3</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>3</sup>; Ana Paula Leite Montalvão<sup>4</sup>; Pedro Ivo Aquino Leite Sala<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: ricardo\_sayd@hotmail.com;

<sup>2</sup>União Pioneira de Integração Social, Campus 2, Agronomia, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil;

<sup>4</sup>University of Göttingen, Faculty of Agricultural Sciences, Crop Protection, Göttingen, Lower Saxony, Germany

A cevada é um dos cereais cultivados mais adaptados a diferentes condições climáticas. A demanda por essa matéria prima é crescente no Brasil, que importa cerca de 70% da cevada consumida da Argentina e Uruguai. Com a intenção de tornar a cevada uma opção aos cultivos irrigados do Cerrado e tornar o Brasil autossuficiente em cevada, é essencial que se busque genótipos mais adaptados às condições do Cerrado. Neste trabalho, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e caracterizar 32 genótipos elite de cevada cervejeira, oriundos da coleção de trabalho da Embrapa Cerrados, em sistema de produção irrigado no Cerrado para a utilização em programas de melhoramento e disponibilizando genótipos mais adaptados. Os experimentos foram conduzidos em dois locais no Distrito Federal (Embrapa Cerrados e Embrapa Produtos e Mercado), entre maio e setembro dos anos de 2012, 2013, 2014 e 2015, totalizando 5 experimentos, utilizando

um delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliados oito caracteres agrônômicos quantitativos: rendimento de grãos, classificação comercial de primeira, segunda e terceira classe, peso de mil sementes, altura de plantas, acamamento e ciclo de espigamento. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância conjunta e as médias agrupadas entre si pelo teste de Scott-Knott. Foram detectadas diferenças entre os genótipos e a interação G x A foi significativa pelo teste F a 1% de probabilidade para todas as características avaliadas. Foi também verificado o efeito significativo de ambiente para rendimento de grãos, classificação comercial de primeira e segunda e PMS. Os genótipos que se destacaram positivamente, superando as testemunhas BRS180 e BRS 195, tanto em rendimento como em qualidade de grãos foram: MEX9001, MEX9016, MEX9080, MEX9092, MEX9113 e MEX9133. Eles

apresentaram rendimento de grãos acima de 7.180,00 kg ha<sup>-1</sup>, classificação comercial de primeira acima de 85% e acamamento de plantas abaixo de 16%. Parâmetros genéticos indicam que é possível obter altos ganhos de seleção devido aos altos valores de herdabilidade e baixos CVe. Existe a possibilidade de seleção de genótipos de cevada com alto rendimento (→7.100,0 kg ha<sup>-1</sup>) e ciclo de espigamento precoce (abaixo de 59 dias) simultaneamente, fator decisivo no processo de seleção de genótipos e desenvolvimento de novas cultivares com alta produtividade, qualidade e adaptadas ao sistema de produção irrigado no Cerrado.

**Palavras-chave:** Variabilidade genética; herdabilidade; recursos genéticos; melhoramento de plantas.

**Apoio:** CNPq; CAPES.

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES FORRAGEIRAS

## Near Infra-Red Spectroscopy as a Tool for Breeding High Quality Forage

Carlos Eduardo Lazarini da Fonseca<sup>\*</sup>; Allan Kardec Braga Ramos<sup>1</sup>; Marcelo Ayres Carvalho<sup>1</sup>; Marco Aurélio Caldas de Pinho Pessoa Filho<sup>1</sup>; Ana Carolina Costa Garcia<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Researchers, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, Brazil; <sup>2</sup> Trainee graduate in Agronomy from União Pioneira da Integração Social – UPIS, Planaltina, DF, Brazil;

<sup>\*</sup>Corresponding author: carlos.lazarini@embrapa.br.

Plant breeding is an explicitly cost-effective approach for increasing nutritional quality of forage crops. The main priority in breeding forages is to develop high biomass yield, high persistence, and disease/pest resistant cultivars. Selection for improved feed quality has been progressively implemented in different forage breeding programs worldwide. Significant increases in animal performance have arisen from relatively small increases in feed quality. Focuses have been on decreasing neutral detergent fiber (NDF) and increasing crude protein, digestibility, and neutral detergent soluble fiber (pectin). Although digestibility is not a trait of plants, since it is not regulated by plant genes, it is correlated with many other plant traits, such as decreased lignin or increased protein / soluble carbohydrates. Selection of superior

genotypes for quality traits is extremely expensive via wet lab reference methods. Thus, forage breeders depend greatly upon near-infrared reflectance spectroscopy (NIRS) for developing prediction equations and evaluating forage quality. NIRS comes up with faster and more reliable forage quality evaluations. As an example, Embrapa forage breeding program includes, since 2016, the first effort for breeding improved quality forage of *Andropogon gayanus* Kunth. Breeding objectives embrace increasing digestibility and pectin content, as well as decreasing NDF content. To do so, half-sib families from three populations will be characterized and genetic variability will be estimated for biomass yield and quality traits. Oven dried (55°C) whole-plant samples of all parents and half-sib progenies will be

grounded through a 1mm Willey mill. Spectra will be collected for all of them in a FOSS NIRS 5000. Ten percent of the samples will be evaluated via wet lab reference methods. Multiple least square regression equations will be developed based on both analysis, spectral and reference methods, to estimate quality traits, such as protein, NDF, ADF, lignin, *in vitro* digestibility and pectin of all samples. Superior parent genotypes will then be selected and crossed to develop synthetic populations with higher productivity and higher forage quality attributes.

**Key words:** Near infra-red reflectance spectroscopy; breeding for quality; forage quality.





Produto	Análise de custos preço e damage	Sistema álcool	Produtividade	Qualidade	Uso de insumos	Impacto ambiental
Algodão						
Alfafa						
Arroz						
Canola						
Castanha						
Feijão						
Grão-de-bico						
Soja						
Sorgo						
Trigo						
Uva						
Amendoim						
Alfafa						
Arroz						
Canola						
Castanha						
Feijão						
Grão-de-bico						
Soja						
Sorgo						
Trigo						
Uva						
Amendoim						

SIMPÓSIO  
MELHORAMENTO DE PLANTAS

Foto: Alexandre Moreira Veloso

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES (MENÇÃO HONROSA)

### Parâmetros Genéticos em Caracteres Morfológicos de Acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba da Embrapa por Meio de Modelos Mistos

Âmena Ornelas Brito<sup>1</sup>; Isabella da Silva Ferreira<sup>1</sup>; Ana Carolina Borgonho de Souza Costa<sup>2</sup>; Hellen de Melo Valim<sup>3</sup>; Léo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição<sup>4,\*</sup>; Marcelo Fideles Braga<sup>4</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Estudante do curso de Agronomia, Estagiária da Embrapa Cerrados, União Pioneira de Integração Social, Planaltina-DF, Brasil;

<sup>2</sup> Bióloga, Bolsista de Desenvolvimento Tecnológico e Industrial CNPq, Brasília, DF, Brasil; <sup>3</sup> Estudante do curso de Agronomia, Estagiária da Embrapa Cerrados, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil; <sup>4</sup> Pesquisador, Embrapa Cerrados, Planaltina-DF, Brasil; \*leo.carson@embrapa.br

A macaúba (*Acrocomia aculeata*) é palmeira nativa do Brasil amplamente distribuída no território nacional, principalmente em áreas do cerrado. Atualmente é considerada a maior fonte alternativa potencial para produção de óleo. Este recurso da biodiversidade brasileira apresenta diversas aplicações desde a indústria de cosméticos, fármacos, alimentação até a produção de biocombustíveis, além de usos relacionados ao aproveitamento de resíduos para coprodutos. A conservação e caracterização do germoplasma são fundamentais para progressos no melhoramento genético. Neste sentido, foram realizadas avaliações em caracteres morfológicos do desenvolvimento inicial de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAGMC) da Embrapa Cerrado e estimados parâmetros

genéticos com base em modelos mistos (SELEGEN-REML/BLUP, Modelo 5). Foram avaliados os caracteres altura de estipe e projeção da copa em 97 acessos, originados de 11 populações que abrangem cinco estados (GO, SP, MG, PA e DF). O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com 3 repetições constituídas de parcelas com 1-4 plantas. A média da altura de estipe foi de 2,78 m e a projeção da copa foi de 3,44 m, e a herdabilidade individual no sentido restrito, consideradas moderadas, foi de 0,35 e 0,34 respectivamente. A seleção negativa de 10 indivíduos entre 1033 avaliados resultará em um ganho estimado com a redução de 70,7% na altura do estipe e de 28,7% na projeção da copa. A redução dos respectivos caracteres propiciará melhorias no manejo da colheita e possibilidades de adensamento na linha

de plantio. Cerca de 95% dos indivíduos pertencem a região do Alto Paranaíba em Minas Gerais. Contudo, tratam-se de resultados parciais, apenas 50% dos acessos do BAGMC iniciaram a produção dos frutos e os critérios produtividade e rendimento de óleo terão maior peso na seleção.

**Palavras-chaves:** Recursos genéticos; agroenergia; *Acrocomia aculeata*; melhoramento.

**Apoio Financeiro:** Petrobrás; Finep; CNPq e Embrapa.



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES (MENÇÃO HONROSA)

## Desempenho Produtivo de Quarenta e Oito Progênes de Maracujazeiro Azedo no Distrito Federal

Ana Paula Leite Montalvão<sup>1</sup>; Ana Paula Gomes Castro<sup>2</sup>; Anne Pinheiro Costa<sup>2</sup>;  
Michelle Souza Villela<sup>2</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>2</sup>; Marcio de Carvalho Pires<sup>2</sup>

<sup>1</sup> University of Goettingen, Faculty of Agricultural Sciences, Department of Crop Protection, Gottingen, Lower Saxony, Alemanha, e-mail: anapaulalmbrrsb@gmail.com; <sup>2</sup> Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF, Brasil

A cultura do maracujá lança o Brasil à posição de grande produtor mundial. Entretanto, essa cultura ainda enfrenta problemas como carência de materiais genéticos com alta produtividade, qualidade dos frutos, resistência a fitopatógenos e pequena longevidade da lavoura. Tais limitações decorrem, principalmente, da falta de trabalhos de pesquisa nas diversas áreas do conhecimento, especialmente a do melhoramento genético. Com a finalidade de contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais promissoras de maracujazeiro, este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agrônômico de progênes de maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) no Distrito Federal, bem como estimar parâmetros genéticos para serem utilizados em programas de melhoramento genético. Foram avaliadas 48 progênes utilizando um delineamento experimental de blocos

ao acaso, com cinco plantas úteis por parcela e quatro repetições. O experimento foi instalado no campo, em outubro de 2011, com um total de 1.190 plantas/ha. As seguintes características foram avaliadas em 32 colheitas: produtividade estimada ( $\text{kg ha}^{-1}$ ), número total de frutos por hectare, massa média de frutos (g) e classificação dos frutos quanto ao diâmetro equatorial (mm) em três categorias (Primeira, 1B e 1A). As progênes estudadas apresentaram diferenças estatísticas para produtividade e número de frutos em relação à classificação dos frutos. A progênie MAR20#2005 Pl.2 apresentou a maior produtividade e a maior quantidade de frutos de Primeira, enquanto MAR20#44 Pl.1 exibiu os maiores valores para tais características quanto aos frutos 1B. Com relação a frutos de 1A, as progênes que apresentaram maior quantidade de frutos por hectare foram MAR20#46 e MAR20#2005

Pl.2. Em frutos de Primeira, a progênie MSCA obteve a maior massa média. Frutos de Primeira e 1B são frutos de maior interesse industrial, pois possuem tamanho reduzido e geralmente não são aceitos no mercado de fruta *in natura*. As classes de frutos maiores (1A, 2A e 3A) são destinadas aos mercados comerciais de fruta fresca (COIMBRA et al., 2012). Os menores valores de herdabilidade e razão  $CV_g/CV_e$  foram encontrados para a variável produtividade de frutos de Primeira (24,72%; 0,28). Por outro lado, o maior valor encontrado para peso médio foi em frutos de 1A (75,27%; 0,87).

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis*; produtividade; parâmetros genéticos; melhoramento genético.

**Apoio:** CNPq; CAPES.



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES (MENÇÃO HONROSA)

### Avaliação de Resistência Simultânea à Bacteriose e à Virose em Maracujazeiro Amarelo, em Condição de Campo

Anne Pinheiro Costa<sup>1</sup>; Isadora Nogueira<sup>1</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>1</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília (UnB), Campus Darcy Ribeiro, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF, Brasil, e-mail: annecosta@gmail.com

A carência de variedades resistentes a doenças é um fator limitante ao aumento da produtividade da cultura do maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims). Este trabalho teve como objetivo avaliar a resistência de progênies de maracujazeiro azedo à bacteriose (*Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*) e à virose do endurecimento dos frutos (*Cowpea aphid-borne mosaic virus* - CABMV), em condições de campo. Foram utilizadas 10 progênies, em delineamento de blocos casualizados, com 7 plantas por parcela e 3 repetições. As avaliações foram realizadas entre março e maio de 2015, em frequência mensal, utilizando a margem de representação de 20 frutos (bacteriose) ou folhas (virose) por parcela. A identificação visual dos sintomas baseou-se na percepção e na quantificação de lesões na superfície dos frutos e nas folhas. Não houve inoculação

dos patógenos, sendo considerada a pressão de inóculo natural, sob condições de campo. Incidência e severidade da bacteriose e severidade da virose foram avaliadas de acordo com escalas distintas de notas variando de 1 a 4. EC-3-0 (67,5%), MAR 20#21 (54,5%) e MSCA (54,4%) apresentaram as maiores incidências da bacteriose enquanto Rosa Intenso (36,1%) apresentou a menor incidência. Maior severidade da bacteriose foi observada para EC-3-0 (1,84) e menor severidade para MSCA (1,08). Com base na severidade média, as progênies MSCA, Rosa Intenso, MAR 20#41, Rubi Gigante e EC-RAM 3 foram classificadas como resistentes e as demais progênies, como moderadamente suscetíveis à bacteriose. Para à virose do endurecimento dos frutos, as maiores notas de severidade foram observadas nas progênies EC-RAM 3 (2,18),

Rosa Intenso (2,17) e EC-L-7 (2,09) e as menores nas progênies Gigante Amarelo pl. 1 (1,87) e MAR20#41 (1,87). Todos os materiais analisados foram classificados como moderadamente suscetíveis à virose do endurecimento dos frutos. As melhores progênies foram selecionadas para novos cruzamentos e avaliações no programa de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Cowpea aphid-borne mosaic virus*; melhoramento; *Passiflora edulis* Sims; resistência a doenças; *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*.

**Apoio:** FAPDF.



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES (MENÇÃO HONROSA)

### Reação de Progênes de Maracujazeiro Azedo à Verrugose nas Condições do Distrito Federal

Daiane Da Silva Nóbrega<sup>1</sup>; Angélica Vieira Sousa Campos<sup>1</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>1</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>1</sup>; Isadora Nogueira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília (UnB), Campus Darcy Ribeiro, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF, Brasil, e-mail: daiane\_nobrega@hotmail.com

Originário de regiões tropicais, o maracujá encontra no Brasil excelentes condições para seu cultivo e grande diversidade de espécies de *Passiflora*, com destaque em produção para o maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims). No entanto, observa-se baixa produtividade e alta suscetibilidade das cultivares às principais doenças fúngicas. O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar progênes de maracujazeiro azedo resistentes a verrugose (*Cladosporium herbarum*) em condições de campo. O experimento foi conduzido na Fazenda Água Limpa pertencente à Universidade de Brasília. Foram utilizadas 10 progênes, em delineamento de blocos casualizados, com 6 plantas por parcela e 4 repetições. Não houve inoculação do patógeno, sendo considerada a pressão de inóculo natural, sob condições de campo. As avaliações foram realizadas em 4 épocas (fevereiro, março, abril e maio) no ano de 2013, pela quantificação da severidade de verrugose na superfície de 10 frutos/parcela

e classificação segundo a resistência. Foi utilizada escala de notas descrita a seguir: nota 1 (frutos sem lesão), Resistente (R); nota 2 (1 ≤ 5 lesões) moderadamente suscetível (MS); nota 3 (6 ≥ 10 lesões) suscetível (S) e nota 4 (→ 10 lesões) altamente suscetível (AS). Os dados foram submetidos à análise de variância, utilizando para o teste de F o nível de 5% de significância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott. Houve diferença estatística significativa na severidade à verrugose entre as progênes avaliadas, entre épocas e interação época x progênie. A progênie MAR 20#03 PL2 demonstrou a menor média de severidade e grau de resistência moderadamente suscetível (MS), enquanto MAR 20#15 PL4 apresentou a maior média e suscetibilidade (S) à verrugose. A MAR 20#03 PL2 não se diferenciou entre as épocas de avaliação, enquanto MAR 20#15 PL4 diferenciou-se dentro e entre as épocas de avaliação. As progênes MAR20#15 PL1, RUBI GIGANTE PL 4 e MAR20#15 PL 5

diferenciaram-se apenas dentro de cada época de avaliação e demonstraram grau de resistência (S), (S) e (S), respectivamente. As demais progênes se diferenciaram dentro e entre as épocas de avaliação. As progênes MAR 20#15 PL1, MAR 20#23 PL2, ECL-7 PL3 e apresentaram grau de resistência moderadamente suscetível (MS), enquanto MAR 20#34 PL1, RUBI GIGANTE PL2, RUBI GIGANTE PL3 foram suscetíveis (S) à infecção de verrugose em condições de campo. As melhores progênes foram selecionadas para novos cruzamentos e avaliações no programa de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; *Cladosporium herbarum*; resistência genética; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.



## Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Verrugose sob Condições de Campo

Aline Oliveira Zacharias<sup>1</sup>; Clarissa Campos Ferreira<sup>2</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>3</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>4</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Estudante de pós graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil, aline\_zacharias@hotmail.com;

<sup>2</sup> Estudante de pós graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup> Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4,5</sup> Professores Adjuntos, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil

A produção de maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims) no Brasil é a maior dentre os principais países produtores, contudo, a produtividade média dos pomares ainda é baixa. A alta incidência e severidade das doenças vêm diminuindo a produtividade nos últimos anos, além de afetar a qualidade dos frutos para comercialização *in natura* e reduzir a longevidade dos pomares. Com o objetivo de contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, esse trabalho teve como objetivo avaliar a reação de genótipos de maracujazeiro azedo à verrugose (*Cladosporium herbarum*), em condições de campo, no Distrito Federal. Foram utilizados 22 genótipos, num delineamento de blocos casualizados, em arranjo de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas pelas épocas de avaliação e as subparcelas formadas pelos genótipos,

utilizando seis plantas por parcela e três repetições. Foram realizadas três avaliações de severidade e incidência, de janeiro à março de 2016, estimadas de acordo com escala diagramática. Todos os genótipos analisados foram classificados como moderadamente susceptíveis à verrugose. Houve diferença significativa na avaliação de severidade à verrugose entre às três épocas de avaliação. A maior severidade foi observada no mês de fevereiro (1,40), não havendo diferença significativa entre as épocas para incidência. O genótipo MAR 20#39 pl 1 obteve o menor resultado de severidade média (1,26), enquanto MAR 20#21 pl 1 obteve a menor incidência média da doença, com 6,67%. Foram encontrados valores altos de herdabilidade e razão CVg/CVe com relação à severidade e incidência de verrugose, revelando alta variabilidade genética para

os parâmetros avaliados. Concluiu-se que a utilização de métodos simples de seleção, como seleção massal, pode ser usada no programa de melhoramento genético de maracujazeiro azedo para obter genótipos resistentes ou tolerantes à verrugose.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; *Cladosporium herbarum*; melhoramento genético; fitopatógenos.

**Apoio:** Fundação Universidade de Brasília, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

## Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo às Doenças Fúngicas, sob Condições de Campo\*

Ana Catarina Jesus Peres<sup>1</sup>; Ana Paula Gomes de Castro<sup>2</sup>; Fabio Gelape Faleiro<sup>3</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>4</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>5</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>6</sup>

\* Trabalho executado com recursos do CNPq, CAPES e FUB; <sup>1</sup>Estudante de Pós-Graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, DF, catarina-peres@hotmail.com; <sup>2</sup>Estudante de Pós-Graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, DF; <sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Cerrados; <sup>4</sup>Professora Adjunta, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, DF; <sup>5</sup>Professor Adjunto, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, DF; <sup>6</sup>Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, DF

Devido à geração de alimentos e empregos, a fruticultura assume importante papel social e econômico, como é o caso do maracujazeiro que tem grande influência no mercado brasileiro de frutas. No entanto, observa-se baixa produtividade e alta suscetibilidade das cultivares às principais doenças fúngicas. Sendo assim, num programa de melhoramento genético, o desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças e produtivas é muito importante. Nesse sentido, esse trabalho teve como objetivo avaliar a reação de quarenta e duas progênies de maracujazeiro azedo a septoriose (*Septoria passiflorae*), antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides*) e verrugose (*Cladosporium herbarum*), em condições de campo, no Distrito Federal. Foram utilizadas quarenta e dois genótipos, instalados em campo usando o delineamento de blocos

casualizados, com cinco plantas por parcela e quatro repetições. Foram avaliados, em quatro diferentes épocas (janeiro, março, maio e julho), os genótipos: Gigante Amarelo Pl.2; FB200; Rosa Intenso Pl.1; EC3-o Pl.1; MSCA; MSCA Pl.1; MSCA Pl.2; Gigante Amarelo Pl.1; PES 9; Rosa Intenso Pl.3; Rosa Claro Pl.3; Rosa Claro Pl.1; Rubi Gigante Pl.1; AR 2; ECL -7; PA 01; RC3; Rosa Intenso Pl.2; Rosa Claro Pl.2; Rubi Gigante Pl.2; EC3-o; AP1; ECRAM Pl.3; MAR20#44; MAR20#24 Pl.1; MAR20#24 Pl.2; MAR20#10; MAR20#12 Pl.1; MAR20#12 Pl.2; MAR20#15; MAR20#21; MAR20#19; MAR20#41; MAR20#34; MAR20#39; MAR20#46 Pl.1; MAR20#46 Pl.2; MAR20#2005 Pl.1; MAR20#2005 Pl.2; MAR20#2005 Pl.3; MAR20#2005 Pl.4 e MAR20#34 F2. A identificação visual do sintoma das doenças se deve à percepção e à quantificação de lesões na superfície do fruto. Foram realizadas

quatro avaliações de severidade e incidência, estimadas de acordo com escala diagramática para a doença específica. Setenta e seis por cento das progênies foram classificadas como moderadamente suscetíveis (MS) e 24% foram moderadamente resistentes (MR) a septoriose em condições de campo. Sessenta e dois por cento foram MS e 38% foram MR a verrugose. Todos os genótipos foram MR a antracnose. Os valores de incidência e severidade para a estimativa de herdabilidade e razão CVg/CVe foram altos para as três doenças (septoriose, antracnose e verrugose), mostrando que existe alta variabilidade genética entre genótipos avaliados.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis*; *Septoria passiflora*; *Cladosporium herbarum*; resistência; parâmetros genéticos.





Foto: Fábio Gelape Faleiro



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

## Avaliação de Genótipos de Maracujazeiro Azedo quanto à Resistência a Septoriose em Condições de Campo

Barbara de Fátima Silva Moura<sup>1</sup>; Angélica Vieira Sousa Campos<sup>2</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>3</sup>; Marcio De Carvalho Pires<sup>4</sup>; Jose Ricardo Peixoto<sup>5</sup>; Ludmyla Pereira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Engenheira Agrônoma, Universidade de Brasília, email: barbaramoura.agro@gmail.com; <sup>2</sup>Aluna de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade de Brasília; <sup>3</sup>Professora Adjunta, Universidade de Brasília; <sup>4</sup>Professor Adjunto, Universidade de Brasília; <sup>5</sup>Professor Titular, Universidade de Brasília

A cultura do maracujá é afetada por diversas doenças, dentre estas, a septoriose, causada pelo fungo *Septoria passiflorae*, é considerada uma das mais importantes doenças em pomares do cerrado, devido ao intenso desfolhamento causado com apenas uma única lesão por folha ou até mesmo nenhum sintoma aparente. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a reação de genótipos de maracujazeiro azedo a esta doença em condições de campo. O experimento foi conduzido em campo da Fazenda Água Limpa (FAL), pertencente a Universidade de Brasília (UnB), utilizando o delineamento de blocos casualizados em arranjo de parcela subdividida, com trinta e cinco genótipos e quatro épocas de avaliações, quatro repetições e seis plantas por parcela. Não houve controle fitossanitário de doenças e pragas. As colheitas para avaliações agronômicas foram realizadas semanalmente e as avaliações da septoriose

foram realizadas mensalmente em frutos, entre fevereiro a maio do ano de 2013 totalizando quatro avaliações, retirando aleatoriamente dez frutos por parcela e separando-os visualmente de acordo com os sintomas da doença. O grau de resistência à septoriose foi atribuído de acordo com escala diagramática, considerando o grau de severidade da doença. Houve interação significativa dos genótipos *versus* épocas de avaliações. A maior severidade de 3,20 ocorreu no genótipo Yellow Master FB200 pl.1 em fevereiro, enquanto a menor severidade ocorreu no genótipo MAR20#2005 em maio. Foram observados valores medianos das estimativas de herdabilidade no sentido amplo para incidência (60,14%) e severidade da doença (63,57%), porém a razão CVg/CVe de 0,71 e 0,76 para incidência e severidade, respectivamente, indica que a variação genética foi menor que ambiental nesses parâmetros, e que, portanto, a utilização de

métodos simples de seleção, como seleção massal, não terá êxito no programa de melhoramento genético de maracujazeiro para seleção de materiais resistentes a esta doença, nas condições de campo. Os genótipos MAR 20#03 pl.1, MAR 20#2005 e ECRAM pl.4, foram classificados como moderadamente resistentes em condições de campo, enquanto os demais genótipos foram moderadamente suscetíveis à septoriose.

**Palavras-Chave:** *Passiflora edulis*; resistência; genótipos; *Septoria passiflorae*.

**Apoio Financeiro:** Os autores agradecem à Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília e ao suporte financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

## Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Bacteriose em Condições de Casa de Vegetação<sup>1</sup>

Clarissa Campos Ferreira<sup>2</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>3</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>4</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Trabalho executado com recursos da Fundação Universidade de Brasília; <sup>2</sup>Estudante de pós graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; clarissacafe@gmail.com; <sup>3</sup>Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4,5</sup>Professores Adjuntos, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal

A ocorrência de doenças e pragas na cultura do maracujazeiro azedo tem representado, juntamente com deficiências nutricionais, manejo inadequado e plantas de baixa qualidade genética um grande obstáculo no aumento da produtividade da cultura. A bacteriose é tida como a principal doença que afeta o maracujazeiro, provocando perdas expressivas em cultivos comerciais, sendo de ocorrência severa sob condições de clima quente e úmido. Os trabalhos de melhoramento genético visando resistência a doenças ainda são limitados no Brasil. Visando auxiliar nesse sentido, o objetivo do trabalho foi avaliar, sob ambiente protegido, a resistência de genótipos, à bacteriose na fase fenológica de mudas. O experimento foi realizado em casa de vegetação, na Estação Experimental de Biologia da Universidade de Brasília (UnB). O isolado utilizado foi

o FAL1630 os genótipos avaliados foram: MAR20#24 pl 4R1, ECL-7 R2, MAR20#2005 pl 2, Rosa Claro pl 3 R3, Rosa Intenso pl 3 R2, MAR20#24 pl 5 R1, EC-L7 R1, MAR20#39 R1, MAR20#41 pl 2, MAR20#24 pl 3 R2 e Rosa Claro pl 3 R2. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com três repetições, em arranjo de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas por cinco épocas de avaliação e as subparcelas formadas por 11 genótipos. Cada unidade experimental consistiu de cinco plantas. O genótipo Rosa Claro pl 3 R2 apresentou a menor severidade e a menor incidência da bacteriose. Todos os genótipos foram classificados como moderadamente susceptíveis (MS).

Palavras-chave: *Xanthomonas axonopodis* pv. *Passiflorae*; *Cladosporium herbarum*; melhoramento genético; resistência genética.

Agradecimentos: A Fundação Universidade de Brasília, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Variabilidade Genética em Acessos de Café Conilon  
sob Irrigação no Cerrado Baseado em Atributos de QualidadeFelipe Augusto Alves Brige<sup>1</sup>; Sonia Maria Costa Celestino<sup>2</sup>; Renato Fernando Amabile<sup>2</sup>; Francisco Marcos dos Santos Delvico<sup>2</sup><sup>1</sup> Universidade de Brasília, *Campus Darcy Ribeiro*, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: felipebrige@gmail.com; <sup>2</sup> Embrapa Cerrados, Departamento de Produção Vegetal, Planaltina, Distrito Federal, Brasil

O café conilon é largamente utilizado na indústria de café solúvel, por apresentar maior teor de sólidos solúveis, e quando de boa qualidade se torna um componente de grande relevância em *blends* com café arábica. Possui grande diversidade genética e adaptação, o que permite inferir que esta espécie possa ser cultivada com sucesso no ambiente do Cerrado. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi caracterizar a variabilidade genética de 213 genótipos de café conilon, cultivar Robusta Tropical, utilizando seis características químicas de qualidade dos grãos, a fim de identificar acessos promissores para o programa de melhoramento genético do café conilon irrigado no Cerrado. O experimento foi realizado no Laboratório de Ciência e Tecnologia de Alimentos da Embrapa Cerrados em um delineamento inteiramente

ao acaso, com três repetições. As amostras foram provenientes da coleção de trabalho desta mesma unidade. Os grãos crus foram avaliados quanto ao teor de sólidos solúveis totais, pH, acidez titulável total, extrato etéreo, teores de proteína e de cafeína. Os dados foram submetidos à análise de variância e de componentes principais. Verificou-se variabilidade entre os genótipos para todas as características. A variação total dos dados foi explicada em 72,64% pelos três primeiros componentes principais com os quais todas as características, com exceção do pH, se correlacionaram. Foi obtida a matriz de distância genética com base nos escores dos genótipos em relação aos dois primeiros componentes principais. Os acessos avaliados mostraram divergência genética em relação às características químicas analisadas, indicando o potencial genético para uso no programa.

A acidez titulável total contribuiu pouco para a variação acumulada. Os materiais mais dissimilares foram o material CPAC 160 o material CPAC 32.

**Termos para indexação:** *Coffea canephora*; diversidade genética; composição química.

**Financiamento:** Consórcio Pesquisa Café.





## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Bacteriose, sob Condições de Campo<sup>1</sup>Felipe Zôrzo<sup>2</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>3</sup>; Clarissa Campos Ferreira<sup>4</sup>; Adrielly Rodrigues<sup>2</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>5</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>6</sup><sup>1</sup>Trabalho executado com recursos do CNPq, CAPES e FUB; <sup>2</sup>Estudante de pós-graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; zorzofelipe@hotmail.com; <sup>3</sup>Professor Adjunto, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4</sup>Estudante de pós-graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>5-6</sup>Professores Adjunto e Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal

Apesar de ser um dos maiores produtores de maracujá, o Brasil ainda apresenta uma produtividade baixa, visto que fatores como cultivo de variedades inadequadas, características genéticas das plantas, e problemas fitossanitários limitam o potencial produtivo da cultura. Uma das doenças de maior impacto para a cultura, contribuindo para grandes perdas em cultivos comerciais, é a bacteriose, ou mancha oleosa, causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae*. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a reação de 22 genótipos de maracujazeiro azedo à bacteriose, em condições de campo, no Distrito Federal. Foi utilizado delineamento de blocos casualizados, em arranjo de parcela subdividida com seis plantas por parcela e três repetições, sendo as parcelas formadas pelas épocas de avaliação e as subparcelas formadas pelos genótipos. Foram realizadas

três avaliações de severidade (porcentagem de áreas foliar lesada e infectada) e incidência (porcentagem de frutos com sintomas) da doença, mensalmente, de janeiro a março de 2016, estimadas de acordo com escala diagramática. A partir dos dados de severidade da doença foi obtida a curva do progresso da doença e calculada a área abaixo da curva do progresso da doença (AACPD). Também foram determinadas as razões CVg/CVe e as correlações fenotípicas, utilizando-se as estimativas das variâncias e covariâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente. Com relação à incidência, não foi observada diferença significativa entre os tratamentos. Já para severidade, todos os genótipos foram classificados como moderadamente suscetíveis a bacteriose, a exceção do genótipo MAR 20#24 pl 2, que foi considerado suscetível, com maior severidade da doença (3,10). O genótipo MAR 20#24 pl 2 foi também

o que apresentou maior taxa de progresso da doença (192,95), diferindo estatisticamente dos outros genótipos. Foram obtidos altos valores de herdabilidade e razão CVg e CVe com relação à severidade para bacteriose (78,64% e 1,108 respectivamente), indicando que a utilização de métodos simples de seleção, como seleção massal, pode ser usada no programa de melhoramento genético de maracujazeiro.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; *Xanthomonas axonopodis* pv. *Passiflorae*; melhoramento genético; herdabilidade.

**Agradecimentos:** A Fundação Universidade de Brasília, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.





Foto: Fabiano Bastos



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Virose sob Condições de Campo<sup>1</sup>Gabriel Soares Miranda<sup>2</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>3</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>4</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>5</sup><sup>1</sup>Trabalho executado com recursos da Fundação Universidade de Brasília; <sup>2</sup>Estudante de pós graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, [miranda.gabriel@me.com](mailto:miranda.gabriel@me.com); <sup>3</sup>Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4,5</sup>Professores Adjuntos, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal

O maracujazeiro representa uma importante frutífera em seu mercado. Contudo, o desenvolvimento da cultura tem encontrado barreiras como a falta de bons materiais e o manejo inadequado. Os materiais existentes no mercado, costumeiramente apresentam-se suscetíveis a diversas doenças, dentre elas o vírus do endurecimento dos frutos (CABMV – *Cowpea aphid born mosaic virus*). Este trabalho teve como objetivo avaliar a reação de genótipos de maracujazeiro azedo à virose do endurecimento dos frutos. Foram feitos dois experimentos ambos com delineamento em blocos ao acaso, com parcelas subdivididas, quatro repetições, seis plantas por genótipos totalizando 38 genótipos. Avaliou-se a incidência e severidade da doença nas plantas. A incidência por meio da porcentagem de plantas com sintomas de cada genótipo nos dois experimentos. E a severidade por meio da escala de notas de acordo com a sintomatologia visual das folhas em que: nota 1 = folha sem sintomas de mosaico; nota 2 = folha com mosaico leve e sem deformações;

nota 3 = folha com mosaico leve, bolhas e deformações e nota 4 = folha com mosaico severo, bolhas e deformações foliares. Este sistema foi utilizado para a classificação dos genótipos como resistente (R), medianamente suscetível (MS), suscetíveis (S) e altamente suscetíveis (AS). No primeiro experimento a herdabilidade observada para incidência foi de 76,76%. A razão CVg/CVe foi de 0,909. A herdabilidade observada para severidade foi de 80,06%. A razão CVg/CVe foi de 1,00. No segundo experimento a herdabilidade observada para incidência foi de 78,14%. A razão CVg/CVe foi de 0,945. A herdabilidade observada para severidade foi de 74,82%. A razão CVg/CVe foi de 0,862. Apesar da razão CVg/CVe para incidência terem sido inferiores a 1, o valor foi muito próximo, o que reflete uma condição favorável à seleção, uma vez que a variância genética foi maior que a variância ambiental para esses parâmetros e tão logo, alta variabilidade genética indicando que a utilização de métodos simples de seleção, pode ser usada no programa de melhoramento

genético de maracujazeiro azedo. No primeiro experimento todos os genótipos foram classificados como medianamente suscetíveis (MS) à virose, em condições de campo sem tratamento fitossanitário. O genótipo AR 2 obteve a menor severidade da doença e também a menor incidência, assim como menor taxa de progresso da doença. Os genótipos AR 2, ECRAM pl 3, MAR 20#15, e MAR 20#21 foram consideradas moderadamente suscetíveis e os demais genótipos, suscetíveis, em condições de campo sem tratamento fitossanitário.

**Palavras-chave:** Passiflora; CABMV; melhoramento genético; incidência; severidade.

**Agradecimentos:** A Fundação Universidade de Brasília, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.





## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

## Desempenho Agrônomo de Progênes Seleccionadas de Maracujazeiro Azedo no Distrito Federal

Isadora Nogueira<sup>1</sup>; Anne Pinheiro Costa<sup>1</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>1</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>1</sup><sup>1</sup>Universidade de Brasília (UnB); Campus Darcy Ribeiro; Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária; Brasília; DF; Brasil - e-mail: i.nogueiraa@gmail.com

O aumento da produtividade, a qualidade dos frutos e a resistência a doenças são os principais objetivos do melhoramento do maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims), visando atender as exigências dos mercados interno e externo bem como a redução dos custos de produção. Este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agrônomo de progênes seleccionadas de maracujazeiro azedo no Distrito Federal, em condições de campo. Foram utilizadas 10 progênes em delineamento de blocos casualizados, com 7 plantas por parcela e 3 repetições. As avaliações foram realizadas de 27 de janeiro a 24 de novembro de 2015, totalizando 40 colheitas. As variáveis analisadas foram: produtividade estimada (kg/ha), considerando-se 1190 plantas por hectare, número total de frutos por hectare e classificação dos frutos quanto ao diâmetro equatorial em: Primeira ( $D \leq 55$  mm); 1B ( $55 < D \leq 65$  mm); 1A ( $65 < D \leq 75$  mm);

2A ( $75 < D \leq 90$  mm); 3A ( $D > 90$  mm). A progêne EC-L-7 obteve a maior produtividade total estimada seguida por BRS-GA1 pl. 1 e MAR20#41. Em contrapartida, as progênes MAR20#24 pl. 2, MAR 20#21 e Rubi Gigante apresentaram as menores produtividades. BRS-GA1 pl. 1, ECL-7 e MAR20#41 obtiveram os melhores resultados para o número total de frutos. MAR20#41 e BRS-GA1 pl. 1 apresentaram os maiores números de frutos e maiores produtividades de frutos 1A. MAR20#41 e ECL-7 destacaram-se para produção de frutos 2A. As progênes BRS-GA1 pl. 1 e Rosa Intenso obtiveram os maiores números de frutos e maiores produtividades de frutos 3A. Para fins industriais, MSCA e BRS-GA1 pl. 1 apresentaram as maiores produtividades de frutos de primeira enquanto MAR20#41 e BRS-GA1 pl. 1 mostraram maiores produtividades de frutos 1B. As progênes com melhor desempenho para consumo in natura foram BRS-GA pl. 1

e MAR20#41. As melhores progênes foram seleccionadas para novos cruzamentos e avaliações no programa de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; melhoramento; produtividade; qualidade de fruto.

**Apoio:** FAPDF.





Foto: Alexandre Moreira Veloso

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo a Bacteriose sob Condições de Campo<sup>1</sup>

João Lucas Pimentel Duarte<sup>2</sup>; Clarissa Campos Ferreira<sup>3</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>4</sup>;  
Michelle Souza Vilela<sup>5</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>6</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>7</sup>

<sup>1</sup>Trabalho executado com recursos da Fundação Universidade de Brasília; <sup>2,3</sup>Estudante de pós graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, j.lucas.pimentel@gmail.com; <sup>4</sup>Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>5,6</sup>Professores Adjuntos, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>7</sup>Pesquisador da Embrapa Cerrados, Brasília, Distrito Federal

A bacteriose ou mancha oleosa, causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *passiflorae* consiste em uma doença de grande impacto para a cultura, levando a grandes perdas em cultivos comerciais, sendo de ocorrência severa em áreas de clima quente e úmido (Oliveira & Ruggiero, 1998). Dessa forma o objetivo desse trabalho foi avaliar 22 genótipos de maracujá azedo em relação a resistência a bacteriose. Foram avaliados 22 genótipos, com a utilização do delineamento em blocos casualizados, em esquema de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas pelas diferentes épocas de avaliação e as subparcelas pelos diferentes genótipos com três repetições e seis plantas por parcela. Houve diferença significativa na avaliação de severidade à bacteriose entre as três épocas de avaliação. Com relação à incidência, não foi observada diferença significativa entre os

resultados. Estes variaram de 65,55% (MAR 20#19 pl 1) a 97,22% (MAR 20#41 pl 1). Houve diferença significativa entre os genótipos avaliados em relação à severidade da bacteriose. Os genótipos que apresentaram maiores severidades, foram MAR 20#24 pl 2 com a nota 3,10 seguido por MAR 20#19 roxo (2,70). O genótipo MAR 20#24 pl 2 foi classificado como susceptível (S). Todos os outros genótipos foram classificados como medianamente susceptíveis (MS) à bacteriose. Os valores de herdabilidade e razão CVg e CVe, com relação à severidade, apresentaram os valores (78,64% e 1,108 respectivamente). Esses valores revelam que a variação genética foi maior que ambiental para esses parâmetros e, portanto, a alta variabilidade genética pode ser um indicativo que a utilização de métodos simples de seleção, como seleção massal, pode ser usada

no programa de melhoramento genético de maracujazeiro azedo.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; bacteriose; fitopatôgeno; resistência.

**Agradecimentos:** A Fundação Universidade de Brasília, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.





Foto: Fábio Gelape Faleiro



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Produtividade de Genótipos de Maracujazeiro Azedo no Distrito Federal<sup>1</sup>José Ricardo Peixoto<sup>2</sup>; Clarissa Campos Ferreira <sup>3</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>4</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>5</sup><sup>1</sup>Trabalho executado com recursos do CNPq, CAPES e FUB; <sup>2</sup>Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, peixoto@unb.br; <sup>3</sup>Estudante de pós-graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4,5</sup>Professores Adjuntos, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal

O maracujá é amplamente cultivado no Brasil, no entanto, ainda enfrenta problemas como carência de materiais genéticos com alta produtividade, resistência a doenças e qualidade dos frutos. Com o objetivo de contribuir para o desenvolvimento de cultivares mais promissoras de maracujá, esse trabalho avaliou o desempenho agrônomo de genótipos de maracujazeiro azedo no Distrito Federal, bem como estimou parâmetros genéticos para serem utilizados em programas de melhoramento genético. Foram feitos dois experimentos em campo, totalizando 76 genótipos, ambos com delineamento de blocos casualizados, em esquema (arranjo) simples, com quatro repetições e seis plantas por parcela. Foram avaliadas, durante cinquenta e quatro colheitas, as seguintes características: produtividade estimada (kg/ha), número

total de frutos por hectare, massa média de frutos (g) e classificação dos frutos quanto ao diâmetro equatorial (mm) em cinco categorias (1<sup>a</sup>, 1B, 1A, 2A e 3A). As maiores produtividades e a maiores quantidades de frutos por hectare foram verificadas nos genótipos MAR20#41, com 17.405 kg/ha e 175.990 frutos/ha, seguido de MAR 20#41 pl 1 (17.159 kg/ha e 137.597 frutos/ha), Gigante Amarelo pl 1 (16.583 kg/ha e 132.835 frutos/ha), MAR 20#39 (16.372 kg/ha e 137.647 frutos/ha) e MAR 20#24 pl 5 (14.768 kg/ha e 126.288 frutos/ha). Valor elevado de herdabilidade foi observado para número total de frutos por hectare na classificação de primeira ( $h^2 = 72,56\%$ ), sendo que a razão CVg/CVe, para essa característica, foi próxima de 1,0 (um), indicando que métodos simples de melhoramento genético poderiam ser utilizados para melhorar essa característica

em experimentos futuros. Além disso, a produtividade total estimada apresentou maiores valores de correlação fenotípica com a característica de número de frutos do que com a massa dos frutos, indicando que a alta produtividade passa necessariamente pela seleção de plantas com grande número de frutos.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis*; produtividade; parâmetros genéticos; correlação.

**Agradecimentos:** A Fundação Universidade de Brasília, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.





SBMP MENÇÃO HONROSA

Embrapa

genética, mercado

### ANÁLISE DE MICROSSATÉLITES POR MEIO DO POLIMORFISMO DE MARACUJÁ-AZEDO (PASSIFLORA SPECIOSA) PARA 78 ESPÉCIES DO GÊNERO PASSIFLORA

André M Martins<sup>1</sup>, Ana Maria Costa<sup>2</sup> e Márcio E Ferreira<sup>3,4</sup>  
<sup>1</sup>Curso de Genética e Biotecnologia, <sup>2</sup>Embrapa Labex USA

#### Resultados e Discussão

Um total de 14,11 Mbp de reads de sequências parentais de última geração foram analisadas para detectar SSR perfeitos que foram selecionados para o desenvolvimento de 510 pares de primers para PCR (Figura 1). Uma análise de 60 marcadores de 20 e 30 nucleotídeos foram testados em paradas sucessivas do germinação de P. adulte para a sua utilização. Detectado em 14% dos marcadores (PTC = 0,16 a 0,77; número de alelos = 2 a 10) e 77) que permitiram a detecção de 137 alelos (Figura 2) de microsatélites perfeitos polimórficos (PIC = 0,40 a 0,77) de transferibilidade para 78 espécies de Passiflora autóctones (Astrophea, Decaloba, Platystemon e Passiflora). 71% da combinação intervarietal foi positiva para as análises de diversidade genética. O novo conjunto de marcadores para seu uso em análise de polimorfismo de 78 e (incluindo P. adulte).



Figura 1. Distribuição dos microsatélites perfeitos de 20 e 30 nucleotídeos em 510 pares de primers para PCR.

#### Conclusões

A tecnologia de sequenciamento de nova geração de P. adulte, permitiu o desenvolvimento de milhares de pares de genes, os que são propostos conectar a estrutura da população Passiflora, visando nos diferentes níveis de diversidade e melhoramento genético das espécies.

#### Referências

BRUNO, A. M. S. et al. Caracterização genética de sete genótipos de Passiflora...  
MARTINS, A. M. et al. Caracterização genética de sete genótipos de Passiflora...  
MARTINS, A. M. et al. Caracterização genética de sete genótipos de Passiflora...

FAV/UnB SIMPÓSIO MELHORAMENTO DE PLANTAS variabilidade genética, ferramentas e mercado CAPES

SBMP MENÇÃO HONROSA

### RESISTÊNCIA DE MARACUJAZEIRO AZEDO À VERRUGOSE NAS ÁREAS DO DISTRITO FEDERAL

DAIANE DA SILVA<sup>1</sup>, JOSÉ RICARDO PEIXOTO<sup>2</sup>, MICHELLE SOUZA VILELA<sup>3</sup>, TEREZINHA NOGUEIRA<sup>3</sup>  
<sup>1</sup>Curso de Genética e Biotecnologia, <sup>2</sup>Embrapa Labex USA, <sup>3</sup>Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF

#### Resultados e Discussão

Originário de... Houve diferença estatística significativa na suscetibilidade das plantas de maracujazeiro azedo à verrugose entre as progênies avaliadas, entre épocas de avaliação e grau de diversidade de espécies. A produção para o maracujazeiro azedo, observada em plantas suscetíveis à doença, foi menor em relação às plantas resistentes. Entre essas espécies, observou-se uma maior diversidade de espécies de produção para o maracujazeiro azedo, observada em plantas suscetíveis à doença, foi menor em relação às plantas resistentes.

MELHORAMENTO DE PLANTAS  
Comissão Organizadora  
Tatiane Rodrigues

MELHORAMENTO DE PLANTAS  
Comissão Organizadora  
Júlia Camilo

MELHORAMENTO DE PLANTAS  
Comissão Organizadora  
Rosa de Deus

Foto: Alexandre Moreira Veloso



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

## IAC H7316, uma Promissora Seleção de Café Arábica Derivada da Híbridação da Cultivar Catuaí Vermelho IAC 81 com o Cafeeiro Geisha

Luiz Carlos Fazuoli<sup>1,2</sup>; Masako Toma Braghini<sup>2</sup>; Oliveira Guerreiro Filho<sup>1</sup>; Paulo Boller Gallo<sup>3</sup><sup>1</sup>Pesquisador - IAC/APTA, Centro de Café “Alcides Carvalho”, Campinas, SP, Brasil, fazuoli@iac.sp.gov.br; <sup>2</sup>Bolsista do Consórcio Pesquisa Café – IAC/APTA, Centro de Café “Alcides Carvalho”, Campinas, SP, Brasil; <sup>3</sup>Pesquisador – APTA, Polo Regional do Nordeste Paulista, Mococa - SP, Brasil

Este trabalho refere-se à obtenção da seleção de café arábica IAC H7316, resultante do cruzamento da cultivar Catuaí Vermelho IAC 81 com o cafeeiro Geisha IAC 1137-5. A cultivar Catuaí apresenta excelente produtividade, ótimas características agronômicas, tecnológicas e organolépticas. A seleção Geisha, originária da Etiópia, possui também excelentes qualidades organolépticas. A sua introdução, no IAC, ocorreu em 1953 e foi cadastrada como IAC 1137. Em 1955, a progênie IAC 1137 foi plantada em Campinas no EP24, apresentando boa produção, mas inferior à da cv. Bourbon Vermelho. Foi selecionada em 1968, a planta IAC 1137-5, a mais produtiva da progênie. Observações efetuadas no cafeeiro IAC 1137-5 da Geisha mostraram que é de porte alto, vigoroso, de frutos vermelhos, grãos grandes e é resistente à raça II de ferrugem. Alguns trabalhos desenvolvidos no IAC indicaram

que esta seleção tem também tolerância à seca. O híbrido IAC H7316 foi efetuado em 28 de outubro de 1968, sendo utilizadas 100 flores, obtendo-se 25 frutos e 41 sementes F1. Parte das sementes obtidas deste híbrido F1 foi plantada no experimento EP 113, obtendo-se assim a progênie de indivíduos F1, onde se selecionou a planta número 213, correspondente à sigla IAC H 7316-22. Nas gerações segregantes, selecionaram-se plantas produtivas, vigorosas, com frutos de coloração vermelha e com boas características tecnológicas prosseguindo-se a seleção dos descendentes desses cafeeiros até a geração F6. As melhores progênies F7 estão sendo avaliadas em Mococa –SP, Pedregulho – SP, Patrocínio – MG e Patos de Minas – MG. Os dados obtidos nesses locais demonstraram que esta seleção é promissora. A produtividade no experimento estabelecido em 2010, em Patrocínio, foi de 52,2 sacas de

café beneficiado/ha/ano, no período 2012-2016. A porcentagem de grãos do tipo chato foi 89,7%, do tipo moca 7,6% e do tipo concha 2,7%. A peneira média foi 17,4. A qualidade da bebida foi classificada com 82,5 pontos na escala SCAA com as características nozes, fruta de caroço, chocolate e caramelo. Em Pedregulho – SP esta seleção foi considerada excelente com 85 pontos (escala SCAA), com os atributos mel industrial, acidez limão e flor de café. A seleção IAC H7316 pode ser uma nova opção para os produtores que desejam obter produto especial que atenda nichos de mercado.

**Palavras-chave:** *Coffea arabica*; Etiópia; seleção Geisha; qualidade da bebida.

**Apoio Financeiro:** Consórcio Pesquisa Café / Embrapa-Café



## Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro à Septoriose sob Condições de Campo<sup>1</sup>

Mara Cecília de Mattos Grisi<sup>2</sup>; Clarissa Campos Ferreira<sup>3</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>4</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>5</sup>; Márcio de Carvalho Pires<sup>6</sup>

<sup>1</sup>Trabalho executado com recursos da Fundação Universidade de Brasília; <sup>2,3</sup>Estudantes de pós-graduação, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil, maragrisi@hotmail.com; <sup>4</sup>Professor Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil; <sup>5,6</sup>Professores Adjuntos, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil

A septoriose é uma doença causada pelo patógeno *Septoria passiflorae* e ocorre nas regiões produtoras de maracujá do país. Apesar de rara, é uma doença potencialmente grave por causar intenso desfolhamento. O objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de genótipos de maracujazeiro azedo à septoriose, em condições de campo, no Distrito Federal. Foram utilizados 22 genótipos com delineamento de blocos casualizados, com seis plantas por parcela e três repetições. Foram realizadas três avaliações de severidade e incidência, de janeiro a março de 2016, estimadas de acordo com escala diagramática. A análise de variância (teste F) para cada parâmetro, comparação das médias (Scott Knott 5%), estimativa de parâmetros genéticos e cálculos de correlações, foram executados com o auxílio dos programas estatísticos Sivar (Ferreira, 1998) e Genes-UFV

(Cruz, 1997). Houve diferença significativa na incidência e severidade à septoriose entre as épocas de avaliação, sendo os maiores valores observados em janeiro (88,33% e 2,21, respectivamente). Não houve diferença significativa entre os genótipos com relação à incidência e severidade de septoriose, sendo todos considerados moderadamente susceptíveis (MS). Com relação à incidência, na interação genótipo dentro da época, apenas Rosa Claro pl2 e MAR 20#10 variaram significativamente em relação ao tempo (100% e 96,67%, respectivamente), com maiores valores obtidos em janeiro. Na avaliação da área abaixo da curva do progresso das doenças, não houve diferença significativa entre os genótipos. Os valores de herdabilidade e razão CVg/CVe para severidade de septoriose além de não significativos, foram considerados baixos,

sugerindo variação genética menor que ambiental para severidade. Com relação à correlação fenotípica entre incidência e severidade observou-se correlação forte e mediana ( $r_f=0,62$ ), como já esperado.

**Palavras-chave:** *Septoria passiflorae*; *Passiflora edulis* Sims; resistência; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** A Fundação Universidade de Brasília, ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e a Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.

## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Avaliação da Resistência de Genótipos de Maracujazeiro Azedo à Antracnose, sob Condições de Campo<sup>1</sup>Márcio de Carvalho Pires<sup>2</sup>; Clarissa Campos Ferreira<sup>3</sup>; Michelle Souza Vilela<sup>4</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>5</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>6</sup><sup>1</sup>Trabalho executado com recursos dão CNPq, CAPES e FUB; <sup>2</sup>Professor Adjunto, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, mcpires@unb.br; <sup>3</sup>Pós-graduanda, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4,5</sup>Professores Adjunto e Titular, Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>6</sup>Pesquisador Embrapa Cerrados, Brasília, Distrito Federal

Apesar de ocupar um lugar de destaque dentre os maiores produtores de maracujá, o Brasil ainda apresenta uma produtividade baixa, visto que fatores como cultivo de variedades inadequadas, características genéticas das plantas, e problemas fitossanitários limitam o potencial produtivo da cultura. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a reação de genótipos de maracujazeiro azedo a antracnose, em condições de campo, no Distrito Federal. Foram utilizados 22 genótipos, num delineamento de blocos casualizados, em arranjo (esquema) de parcela subdividida, sendo as parcelas formadas pelas épocas de avaliação e as subparcelas formadas pelos genótipos. Foram utilizadas seis plantas por parcela e três repetições. Foram realizadas três avaliações de severidade e incidência, de

janeiro a março de 2016, estimadas de acordo com escala diagramática. Houve efeito significativo da interação genótipos *versus* épocas de avaliação de incidência e severidade da doença. Não foi verificada diferença significativa na incidência média da antracnose entre as três épocas analisadas. Esta variou entre 13,45% na época 1 e 24,47% na época 3. Já para severidade média observou-se diferença significativa nas três épocas, sendo que na época 1, foi identificada a menor severidade média com 1,15. Todos os genótipos foram classificados como moderadamente susceptíveis à doença. Foram encontrados valores baixos de herdabilidade e razão CVg/CVe, indicando que métodos simples de melhoramento genético, como seleção massal, não serão efetivos para selecionar plantas resistentes a antracnose, nas condições de campo.

**Palavras-chave:** Resistência; *Colletotrichum gloeosporioides*; genótipos; seleção.

**Agradecimentos:** Fundação Universidade de Brasília, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.





Foto: Alexandre Moreira Veloso



## MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

## Correlação entre os Caracteres Produtividade de Ramas e de Raízes em Acessos de Batata-Doce

Rosa Maria de Deus de Sousa<sup>1</sup>; Geovani Bernardo Amaro<sup>2</sup>; José Ricardo Peixoto<sup>3</sup>;  
Larissa Pereira de Castro Vendrame<sup>2</sup>; Paula Andrea Osorio Carmona<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Estudante de pós-graduação Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, rosamdsf@yahoo.com.br;

<sup>2</sup>Pesquisadores Embrapa Hortaliças Brasília, Distrito Federal; <sup>3</sup>Professor Titular Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal; <sup>4</sup>Doutora Fundação Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal

A batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) é uma cultura que apresenta boa produtividade e resistência a pragas, possui um alto valor nutritivo é um alimento energético devido ao elevado teor de amido nas raízes, fornece quantidades consideráveis de sais minerais, principalmente cálcio e ferro e vitaminas do complexo B e C, e vitamina E, essencial para a saúde da pele. No Brasil, a utilização de ramas de batata-doce na alimentação animal é feita em escala bastante limitada. A associação entre características de interesse econômico é importante no melhoramento genético, principalmente no estudo das respostas correlacionadas. O objetivo deste trabalho foi verificar correlações fenotípicas entre os caracteres produtividade de ramas e produtividade de raízes em 102 acessos de batata-doce do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) mantido na Embrapa Hortaliças. O experimento foi instalado na Embrapa

Hortaliças, em Brasília, DF, no período de novembro de 2014 a maio de 2015, utilizando acessos do banco de Germoplasma, no delineamento em blocos aumentados, com 100 tratamentos regulares (acessos do BAG) e dois tratamentos comuns (CNPH0001 e CNPH1205), respectivamente, Cada parcela experimental foi constituída de 10 plantas no espaçamento: 0,85 x 0,30 m e 0,80 m entre parcelas. Total da parcela 2,55 m<sup>2</sup>. Foram avaliadas as características de produtividade de ramas e produtividade de raízes após seis meses de plantio, utilizando balança digital, os valores foram extrapolados em toneladas por hectare. Para o cálculo da correlação entre os caracteres, utilizou - se o Software Assisat versão 7.7. Ao avaliar a massa fresca das raízes, constatou-se que 42 % dos acessos apresentaram produtividade média de raízes entre 10 e 15 t.ha<sup>-1</sup>, e 22.5 % dos acessos com mais de 21 t.ha<sup>-1</sup>. Na análise do peso de

massa fresca foram encontrados 33 % dos acessos com produtividade de ramas acima de 10 t.ha<sup>-1</sup>, a maioria dos acessos estudados apresentaram produtividade abaixo deste valor. Constatou-se a ocorrência de correlação significativa (0,64) entre as variáveis analisadas. Esta correlação permite a seleção de acessos com alta produtividade de raízes e baixa produtividade de ramas, interessantes para facilitar a colheita, especialmente mecanizada, como também acessos com dupla aptidão, alta produtividade de raízes para mesa e ramas para alimentação animal.

**Palavras chave:** *Ipomoea batatas*; melhoramento genético; seleção indireta; blocos aumentados.

**Agradecimento:** Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro.

## RECURSOS GENÉTICOS (MENÇÃO HONROSA)

## Aspectos Relativos à Fenologia das Cultivares de Maracujá Silvestre BRS Maracujá Maçã, BRS Pérola do Cerrado e BRS Sertão Forte

Clotildes Neves da Silva<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>; Ana Maria Costa<sup>2</sup>; Francisco Pinheiro de Araújo<sup>3</sup><sup>1</sup>Universidade de Brasília, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: clohnevevssilva@hotmail.com;<sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil

Devido às variações sazonais, grandes parte da produção comercial no Brasil é afetada e o conhecimento da dinâmica fenológica das plantas é indispensável para a elaboração de estratégias de conservação e manejo de espécies. Objetivou-se avaliar o comportamento fenológico de três cultivares de maracujá silvestre no período de setembro de 2015 a outubro de 2016, nas condições do Cerrado do Planalto Central, em Planaltina - DF. Foram analisados os períodos de floração e frutificação em condições naturais para as cultivares BRS Maracujá Maçã (BRS MM), BRS Pérola do Cerrado (BRS PC) e BRS Sertão Forte (BRS SF) para verificar o início, a duração e o término dessas fenofases. As observações ocorreram semanalmente em campo, sendo realizados registros fotográficos digitais, em plantas de cada cultivar aleatoriamente marcadas em cada área, com a finalidade de identificar os estádios reprodutivos e

alterações morfológicas durante a fenologia reprodutiva da espécie. Foram marcados cinco botões florais, os quais foram acompanhados semanalmente até a maturação do fruto, considerando-se como ponto final a abscisão dos frutos. A cada início de mês também foi realizada uma contagem de botões, flores e frutos para a análise da produção ao longo do ano. Para tanto, foram delimitados três espaços de um metro de espaladeira de forma aleatória em cada área de cada espécie-cultivar onde foram contabilizados o número total de botões, flores e frutos. As cultivares BRS MM, BRS PC e BRS SF, apresentaram os maiores valores de botões florais mais flores: 182, 361 e 198; frutos: 91, 77 e 75, respectivamente. E para as mesmas variáveis apresentaram os menores valores de botões florais mais flores: 13, 53 e 19; frutos: 15, 14 e 10, respectivamente, ao longo de um ano de avaliação. O período de floração em

condições naturais para essas três espécies em estudo é do tipo contínuo, no qual há a produção de flores ao longo de todo o ano, ao contrário do que se observa para a espécie de maracujazeiro azedo *Passiflora edulis* Sims que apresenta uma entressafra devido à redução do comprimento do dia e redução da temperatura e umidade relativa do ar. Os padrões fenológicos variaram entre as espécies observadas.

**Palavras-chave:** Caracterização fenológica; *P. maliformis*; *P. setacea*; *P. cincinnata*.

**Apoio:** CNPq.

## RECURSOS GENÉTICOS (MENÇÃO HONROSA)

## Recomendações e Ajustes nos Descritores Utilizados no Processo de Proteção de Cultivares de Maracujazeiros

Kenia Gracielle da Fonseca<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>; Ana Maria Costa<sup>2</sup>; Onildo Nunes de Jesus<sup>3</sup><sup>1</sup>Universidade de Brasília, Agronomia; Brasília, DF, Brasil, e-mail: kenia.gfonseca@gmail.com ; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, DF/Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA/Brasil

Neste trabalho, objetivou-se realizar ajustes no documento orientador do MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento) por meio da validação de descritores morfoagronômicos utilizados nos processos de proteção de cultivares de *Passiflora edulis* Sims (maracujazeiro azedo) e outras espécies do gênero *Passiflora* ssp. (maracujazeiros silvestres e ornamentais). Foi realizada a validação de 25 descritores morfoagronômicos para *Passiflora edulis* Sims e 33 descritores morfológicos para *Passiflora* ssp., propostos pelo SNPC, órgão vinculado ao MAPA. Para isso, foram avaliadas três cultivares de maracujazeiro-azedo e seis cultivares de outras espécies e híbridos interespecíficos do gênero *Passiflora*, em diferentes sistemas de produção. Verificou-se equívocos na avaliação dos descritores devido à deficiência de informações no documento orientador do MAPA e também

devido ao efeito genótipo x ambiente. Foram sistematizados e sugeridos vários ajustes no documento orientador do MAPA, incluindo a elaboração de dois manuais ilustrados para aplicação de descritores de *Passiflora edulis* Sims e outras espécies e híbridos do gênero *Passiflora* spp. Os ajustes sugeridos em comum para os dois manuais foram: inclusão do termo predominante em coloração do ramo; inclusão do termo fímbrias em diâmetro da corona; inclusão do termo comprimento em diâmetro longitudinal do fruto e largura em diâmetro transversal; inclusão de classes nos descritores comprimento do limbo foliar, largura máxima do limbo foliar, diâmetro da corona, diâmetro longitudinal do fruto, diâmetro transversal do fruto, coloração da casca e coloração de polpa; inclusão de novos descritores (diâmetro da flor; comprimento do androginóforo, antocianina no androginóforo, filete e estilete) e exclusão

da característica lenticelas e número de sementes. O antigo documento orientador do MAPA permitiu obter uma alta taxa de validação de diferentes espécies do gênero *Passiflora*, entretanto, essa taxa poderia ser maior. Com os ajustes sugeridos e obtenção dos novos manuais práticos ilustrados, é possível obter uma melhor diferenciação das cultivares de *P. edulis* e de outras espécies do gênero *Passiflora*, por meio de uma caracterização mais precisa e acurada, contribuindo para os processos de proteção de cultivares desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Passiflora* ssp.; caracterização; ensaios de DHE; validação; interação genótipo x ambiente.

**Apoio:** CNPq; CAPES; MAPA.





## RECURSOS GENÉTICOS

## Transmutação Sexual em Teosinto

Everaldo Anastácio Pereira<sup>1</sup>; Carlos Roberto Spehar<sup>1</sup>; Pedro Gouveia de Azevedo Maia<sup>1</sup><sup>1</sup>Universidade de Brasília, Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF, e-mail: everaldo@unb.br.

Os estudos teóricos e práticos de George W. Beadle, na década de 1930, na Universidade de Cornell sedimentaram as evidências de parentesco entre o teosinto e o milho, favorecendo as hipóteses de origem do milho e do teosinto. O gênero *Zea* contém diversas espécies e subespécies botânicas. O milho é classificado botanicamente como *Zea mays ssp. mays*, os outros táxons são denominados Teosinto(s). Embora todos os táxons sejam monóicos, o milho diferencia-se por sua dominância apical, em um colmo único, que não bifurca e nem perfilha. As outras espécies de *Zea*, tanto perfilham como bifurcam e produzem inflorescências femininas nas axilas de várias folhas e inflorescências masculinas na porção distal do colmo principal e das ramificações laterais. No milho, a espiga (inflorescência feminina), única ou não, representa a terminação de uma bifurcação caulinar curta, de cujos nós surgem

folhas atrofiadas, sem lâmina, contendo apenas a bainha, ou palha da espiga, desprovida da inflorescência masculina em sua extremidade, como no teosinto. Desta feita, verifica-se que a espiga do milho ocupa posição homóloga a inflorescência masculina do teosinto. Hugh H. Iltis, professor emérito de botânica da universidade de Wisconsin, estudioso da domesticação do milho, acreditava que a espiga derivou de uma estrutura masculina e a esse fenômeno, em 1983, denominou de “transmutação sexual catastrófica”, associando a ele efeitos drásticos, como: mudança de sexo, encurtamento e espessamento do eixo da inflorescência (“sabugo” do milho) e também ao encurtamento do escapo floral. Há cerca de cinco anos tem-se verificado em algumas plantas de teosinto mantidas, naturalmente, no “Museu do Milho” sito à Estação Experimental de Biologia da Universidade de

Brasília a ocorrência de brotações vegetativas adventícias na inflorescência masculina do ramo principal (fecha modificada). A hipótese de sintoma da doença “crazy top”, causada por *Sclerophthora macrospora* até o momento não se confirmou, diferentes fitopatologistas que examinaram plantas com o sintoma não encontraram o patógeno. Por outro lado verifica-se que as plantas que apresentam a fecha modificada: não perfilham, pouco bifurcam e não produzem flores femininas. Algumas plântulas obtidas via reprodução vegetativa natural de estruturas da fecha modificada produziram frutos em número reduzido, permitindo a continuidade dos estudos.

**Palavras-chave:** *Zea*; origem; introgressão; recursos genéticos; Iltis.

**Apoio:** UnB.

## Diversidade Genética de *Passiflora* Spp. Baseada em Descritores Qualitativos, Quantitativos e Moleculares

Jamile da Silva Oliveira<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>; Marcelo Libindo Viana<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: jамile.oliveira54@gmail.com;

<sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>UPIS, Planaltina, Distrito Federal, Brasil

Neste trabalho, objetivou-se quantificar a diversidade genética de acessos de *Passiflora* spp. usando descritores qualitativos multicategóricos, quantitativos e marcadores moleculares. O estudo foi realizado na Embrapa Cerrados, Planaltina-DF. Foram caracterizados 15 acessos de *Passiflora* spp. Foram obtidos 58 descritores multicategóricos, sendo 23 de folhas, 25 de flores e 10 de frutos. Foram avaliados 14 descritores quantitativos, sendo oito de flores e seis de frutos. Foram também obtidos e analisados dezenas de marcadores moleculares RAPD e ISSR para cada um dos acessos. Matrizes de distâncias genéticas, com base nos descritores qualitativos multicategóricos, quantitativos, marcadores moleculares ISSR e RAPD foram calculadas e análises de agrupamento foram realizadas, utilizando o método do UPGMA como critério de agrupamento. Foi realizada a análise descritiva (mínimo, média, máximo, variância e desvio padrão) das estimativas de distâncias genéticas obtidas com base nos diferentes grupos de características,

bem como estimadas as correlações entre tais estimativas. A diversidade genética existente entre os acessos de *Passiflora* spp. é evidenciada pela amplitude e variância de valores de distâncias genéticas estimadas com base em todos os grupos de características. Houve também uma grande variação nos valores mínimos e médios de distâncias genéticas, sendo que as distâncias obtidas com base nos descritores quantitativos apresentaram o menor valor mínimo (0,08) e menor média (12,82). As demais distâncias genéticas estimadas com base nos demais grupos de características apresentaram valores mínimos e médios mais próximos entre si. Houve correlação positiva e significativa entre as distâncias genéticas estimadas com base nos descritores qualitativos multicategóricos e marcadores moleculares. Não houve correlação significativa entre as distâncias genéticas estimadas com base em descritores quantitativos e demais descritores. Descritores qualitativos multicategóricos, quantitativos e marcadores

moleculares ISSR e RAPD são ferramentas de grande utilidade para a caracterização e estudos de diversidade genética de acessos de *Passiflora* spp. Estes resultados também indicam que não se deve realizar uma análise conjunta utilizando grupos de características tão distintos em uma mesma análise de diversidade genética, pois, pode-se levar a conclusões inadequadas a respeito dos recursos genéticos estudados, mesmo que se tenha utilizado os grupos de características adequados para cada material e realizado a coleta dos dados de forma correta. As dissimilaridades genéticas estimadas com base nos descritores qualitativos multicategóricos e marcadores moleculares não apresentaram correlação com os descritores quantitativos, evidenciando a complementaridade dos diferentes grupos de características no estudo da diversidade genética de *Passiflora* spp.

**Palavras-chave:** Banco de germoplasma; maracujá; análise multivariada; recursos genéticos.

Apoio: CAPES.



## RECURSOS GENÉTICOS

## Caracterização de Cultivares de Maracujá Azedo d Doce Utilizando Descritores Preconizados pelo SNPC-Mapa

João Pedro Basso<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Jamile da Silva Oliveira<sup>3</sup>; Marcelo Libindo Viana<sup>1</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UPIS, Planaltina, Distrito Federal, Brasil, e-mail: jotapbasso@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil; <sup>3</sup>Universidade de Brasília – UnB, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil

O Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC-MAPA) estabeleceu em 2008 e revisou em 2016 as orientações para a proteção de cultivares de *Passiflora edulis* Sims (maracujá azedo) e outras espécies de maracujá (*Passiflora* spp.). Neste trabalho, objetivou-se caracterizar as cultivares BRS MJ (BRS Maracujá Jaboticaba) e BRS MC (BRS Mel do Cerrado) utilizando-se os descritores estabelecidos pelo SNPC-MAPA. O estudo foi realizado na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. O BRS MC apresenta folhas simples do tipo elíptica, glabra e de coloração verde, com comprimento e largura média. Apresenta quatro nectários distribuídos ao longo do pecíolo, esse é de tamanho médio, variando de 2 a 4 cm. Possui belas flores pendentes, grandes (→ 9 - 12 cm) e de antese matutina, de tamanho médio e com perfume muito agradável. Com formato do hipanto

campanulado e uma flor por nó. Apresenta coloração predominante do perianto vermelho-arroxeadado, os filamentos da corona são ondulados, com listas brancas e arroxeadas. O BRS MJ apresenta folhas do tipo fendida, com divisão do limbo foliar do tipo trilobado e com profundidade média dos sinus. As folhas são verdes e glabras; as bordas do limbo foliar são do tipo serrilhada. As folhas são de comprimento médio e largas, com um número mediano de nectários (2 – 4), localizados marginalmente na folha. O pecíolo da folha é de comprimento médio (2 - 4 cm), com um par de nectários localizados adjacentes ao limbo foliar. As flores são pequenas e com coloração predominante do perianto branca; as flores são do tipo campanuladas, apresentando uma flor por nó. Apresenta antese no período vespertino. Não apresenta pigmentação com antocianina nas brácteas

e sépalas dos botões florais. O diâmetro dos filamentos da corona é pequeno (→ 5 cm), apresentando um anel colorido nos filamentos da corona; os filamentos mais longos da corona são ondulados. As flores apresentam uma fraca pigmentação com antocianina no estilete e média no estilete e androginóforo. A caracterização morfoagronômica baseada nos descritores preconizados pelo MAPA contribuiu para a clara diferenciação fenotípica das cultivares BRS MJ e BRS MC, subsidiando o processo de pedido de proteção destas cultivares.

**Palavras-chave:** Maracujá; BRS Mel do Cerrado; BRS Roxo Jaboticaba; caracterização morfoagronômica.

**Apoio:** CAPES.



Foto: Fábio Gelape Faleiro

## RECURSOS GENÉTICOS

Propagação Vegetativa de Acessos Elite de *Passiflora Alata* Curtis

Marcelo Libindo Viana<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Jamile da Silva Oliveira<sup>3</sup>; Carolina Gomes Viana<sup>1</sup>; João Pedro Basso<sup>1</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UPIS, Planaltina, Distrito Federal, Brasil, e-mail: faz.nsa@gmail.com; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil;

<sup>3</sup>Universidade de Brasília – UnB, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil

A propagação vegetativa permite obter plantas com mesma genética da planta matriz e esta clonagem apresenta inúmeras aplicações em programas de caracterização e uso de germoplasma, em programas de melhoramento genético e a nível comercial com a produção de mudas uniformes e com alta qualidade genética. Objetivou-se avaliar de forma mais ampla a capacidade de enraizamento de acessos de *P. alata*. O estudo foi realizado no Setor de Casas de Vegetação, Irrigação e Viveiros da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF. O experimento foi montado no delineamento inteiramente casualizado com sete tratamentos (acessos elite de *P. alata*) e três repetições, sendo cada parcela formada por seis estacas. As estacas foram coletadas no Banco de Germoplasma ‘Flor da Paixão’ e nas populações de melhoramento na Unidade de Apoio da Fruticultura da Embrapa Cerrados.

Foram avaliadas a % de estacas vivas, % de estacas com folhas, % de estacas com brotos e o índice de enraizamento. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo Teste de Tukey a 1% de probabilidade. Para todas as variáveis analisadas foram observadas diferenças estatísticas significativas, indicando haver diferença entre os acessos avaliados quanto ao potencial de enraizamento e pegamento de mudas por meio da propagação vegetativa. A variável estacas vivas variou de 33% a 100%, estacas com folhas de 0% a 94, estacas com brotos de 0% a 33% e o índice de enraizamento variou de 0,78 a 2,50. Todas as variáveis analisadas apresentaram grande variação, porém, de forma geral, a espécie *P. alata* apresenta sucesso no enraizamento por meio da propagação vegetativa. Os acessos de *P. alata* demonstraram diferentes

respostas à capacidade de enraizamento por meio das variáveis avaliadas, indicando que o fator genético interfere no enraizamento dos acessos.

**Palavras-chave:** Passifloraceae; maracujá-doce; propagação assexuada; enraizamento.

**Apoio:** CNPq.



## Avaliação de Danos na Área Foliar de Acessos Elite de *P. Edulis* e *P. Alata* Causados por *Agraulis Vanillae Vanillae*

Tamara Esteves Ferreira<sup>1</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>2</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>2</sup>; Jamile da Silva Oliveira<sup>1</sup>; Silvana Vieira de Paula Moraes<sup>2</sup>; Alexandre Specht<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília – UnB, Agronomia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, e-mail: tamaraeferreira@yahoo.com.br; <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, Planaltina, Distrito Federal, Brasil

Entre as espécies de lagartas que causam desfolhamento em Passifloras, *Agraulis vanillae vanillae* é considerada uma das principais. Neste trabalho, objetivou-se avaliar danos foliares de acessos elite de *P. edulis* e *P. alata* causados por *Agraulis vanillae vanillae*. Foram avaliados 31 acessos na primeira avaliação realizada na primavera de 2015 e 25 acessos na segunda avaliação realizada no verão de 2016, no Banco de Germoplasma ‘Flor da Paixão’. Foram cultivadas 3 plantas de cada acesso, as quais foram submetidas à uma alta infestação natural das lagartas. Doze folhas novas de cada acesso foram amostradas na região mediana das plantas. Modelos de estimativa de área foliar, com base em dimensões lineares, foram utilizados para estimar a porcentagem de % da área foliar consumida. Foi realizado a análise de variância e as

médias foram agrupadas utilizando o teste Scott-knott a 1% de probabilidade. Na primeira época de avaliação as médias dos 31 acessos foram agrupadas em oito grupos e na segunda época houve a formação de sete grupos. Na primeira avaliação houve maior ataque natural das lagartas, mostrando que na primavera a quantidade de lagartas foi maior e a severidade do ataque também foi maior. Na primeira época, 17 acessos atingiram 100% da área foliar consumida, envolvendo acessos de *P. alata* e *P. edulis* e os que tiveram menor área foliar consumida foram os acessos de *P. alata* (CPAC MJ-02-12S) e (CPAC MJ-02-21). Na segunda época de avaliação no verão, cinco acessos tiveram 100% da área foliar consumida, sendo quatro acessos de *P. edulis* e um acesso de *P. alata* e seis acessos apresentaram menor área foliar consumida, sendo quatro acessos de *P. alata*

e dois de *P. edulis*. Na segunda época de avaliação, no verão, a quantidade de acessos com menor área foliar consumida foi maior que na primeira avaliação, na primavera. Os acessos avaliados apresentaram desempenho bem diferente quanto a susceptibilidade ao ataque das lagartas, indicando a possibilidade de identificação de fontes de resistência a esse inseto para uso no programa de melhoramento genético. De forma geral, acessos de *P. edulis* foram mais susceptíveis que acessos de *P. alata*.

**Palavras-chave:** Passifloraceae; maracujá-azedo; maracujá-doce; potencial genético.

**Apoio:** CNPq.



Foto: Alexandre Moreira Veloso

S I M P Ó S I O

# MELHORAMENTO DE PLANTAS

17 e 18 de novembro de 2016  
Brasília, DF

*variabilidade genética,  
ferramentas e mercado*

## Apoio



Serviço Nacional de  
Aprendizagem Rural

## Patrocínio



ABRASEM



**morinaga**  
sementes



FUNDAÇÃO BA

## Promoção



**SBMP**  
Regional/DF

## Organização



FAV/UnB



MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA  
E ABASTECIMENTO



Designer gráfico:  
**Wellington Cavalcanti**  
Embrapa Cerrados