

Adaptação genotípica regionalizada por regressão fatorial e covariáveis geográficas

Germano Martins Ferreira Costa Neto¹; Adriano Pereira de Castro²; Alexandre Bryan Heinemann³; João Batista Duarte⁴

A interação genótipo x ambiente (GA) é um fenômeno estatístico-biológico decorrente da interação multifatorial e não-aditiva entre genótipo (conjunto de genes) e o meio no qual se encontra (conjunto de fatores ambientais). O adequado estudo deste fenômeno ainda é um grande desafio biométrico, pois sua qualidade impacta diretamente na avaliação do valor de cultivo e uso (VCU) e orientação da recomendação genotípica para a região-alvo. Métodos para estudo da adaptabilidade e estabilidade, que suportam a tomada de decisão nesse processo, muitas vezes possuem baixa capacidade preditiva, são de difícil interpretação e representam diferentes conceitos. O objetivo deste trabalho foi apresentar um novo método para estudo da interação GA e recomendação regionalizada, que seja capaz de modelar a plasticidade fenotípica dos materiais na região-alvo e discriminar os tipos superiores por uma simples abordagem gráfica. O procedimento consiste na decomposição da matriz GA a partir de regressão fatorial e covariáveis geográficas (Z: latitude, longitude e altitude), em $GA = Z + \text{resíduo}$; desse modo, esperam-se captar padrões de respostas genotípicas que expliquem a soma de quadrados (SQ) de GA. A partir disso, construímos o índice de adaptação genotípica, obtido por $Ad = G + Z$; ou seja, o valor genotípico acrescido das respostas genotípicas a diferentes condições ambientais. Como Z é obtida por variáveis geográficas, é possível construir mapas com alta resolução (8,8 km x 8,8 km) para recomendação regionalizada de materiais. O ideótipo proposto é aquele com maior área ocupada por índices positivos (alta média + alta adaptabilidade) e com mínima variação nestes índices (alta estabilidade). Para demonstração da metodologia foram utilizados dados de 27 ensaios VCU do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa Arroz e Feijão, distribuídos em 7 estados (MA, PA, PI, MT, RO, TO e GO), no biênio 2012-2013. Os ensaios foram conduzidos em esquema de blocos completos casualizados ($r = 4$), contendo 12 linhagens-elite. A capacidade preditiva dos mapas foi avaliada em esquema de validação-cruzada, comparando-se as predições do modelo completo (27 ambientes) e do modelo obtido por $n=1000$ arranjos contendo 24 dos 27 ambientes. Constatou-se alta precisão (desvio preditivo médio de 0,143 t/ha; correlação de 0,8) na predição do desempenho genotípico em ambientes não amostrados. A interpretação do mapa foi comparada com metodologias de referência (AMMI, GGE-biplot, Eberhart & Russell e ecovalência). A matriz Z captou 61% da SQGA, desempenho próximo aos modelos AMMI (57,65%) e GGE-biplot (57,47%), ambos com dois componentes principais. A classificação genotípica foi concordante entre os métodos avaliados, sobretudo para discriminar os tipos com alta adaptabilidade, estabilidade e rendimento. Ainda, a espacialização do índice Ad permitiu a interpretação da estabilidade nos sentidos agrônomo e biológico. O uso de mapas simplificou a interpretação e captou mais informação que abordagens baseadas em biplots.

Apoio: CAPES e Embrapa Arroz e Feijão

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFG/Goiânia - GO, bolsista CAPES, germano.cneto@gmail.com

² Pesquisador em Melhoramento de Plantas da Embrapa Arroz e Feijão, CNPAF/Santo Antônio de Goiás – GO

³ Pesquisador em Agrofisiologia da Embrapa Arroz e Feijão, CNPAF/Santo Antônio de Goiás - GO, bolsista PQ/CNPq

⁴ Professor Associado da Escola de Agronomia, UFG/Goiânia - GO



SIGM

VII SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE
GENÉTICA E MELHORAMENTO

**DESAFIOS BIOMÉTRICOS
NO MELHORAMENTO GENÉTICO**

ANAIS



Gen Melhor

Grupo de Estudos em
Genética e Melhoramento

VIÇOSA - MG - 2016

Andréa Carla Bastos Andrade
Leonardo Volpato
Dênia Pires de Almeida
Isadora Cristina Martins de Oliveira
José Teodoro de Paiva
Michele Jorge da Silva
Murilo Viotto Del Conte
Thaís Cristina Silva
Vinícius Costa Almeida
Vitor Batista Pinto
Willian Hytalo Ludke

VII SIGM

VII Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento

1ª edição

Viçosa – MG

2016

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

S612a
2016

Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento (7 : 2016 : Viçosa, MG).

Anais [do] VII Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento / Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento, [26 e 27 de outubro de 2016], Viçosa, MG ; Organizadores Andréa Carlos Bastos Andrade ... [et al.]. – Viçosa, MG, UFV, Gen Melhor, 2016.

201 p. ; 23 cm.

ISBN 978-85-93566-01-1 (E-book)

1. Melhoramento genético - Congressos. 2. Plantas - Melhoramento genético. 3. Animais - Melhoramento genético. 4. Biologia molecular. I. Andrade, Andréa Carlos Bastos. I. Universidade Federal de Viçosa. Grupo de Estudos em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 636.0821

Sumário

Biologia Molecular	5
Genética Quantativa, Biometria e Estatística.....	25
Melhoramento Animal.....	63
Melhoramento de Plantas.....	95

Biologia Molecular

A correlação genética de caracteres de morfologia de raiz e eficiência no uso de nitrogênio em milho-pipoca em baixo N

Aloísio Fernando Silva Ribeiro¹; Cleiton de Paula da Silva²; Leonardo Alves Risso³; Henrique Morais de Oliveira⁴; Arthur Martins Almeida Bernardeli⁵; José Marcelo Soriano Viana⁶

O nitrogênio (N) é quantitativamente o principal nutriente responsável pelo crescimento e desenvolvimento de plantas. Nas últimas décadas a aplicação de fertilizantes nitrogenados tem aumentado significativamente o rendimento das culturas. No entanto, a produção deste fertilizante apresenta elevado custo em termos energéticos, além de contribuir para emissão de gases do efeito estufa. As identificações de correlação positiva entre caracteres de fácil mensuração em estádios iniciais de desenvolvimento com a eficiência no uso de N podem colaborar para a seleção de genótipos eficientes em ambientes com baixa disponibilidade deste nutriente. Diante disso, o objetivo deste estudo foi estimar a correlação genética de caracteres de morfologia de raiz e eficiência no uso de nitrogênio em milho-pipoca em baixo N. Neste sentido, foram avaliados 120 indivíduos provenientes da geração F2, 40 indivíduos da geração F1, derivados das linhagens 05-425-1(P1) x 05-274-1(P2) de milho-pipoca contrastante para os caracteres relacionados com a eficiência no uso de N. Além da geração F2 e F1, foram avaliados 40 indivíduos para cada geração parental P1 e P2, para se obter a correlação ambiental. Para isso foi realizado um experimento no delineamento inteiramente casualizado com duas repetições em casa de vegetação e cultivados em substrato contendo vermiculita e areia. No estágio v6 foram mensurados os seguintes caracteres: massa de parte aérea seca (g) massa de raiz seca (g) e massa total seca (g), eficiência no uso de N (mg mg^{-1}), diâmetro médio de raiz (mm), comprimento total de raiz (cm), área superficial de raiz (cm^2) e volume de raiz (cm^3). Houve alta correlação genética entre eficiência no uso com massa de parte aérea ($r=1.00$), massa de raiz ($r=0.46$) e massa total seca ($r=1.00$), demonstrando que estes caracteres são geneticamente relacionados à eficiência no uso. Também foi verificada alta correlação genética entre massa de raiz com comprimento de raiz ($r=0.60$), área de raiz ($r=0.70$) e volume de raiz ($r=0.71$). Neste mesmo sentido, foi verificada alta correlação entre massa total seca com massa de parte aérea e massa de raiz sendo os valores 0.89 e 0.70, respectivamente. Esta mesma tendência foi observada entre comprimento total com área de raiz ($r= 1.00$) e volume de raiz ($r=0.70$) e entre área e volume de raiz ($r=0.90$). No presente trabalho não foi observada correlação genética positiva entre eficiência no uso com diâmetro médio de raiz, comprimento, área e volume de raiz. Em termos de correlação genética, o presente trabalho indicou que a eficiência no uso de N apresenta maior associação genética com massa de parte aérea, de raiz e massa total. Contudo, a presença de correlação positiva entre comprimento, área e volume de raiz com massa de raiz podem contribuir indiretamente na seleção para eficiência no uso em baixo N.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa – MG

Análise da expressão de genes da via Hedgehog durante o desenvolvimento de conceptos suínos

Emílio Pereira de Brito Neto¹, Walmir da Silva² Karine Assis Costa³, Laene Alcantara Freitas⁴, Nathália Dutra⁵, Simone Eliza Facioni Guimarães⁶

A perda embrionária é um grande problema na produção de suínos e a viabilidade da leitegada ao nascimento é uma das principais características relacionadas ao desenvolvimento. A via Hedgehog (HH) desempenha um papel de destaque no desenvolvimento embrionário de vertebrados, pela secreção de proteínas que controlam autócrina e paracrinamente a proliferação e diferenciação celular. Muitos defeitos, doenças e perdas embrionárias em suínos são resultantes de alterações nesta via. Assim, a regulação temporal e espacial da sinalização HH é essencial para que organogênese ocorra de maneira adequada e com menores perdas embrionárias no desenvolvimento de suínos. Neste trabalho objetivou-se avaliar o envolvimento dos principais genes da via HH no desenvolvimento inicial de conceptos de fêmeas da raça local Piau e de uma linhagem Comercial. Para a realização do experimento, foram utilizadas 30 fêmeas (15 de raça Piau e 15 de linhagem Comercial), de cinco a sete meses de idade. Foi utilizado um delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 2x5 (2 grupos genéticos-GG x 5 idades gestacionais-IG) sendo as IG 15, 30, 45, 60 e 90 dias. Logo após o abate os conceptos foram coletados para estudo molecular. A expressão gênica foi avaliada mediante a técnica de qRT-PCR. As análises estatísticas da expressão gênica foram realizadas no SAS[®] 9.3 usando a macro%QPCR_MIXED (www.msu.edu/~steibelj/JP_files/QPCR.html). A interação entre GG e IG foi significativa para os genes SHH e IHH ($P < 0,05$). SHH apresentou maior expressão na raça local Piau aos 60 dias de gestação ($p = 0,0048$) em relação a linhagem Comercial. Semelhante, o gene IHH apresentou maior expressão aos 15 ($p = 0,0066$) e 60 ($p = 0,0002$) dias de gestação na raça local Piau em relação à linhagem comercial. SHH e IHH são importantes morfógenos atuantes no desenvolvimento embrionário. Atuam na polarização celular de proteínas que recrutam importantes fatores transcricionais envolvidos na proliferação e diferenciação celular. De fato, este período se caracteriza por uma intensa diferenciação celular com grandes alterações morfológicas, indicando um importante ponto de controle destes eventos moleculares. Além disto, quando se analisou o comportamento dos genes entre as idades gestacionais em cada genética, observou-se que na raça local Piau, houve um aumento da expressão de ambos os genes somente nas idades de 60 e 90 dias de gestação. Por outro lado, na linhagem Comercial o aumento na expressão destes genes se deu principalmente nas idades mediais de 30-45 dias de gestação. Esta sincronia na expressão genica é fundamental para que os eventos que direcionam a diferenciação e formação de órgãos e tecidos ocorram. Além disso, dados do nosso grupo de pesquisa tem mostrado algumas correlações do desempenho reprodutivo com os genes avaliados. Desta forma, a modulação da expressão dos genes da via HH parecem estar relacionados com características que influenciam a viabilidade dos leitões nascidos.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Doutorado em Medicina Veterinária, UFV/Viçosa-MG emilionetovet@yahoo.com.br

² Técnico LABTEC/UFV, Doutorando em Bioquímica Aplicada, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Doutorando em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁵ Estudante de graduação em Bioquímica, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁶ Professor Associado do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG

Análise da fidelidade genética de plântulas de *Kalanchoe daigremontiana* micropropagadas

*Antônia Maiara Marques do Nascimento*¹; *Maílson Monteiro do Rêgo*²; *Ângela Maria dos Santos Pessoa*³; *Bruna de Brito Souza*⁴; *Kaline da Silva Nascimento*⁵; *Elizanilda Ramalho do Rêgo*⁶

Kalanchoe daigremontiana pertence ao gênero *Kalanchoe*, e apresenta expressiva importância econômica devido as suas propriedades contra tumores, insetos, e por seu metabolismo (CAM). Esta espécie pode ser propagada através da propagação vegetativa ou pela micropropagação. Esta última produz plantas em larga escala e isentas de patógenos, uma vez que utiliza condições controladas de cultivo. Entretanto, esta técnica pode causar a variação somaclonal, o que é indesejável quando se busca produção de clones. Um dos marcadores moleculares mais eficientes para detectar a variação somaclonal é o RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), pois tem a capacidade de produzir marcadores polimórficos abundantes, dentro de um período curto de tempo. Assim, o objetivo deste trabalho, foi avaliar a fidelidade genética das plântulas desenvolvidas por meio de marcadores RAPD. O experimento foi realizado no Laboratório de Biotecnologia Vegetal-CCA/UFPB. Para tanto, foi utilizado o protocolo de extração do DNA genômico conforme a metodologia descrita por Ferreira e Grattapaglia, Para isso, foi extraído DNA de folhas jovens de plântulas desenvolvidas sob diferentes condições *in vitro*, e as reações de PCR foram conduzidas usando 12 *primers* RAPD. Dos 12 *primers* testados, 92% apresentaram amplificações. Estes *primers* geraram 112 bandas bem definidas com uma média de 10,18 bandas por iniciador. Observou-se que as plântulas apresentam-se fenotipicamente diferentes, desde a quantidade de raízes entre as plantas, até o número de folhas, mesmo mantidas sob diferentes condições de cultivo (meio de cultivo, luminosidade, e fonte de carbono). Entretanto, no perfil eletroforético de RAPD todas as bandas são monomórficas, mostrando que não existe variação somaclonal entre plântulas de *K. daigremontiana* oriundas do cultivo *in vitro*, quando comparado ao perfil da planta matriz com base nos *primers* testados, indicando que a variação encontrada foi apenas fenotípica. Pode-se concluir, que as plântulas de *K. daigremontiana* desenvolvidas *in vitro* mantiveram o mesmo perfil genético da planta matriz.

Apoio: CAPES e CNPq

Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, maiara2011.marques@gmail.com

² Professor Adjunto do Departamento de Ciências Biológicas, UFPB/Areia - PB

³ Doutoranda do curso de Agronomia, UFPB/Areia-PB

⁴ Estudante de graduação, UFPB/Areia - PB, Bolsista PIBIC/CAPES

⁵ Doutoranda do curso de Agronomia, UFPB/Areia-PB

⁶ Professora Adjunta do Departamento de Ciências Fundamentais e Sociais, UFPB/Areia - PB

Avaliação da estabilidade ao calor de Ser2 recombinante em leite UHT desnatado, semi-desnatado e integral

Cleonice Aparecida Salgado¹; Maria Cristina Dantas Vanetti²; François Baglinière³

Antes de ser tratado termicamente, o leite é armazenado e transportado em temperaturas de refrigeração para minimizar o crescimento de micro-organismos deterioradores. Porém, esta medida não previne o crescimento de bactérias psicrófilas, que podem produzir enzimas proteolíticas resistentes aos tratamentos térmicos utilizados na indústria. Dentre estes psicrófilos, *Serratia liquefaciens* apresenta alto potencial deteriorador e produz a enzima Ser2, uma metaloprotease extracelular, cuja termorresistência no leite ainda não foi caracterizada. Com o objetivo de entender a associação desta protease com a deterioração do leite, Ser2 foi clonada, expressa, purificada e caracterizada quanto à estabilidade ao calor em leite UHT desnatado, semi-desnatado e integral. Para isso, o gene *ser2* foi amplificado a partir do DNA genômico de *S. liquefaciens* L53 por PCR. Em seguida, *ser2* foi inserido no plasmídeo de expressão pET28a, que contém sequências adjacentes aos locais de clonagem responsáveis por codificar a cauda de histidina, para gerar o plasmídeo pET28a-SER2. O plasmídeo recombinante foi transformado em *Escherichia coli* BL21 e, para selecionar os transformantes, foi feito o cultivo em meio LB contendo canamicina. A proteína recombinante foi expressa após indução com IPTG e possui His-Tag, uma cauda de resíduos de histidina que tem alta afinidade por níquel, facilitando a purificação por cromatografia de afinidade. A estabilidade de Ser2 ao calor foi avaliada em leite UHT desnatado, semi-desnatado e integral a 65 °C e 72 °C durante 300 min. Imediatamente após o tratamento térmico, a atividade proteolítica residual foi determinada utilizando azocaseína como substrato. Os resultados foram expressos em $\log(A_{366nm})$ em função do tempo de tratamento térmico. O valor D , tempo necessário para reduzir 90% da atividade da enzima, foi determinado, e a taxa de inativação (constante k) calculada pela equação $k = 2,303 / D$. O tempo de meia-vida ($t_{1/2}$) foi calculado por $t_{1/2} = \ln(2) / k$. A massa molar da enzima purificada (≈ 50 kDa) foi determinado por eletroforese (SDS PAGE). Os parâmetros cinéticos, valor D e $t_{1/2}$, nos três tipos de leite diminuíram linearmente com o aumento da temperatura e do tempo de aquecimento. Os valores D e $t_{1/2}$ da protease purificada foram mais baixos no leite desnatado do que no leite semi-desnatado e integral, indicando que Ser2 foi mais estável na presença da gordura do leite. Esta protease apresentou atividade residual entre 87 e 95%, após um tratamento térmico a 65 °C durante 30 min. Quando submetida a tratamento a 72 °C durante 20 s, não se observou redução da atividade da protease. Estes resultados destacam a participação da protease termorresistente na desestabilização do leite, com prejuízos à indústria de laticínios. Informações sobre esta enzima termorresistente possibilitará estudos que busquem controlar a sua produção e atividade no leite reduzindo diversos problemas tecnológicos em produtos lácteos.

Apoio: CNPq e CAPES

Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Estudante Não-Vinculado Pós-graduação, UFV/ Viçosa-MG, cleonice.salgado@ufv.br

² Professora titular do Departamento de Microbiologia, UFV/ Viçosa-MG, bolsista CNPq

³ Pós-doutorando do Departamento de Microbiologia, UFV/ Viçosa-MG, bolsista Jovens talentos/ CAPES.

Avaliação de diversidade genética de estoques de reprodutores *Leiarius marmoratus* utilizando marcador microsatélite *Phrac 2*

*Milene Rodrigues Dias*¹; *Eric Costa Campos*²; *Caroline Michele Marinho Marciano*²; *Annaiza Braga Bignardi*³; *Rodrigo Junqueira Pereira*³ e *Denise Rocha Ayres*³

A espécie de peixe *Leiarius marmoratus* (jundiá amazônico) ganhou destaque na piscicultura por apresentar boas características produtivas, como a resistência ao manejo e a eficiência alimentar, além da qualidade e aceitação da carne no mercado consumidor. Para garantir a contribuição da espécie, com a maximização dos índices de produção, é fundamental que se conheça a mesma, principalmente quanto as suas informações genéticas. Assim, o objetivo com este estudo foi avaliar a diversidade genética em duas amostras populacionais do jundiá amazônico. Inicialmente foram coletadas amostras, de aproximadamente 0.5cm², da nadadeira de peixes pertencentes a duas pisciculturas localizadas em Mato Grosso (MT) e Rondônia (RO), respectivamente. A partir das amostras houve a extração do DNA das nadadeiras, utilizando o protocolo de Lopera-Barrero (2008), em que estas foram colocadas em tubos de 1,5mL, aos quais foram adicionados 550µL de tampão lise (50mM de Tris-HCL, 50 mM de EDTA, 100 mM de NaCl e 1% de SDS) e 7µL de proteinase K (200µg/mL). Em seguida foram incubadas em banho-maria a 50°C overnight. Posteriormente, o DNA foi purificado com 400uL de cloreto de sódio (5 M) e centrifugado por 10 minutos a 14.000 rpm, e então precipitado com 400µL de etanol absoluto. O DNA precipitado foi lavado com etanol 70%, ressuspenso em TE (10mM de Tris e 1 mM de EDTA) e tratado com 6 µL de RNase (30 µg/mL) em banho-maria a 38° por uma hora. Após esta etapa houve a amplificação do DNA genômico em um volume de reação de 20µL, com utilização do tampão 1X Tris-KCL, 2,0 mM de MgCl₂, 0,2 mM de cada dNTP, 20 ng de DNA, 0,8µM do par do primer *Phrac 2* (GGGTTCTCTGCAGTATATTCAAGA e ACCCTCCGGTTACAAGACC), e uma unidade de Plantinun Taq DNA Polimerase. Utilizando um termociclador as amostras de DNA foram desnaturadas a 94°C por quatro minutos e, posteriormente, realizados 30 ciclos que consistiram de: 30 segundos de desnaturação a 94°C, 30 segundos de anelamento à 61,4°C e um minuto de extensão a 72°C, por 10 minutos. As amostras amplificadas foram submetidas à eletroforese em gel de poliacrilamida (10%) por 900 minutos com corrente de 20 mA e voltagem de 150. Para a visualização dos alelos microsatélites, utilizou-se a coloração com nitrato de prata, segundo protocolo descrito por Bassam et al. (1991). Para o *locus* avaliado foram encontrados 2 alelos de 30 e 50 pares de bases (pb) em ambas amostras populacionais. Para as amostras provenientes do MT foi observada maior frequência alélica do alelo de tamanho 30 pb (0,7292), enquanto que para as amostras provenientes de RO, a maior frequência alélica observada (0,3056), ocorreu para o alelo de 50 pb. O cálculo do coeficiente de endogamia pela escala Wright (1978), mostrou que as duas populações avaliadas apresentaram excesso de heterozigotos, verificado pelos valores negativos para as amostras de MT (-0,3647) e RO (-0,4235). Logo, a variabilidade genética encontrada permite a obtenção de ganhos genéticos por seleção.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Estudante de graduação, UFMT/Rondonópolis-MT, md.rodrigues07@gmail.com

² Estudante de graduação, UFMT/Rondonópolis-MT

³ Professor Adjunto do Curso de Zootecnia, UFMT/Rondonópolis-MT.

Avaliação in vitro da viabilidade celular em diferentes concentrações de lisina

Laene Alcântara Freitas¹; Simone Eliza Facioni Guimarães²; Marcio de Souza Duarte³; Walmir Silva⁴; Carolina Filardi de Campos⁵; Darlene Ana Souza Duarte⁶

A lisina é um aminoácido essencial, comumente suplementado na dieta com o intuito de obter maior ganho de peso em animais de produção. Sabe-se que sua utilização é muito eficaz em crescimento e ganho de peso, mas não se sabe até o momento, quais os mecanismos moleculares envolvidos na metabolização da lisina pelo músculo para que se obtenha este efeito. Neste contexto, o cultivo celular, principalmente com células de linhagem muscular, C2C12, tem sido utilizado para melhor compreensão dos mecanismos envolvidos em crescimento e desenvolvimento muscular. Objetivou-se determinar a concentração de lisina que afeta a viabilidade celular pelo teste de MTT (brometo de [3-(4,5-dimetiltiazol-2yl)-2,5-difenil tetrazolium]), que é um dos ensaios propostos para avaliar a atividade citotóxica de vários tipos de compostos, soluções e materiais em diferentes tipos celulares. Neste teste, desidrogenases mitocondriais presentes apenas em células metabolicamente viáveis, clivam o anel tetrazólio, passando de um composto de coloração amarela para um de coloração roxa. Células C2C12 foram plaqueadas e mantidas em cultura até atingirem 100% de confluência. Foram adicionadas diluições seriadas de lisina: 1, 5, 10, 20 e 50mM. Após 4 horas de incubação, descartou-se 10µL de cada poço e adicionou-se 10µL de MTT a 5mg/mL. A microplaca foi incubada a 37°C, com 5% de CO₂ por 18 horas até que os cristais de formazan estivessem visíveis. O meio foi retirado e foram adicionados 100µL de DMSO para a solubilização destes cristais. A análise espectrofotométrica foi realizada em um leitor de ELISA a 570 nm. Os valores das densidades ópticas foram utilizados para a análise posterior de viabilidade celular. Destes valores, subtraiu-se a média do branco (poços sem células contendo apenas DMSO) e realizou-se análise de variância utilizando o software R. Com base nos testes de normalidade (Shapiro-Wilk) e homocedasticidade (Levene), foi observado que os dados seguem distribuição normal e apresentam homogeneidade de variância. Posteriormente, foram realizadas comparações entre os tratamentos e o controle, pelo teste Dunnett a 5% de significância. Pelo teste Dunnett, o tratamento com 50mM de lisina foi o único que diferiu do controle, diminuindo a viabilidade celular. Este é um resultado coerente, visto que esta concentração pode ser considerada como uma superdosagem, com efeito citotóxico. Os tratamentos contendo 1, 5, 10 e 20mM de lisina não diferiram significativamente do controle, mostrando que todas estas concentrações podem ser utilizadas no cultivo celular sem alterar sua viabilidade. Com este estudo, foram definidas quais concentrações de lisina podem ser utilizadas em estudos posteriores com o intuito de melhor compreender os mecanismos moleculares envolvidos na metabolização desta e seus efeitos nas células musculares.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig
Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Mestranda do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, laene.freitas@ufv.br

² Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa

³ Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa

⁴ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

⁵ Doutora, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁶ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

Buscando genes de imunidade da abelha *Melipona quadrifasciata* no GenBank

Thaís Andrade Viana¹; Gustavo Ferreira Martins ²; Anete Pedro Lourenço³

Em 1990, com o Projeto Genoma Humano, ocorreu o início da crescente disponibilização de dados genômicos dos seres vivos, tornando a bioinformática crucial para os trabalhos relacionados com genética. O GenBank é um banco de dados onde estão armazenadas as sequências nucleotídicas de aproximadamente 260.000 espécies de seres vivos. Apesar dessa grande informação disponível, o trabalho de retirar e analisar os dados de sequências de nucleotídeos e suas proteínas preditas oriundas da genômica é bastante complexo. Mas recentemente tem sido utilizado para pesquisas relacionadas com a genômica por trás do declínio populacional dos polinizadores, chamando atenção para abelhas. Um dos fatores causadores desse estresse pode-se citar o uso demorado de inseticidas, no qual acredita-se afetar drasticamente o sistema imune das abelhas, podendo potencializar a diminuição populacional. O sistema imune é essencial para a defesa das colônias diante a exposição constante a fatores adversos. Dentre os genomas publicados no GenBank, o primeiro de abelha foi o de *Apis mellifera*, servindo como referência para análise de genomas de outras espécies de abelhas. Neste trabalho analisamos o genoma de abelhas *Melipona quadrifasciata*, quanto a genes relacionados à imunidade. A abelha *M. quadrifasciata* possui um papel importante para a polinização de espécies vegetais nativas brasileiras; ela é comum da região pantropical sendo pouco estudada em comparação com *A. mellifera*. O genoma de *M. quadrifasciata* foi disponibilizado no GenBank em setembro de 2015, e utilizamos sequências já preditas para *A. mellifera* para busca e verificação de sua anotação no genoma de *M. quadrifasciata*. Foram procurados 47 genes de *A. mellifera* das vias de sinalização de imunidade: Toll, Imd, Janus kinase (JAK)/STAT e JNK. Para tal utilizou-se da ferramenta BLAST, com busca dentro do genoma de *M. quadrifasciata*. Destes 47 genes procurados, foram identificados 45 em *M. quadrifasciata*, e destes 43 estão anotados e tem proteína predita. Dentre os genes não encontrados, está o de codificação do peptídeo antimicrobiano Apisimina, descrito somente para as espécies *A. mellifera* e *Apis cerana cerana*. De maneira geral, ambas espécies de abelhas *A. mellifera* e *M. quadrifasciata* compartilham maior parte de genes de resposta imune. Esta primeira análise proporciona suporte para comparação tanto da estrutura dos genes como de seu funcionamento através de metodologias de análise de expressão gênica, por exemplo. Conclui-se ainda que entender como funciona a pesquisa em bancos de dados como o GenBank é essencial para análises genômicas, de genes e seus produtos.

Apoio: Capes.

Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Mestranda do curso de Entomologia, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, thaistablito@yahoo.com.br

² Professor Adjunto IV do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG

³ Professora Adjunta IV do Departamento de Ciências Biológicas, UFVJM/Diamantina – MG

Desempenho agrônômico de híbridos experimentais de sorgo biomassa na região Central de Minas Gerais

Gabriel Patrocínio Vasconcelos¹; João Igor Fraga Furtado²; Ruane Alice da Silva³; Luiz Octávio dos Santos⁴; Pedro César de Oliveira Ribeiro⁵; Rafael Augusto da Costa Parrella⁶

O sorgo biomassa [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] apresenta-se como uma das opções de fonte alternativa para produção de bioenergia, visto que, o mesmo, possui dupla aptidão, podendo ser utilizado tanto para produção de biocombustíveis, quanto para cogeração de energia. Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar e selecionar híbridos experimentais de sorgo biomassa para produção de bioenergia. O experimento foi conduzido em Sete Lagoas-MG, na área experimental da Embrapa Milho e Sorgo, no ano agrícola 2015/2016. Foram avaliados 64 genótipos de sorgo biomassa, sendo 61 híbridos experimentais do programa de melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, e como testemunhas foram avaliadas as cultivares BRS 655 (forrageiro), Volumax (forrageiro) e BRS716 (biomassa). O delineamento experimental foi em blocos casualizados constituído por duas fileiras de cinco metros, espaçadas em 0,7 m. As características avaliadas foram produção de massa verde (PMV); produção de massa seca total (PMS), ambas determinadas em kg/parcela, e posteriormente transformadas em t/ha⁻¹; e a porcentagem de matéria seca (MS): determinado em porcentagem (%), através da retirada de uma amostra da biomassa verde das parcelas, no momento da colheita, as quais foram armazenadas em estufa a 65°C por 72 horas. Posteriormente, através da diferença entre os pesos secos e úmidos, foi obtida a porcentagem de matéria seca de cada parcela. Foram feitas as análises de variâncias para cada característica e as médias foram agrupadas de acordo com o teste de Scott-Knott. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes. Os resultados da análise de variância mostraram que houve diferença significativa entre os tratamentos, o que significa que existe diferença genética entre os genótipos avaliados. Para a característica produção de massa verde deve-se destacar os híbridos B003, BRS716, B061, B012, B058 por apresentarem produtividades acima de 97,90 t/ha⁻¹, que teve a média das parcelas no valor de 62,79 t/ha⁻¹. A variável porcentagem de matéria seca variou de 25,81% a 45,24%, destacando-se os híbridos B004, B050, B024, B036, B005 com valores superiores a 41% de matéria seca. Os genótipos B003, BRS716, B004 e B001 destacaram-se com PMS de 46,14; 39,50; 38,12 e 37,74 t/ha⁻¹, respectivamente, apresentando produtividade bastante superior a média geral, que foi de 23,47 t/ha⁻¹. Diante dos resultados, observou-se altos níveis de produção de biomassa, sendo possível identificar novos híbridos promissores para produção de energia. Vale destacar a necessidade de caracterização química dessa biomassa para uma melhor qualificação e direcionamento.

Apoio: Embrapa Milho e Sorgo e FAPED
Área de concentração: Biologia Molecular

¹Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista FAPED

²Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista Embrapa

³Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista FAPEMIG

⁴Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista Embrapa

⁵Mestrando do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG

⁶Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG

Expressão da enzima SOD em frangos de corte suplementados com óleo de algodão com e sem sulfato ferroso aos 21 dias de idade

Renan dos Santos Araújo¹; Fabiana Cristina Belchior de Sousa²; Adriana Costa Oliveira³; Katiene Régia Silva Sousa⁴; Leilane Rocha Barros Dourado⁵ e Geraldo Fabio Viana Bayão⁴

Nas últimas décadas, têm-se pesquisado por fontes alternativas de alimentos para viabilizar a substituição total ou parcial dos ingredientes tradicionalmente usados na alimentação animal. Nesse contexto, está o óleo de algodão, que é rico em vários nutrientes importantes, dentre eles, ácidos oleicos, palmíticos e linoleicos, além da vitamina E, um relevante antioxidante natural que lhe confere uma ótima estabilidade oxidativa. Porém, um fator negativo no uso do óleo de algodão é o fato desse subproduto apresentar gossipol, uma substância que pode interferir na absorção de minerais, como cálcio, magnésio e zinco. Todavia, pesquisas têm mostrado que a adição de sais de ferro (sulfato ferroso) provoca um aglomerado insolúvel e irreversível no trato intestinal dos animais, fazendo com que não ocorra a absorção do gossipol. Durante este processo é possível que ocorra estresse oxidativo, sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a expressão da enzima Superóxido Dismutase (SOD) do intestino de frangos de corte suplementados com óleo de algodão com e sem sulfato ferroso aos 21 dias de idade, uma vez que, essa proteína faz parte do sistema antioxidante natural. O experimento foi conduzido no Módulo de Avicultura do Colégio Técnico da Universidade Federal do Piauí, Campus Prof^a Cinobelina Elvas (Bom Jesus - PI), usando um delineamento inteiramente casualizado com um esquema fatorial 4x2, sendo quatro níveis de inclusão do óleo de algodão (0%, 2%, 4% e 6%) com ou sem suplementação de sulfato ferroso (heptahidratado). O RNA total foi extraído do intestino e o cDNA amplificado. Com *primer* específico para o gene SOD foi realizado a RT-PCR em tempo real, com o intercalante GoTaq[®] qPCR Master Mix e o endógeno usado foi o β -actina. A análise estatística dos dados em cada nível de óleo de algodão foi realizada usando %QPCR_MIXED macro SAS[®]. De acordo com os dados, não houve alteração significativa na expressão da SOD em nenhum dos tratamentos. A enzima estudada é essencial para a sobrevivência das células aeróbias, pois é considerada a primeira barreira antioxidante, sendo responsável pela dismutação do radical superóxido em peróxido de hidrogênio, que é menos reativo e pode ser degradado por outras enzimas como a CAT e GPx. Contudo, conclui-se que a inclusão de até 6% de óleo de algodão com ou sem sulfato ferroso não proporciona alteração estatística na expressão da SOD no intestino de frangos de corte aos 21 dias de idade.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Estrutural, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, renandosantossaraujo@gmail.com

² Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia UEM/Maringá - PR

³ Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPI/Bom Jesus - PI

⁴ Professor (a) Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFMA/Chapadinha - MA

⁵ Professora Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFPI/Bom Jesus - PI

Expressão de genes apoptóticos em conceptos da raça local Piau e linhagem Comercial

Karine Assis Costa¹; Simone Elisa Facioni Guimarães²; Emílio Pereira de Brito Neto³; Walmir da Silva⁴; Eduardo Paulino da Costa⁵; Margareth Evangelista Botelho⁶

Apesar do conhecimento sobre a morfologia do conceito suíno, ainda não se sabe como esta é regulada durante o processo de alongamento e posterior desenvolvimento, ou como os genes estão exatamente associados a estes eventos. Estas informações são fundamentais para a compreensão dos fatores de modulação fetal, crescimento e sobrevivência fetal, sendo imprescindível para a elaboração de estratégias com o intuito de minimizar a morte embrionária. Os processos relacionados à apoptose controlam estes eventos durante o desenvolvimento pré-natal. Objetivou-se com este estudo avaliar a expressão temporal de genes relacionados à apoptose em conceptos, provenientes de marrãs da raça local Piau e de uma linhagem Comercial. O experimento consistiu em um DIC em esquema fatorial 2x5 (2 grupos genéticos e 5 idades gestacionais). Foram coletados os conceptos de 30 fêmeas (15 Piau e 15 Comercial), em 5 idades gestacionais (15, 30, 45, 60 e 90 dias após a inseminação), os tratamentos apresentavam n=3 Piau e n=3 Comercial. A extração do RNA total foi realizada com TRIzol[®] e a expressão gênica dos conceptos foi avaliada mediante a técnica de PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR). Os dados de ct foram analisados usando a macro%QPCR_MIXED desenvolvida no programa SAS. O gene pró-apoptótico *BAX* e anti-apoptótico *BCL2* apresentaram diferenças de expressão entre 15 dias e as demais idades gestacionais trabalhadas ($P < 0,05$), com a maior expressão de ambos os genes (*BAX* e *BCL2*) sendo observada aos 15 dias. Em conceptos de linhagem Comercial não foi observada diferença na expressão destes genes entre as diferentes idades trabalhadas ($P > 0,05$). Diferenças entre grupos genéticos foram encontradas apenas para o gene *BCL2* aos 15 dias de gestação, com a maior expressão deste gene sendo observada em conceptos Piau. Pesquisadores identificaram baixa expressão dos genes apoptóticos nos primeiros 12 dias do desenvolvimento embrionário, com maior expressão destes genes entre os dias 12 e 14 (período de implantação endometrial do conceito), sugerindo que a apoptose poderia desempenhar papel crítico durante a fixação no epitélio uterino. No presente estudo, a expressão destes genes foi superior somente aos 15 dias, exclusivamente na raça Piau, ou seja, na fase de implantação do embrião. A expressão variada de transcritos relacionados com o processo de apoptose dos conceptos durante a fase de alongamento sugere que a morte celular é crítica durante este estágio de desenvolvimento. Diferenças na expressão destes genes poderiam estar relacionados com as diferenças de mortalidade pré-natal entre grupos genéticos.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig
Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, karine.costa@ufv.br;

² Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa – MG;

³ Estudante de doutorado em Veterinária, UFV/Viçosa-MG, Bolsista;

⁴ Estudante de doutorado em Bioquímica Aplicada, UFV/Viçosa – MG;

⁵ Professor Adjunto do Departamento de Veterinária, UFV/Viçosa – MG;

⁶ Estudante de doutorado em Zootecnia, UFV/Viçosa- MG, Bolsista CNPq.

Expressão de genes da via WNT durante desenvolvimento de conceptos suínos

Emílio Pereira de Brito Neto¹, Walmir da Silva² Karine Assis Costa³, Laene Alcantara Freitas⁴, Mariana Mescouto Lopes⁵, Simone Eliza Facioni Guimarães⁶

O desenvolvimento ordenado dos embriões em mamíferos e a sinalização entre células desempenham papel importante na regulação da padronização, crescimento, morfogênese e diferenciação. A perda embrionária é um grande problema na produção de suínos e a viabilidade da leitegada ao nascimento é uma das principais características relacionadas ao desenvolvimento embrionário. Contudo, os mecanismos moleculares envolvidos no desenvolvimento do conceito durante o desenvolvimento intrauterino e quais rotas bioquímicas direcionam este evento ainda é pouco conhecida. Neste trabalho, objetivou-se avaliar o envolvimento dos principais genes da via WNT no desenvolvimento inicial de conceptos de fêmeas da raça local Piau e de uma linhagem Comercial. Para a realização do experimento, foram utilizadas 30 fêmeas (15 de raça Piau e 15 de linhagem Comercial), de cinco a sete meses de idade. Foi utilizado um delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 2x5 (2 grupos genéticos-GG x 5 idades gestacionais-IG) sendo as IG 15, 30, 45, 60 e 90 dias. Logo após o abate os conceptos foram coletados para estudo molecular. A expressão gênica foi avaliada mediante a técnica de qRT-PCR. As análises estatísticas da expressão gênica foram realizadas no SAS[®] 9.3 usando a macro%QPCR_MIXED (www.msu.edu/~steibelj/JP_files/QPCR.html). A interação entre GG e IG foi significativa para os genes WNT1 e WNT4 ($P < 0,05$). WNT1 apresentou maior expressão aos 15d em Piau ($p = 0,0089$) e aos 45 dias em Comercial ($p = 0,0049$). Além disso, WNT4 apresentou maior expressão aos 15d ($p = 0,0194$) em Piau e aos 30d ($p = 0,0001$) em Comercial. Estes resultados sugerem uma sincronia entre estes genes e seu envolvimento temporalmente precoce em Piau em relação a linhagem Comercial poderia explicar a menor taxa de viabilidade da leitegada ao nascimento em Comercial em relação à Piau. Analisando o perfil de expressão destes genes entre as idades gestacionais em cada genética observou se que o gene WNT1 apresentou alta expressão em todas as IG avaliadas para a raça local Piau, contudo não apresentou diferenças significativas em nenhuma IG avaliada para a linhagem Comercial. Por outro lado, o gene WNT4 apresentou se altamente expresso somente aos 15d de gestação na raça local Piau e com alta expressão aos 30d de gestação na linhagem Comercial. Estudos apontam diversos elementos transcricionais e pós transcricionais envolvidos na modulação de diversas vias relacionadas à proliferação e diferenciação durante a morfogênese. De fato, estas diferenças temporais encontradas entre as a raça local Piau e a linhagem Comercial poderiam ser explicadas por tais eventos porém, futuros estudos precisam ser realizados. Juntos estes resultados sugerem a importância da via WNT no desenvolvimento de conceptos suínos e estudos dos mecanismos moleculares que a controlam seriam de grande importância para explicar as diferenças nas taxas de mortalidade pré-natal.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig
Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Doutorado em Medicina Veterinária, UFV/Viçosa-MG emilionetovet@yahoo.com.br

² Técnico LABTEC/UFV, Doutorando em Bioquímica Aplicada, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Doutorando em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Estudante de Mestrado em Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁵ Estudante de graduação em Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁶ Professor Associado do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG

Expressão diferencial de genes angiogênicos em corpo lúteo de fêmeas suínas de grupos genéticos divergentes

Karine Assis Costa¹, Simone Elisa Facioni Guimarães², Walmir da Silva³, Carolina Filardi de Campos⁴, Laene Alcântara Freitas⁵, Mariana Mescouto Lopes⁶

A espécie suína é corpo lúteo (CL) dependente, sendo o CL uma glândula endócrina temporária, principal fonte de progesterona que por sua vez desempenha papel central no reconhecimento e na manutenção da gestação. A vascularização e o fluxo sanguíneo no CL estão associados à sua capacidade de produzir progesterona. A formação de novos vasos sanguíneos ocorre por meio de migração e proliferação de células endoteliais de vasos preexistentes, em um processo conhecido como angiogênese. Objetivou-se, assim, avaliar a expressão de genes relacionados à angiogênese do CL de fêmeas gestantes da raça local Piau e de uma linhagem Comercial em diferentes idades gestacionais. O experimento consistiu em um DIC em esquema fatorial 2x6 (2 grupos genéticos-GG e 6 idades gestacionais-IG). Foram coletados os CLs de 54 fêmeas (36 Piau e 18 Comercial), essas fêmeas foram distribuídas em 6 grupos de acordo com a IG (7, 15, 30, 45, 60 e 90 dias de gestação), os tratamentos apresentavam n=6 Piau e n=3 Comercial. A extração do RNA total foi realizada com TRIzol[®] e a expressão gênica foi avaliada mediante a técnica de PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR). Os dados de Ct foram analisados usando a macro%QPCR_MIXED desenvolvida no programa SAS. A interação entre GG e IG não foi significativa para os genes avaliados (P>0,05). Os genes *HIF1α*, *VEGFR2* e *MMP2* apresentaram maior expressão em fêmeas Comercial (P=0,0495, P=0,0304 e P=0,0210, respectivamente). O gene *HIF1α* é um dos principais reguladores transcricionais em condições de hipóxia, exercendo influência na atividade transcricional dos genes angiogênicos, principalmente do *VEGF* e seus receptores *VEGFR1* e *VEGFR2*. Análises em sistemas isolados mostraram efeitos tanto positivos quanto negativos da hipóxia sobre a proliferação endotelial. Provavelmente a maior expressão do *HIF1α* em Comercial apresentou efeito positivo na expressão do *VEGFR2*. A expressão de *MMP2*, que está relacionado ao remodelamento da matriz extracelular que permite a migração das células endoteliais, foi maior em fêmeas comerciais, possivelmente *HIF1α* também influenciou na atividade transcricional deste gene neste GG. O gene *VEGFR1* não apresentou diferenças entre GG e IG (P>0,05). Diferenças de expressão entre as IG também não foram observadas para os genes *HIF1α*, *VEGFR2* e *MMP2* (P>0,05). Diferenças entre GGs são resultado da seleção de características voltadas a prolificidade das matrizes suínas de linhagens comerciais. Fêmea Piau não foram submetidas à seleção genética intensiva, podendo apresentar variantes alélicas que não são mais encontrados em linhas comerciais altamente selecionadas. Possivelmente, a pressão de seleção levou à diferenças genéticas e moleculares entre estes grupos genéticos.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig
Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, karine.costa@ufv.br;

² Professor Associado do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG;

³ Estudante de doutorado em Bioquímica Aplicada, UFV/Viçosa-MG;

⁴ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES;

⁵ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES;

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa- MG, Bolsista CNPq.

Expressão do gene CAT em frangos de corte suplementados com óleo de algodão com e sem sulfato ferroso aos 42 dias de idade

Renan dos Santos Araújo¹; Katiene Régia Silva Sousa²; Fabiana Cristina Belchior de Sousa³; Leilane Rocha Barros Dourado⁴; Adriana Costa Oliveira⁵ e André Campelo de Araújo⁵

Entre os alimentos alternativos com potencial para utilização na alimentação animal estão os subprodutos da indústria algodoeira, com destaque ao farelo e ao óleo de algodão. Estes subprodutos possuem o gossipol, que é um fator antinutricional e interfere no aproveitamento de elementos minerais. Entretanto, o caráter tóxico do gossipol pode ser prevenido pelo acréscimo de sais de ferro à dieta, como sulfato ferroso, usado na proporção de 50% de cada (ferro/gossipol livre), uma vez que, a sua absorção é evitada no trato intestinal. Tal absorção poderia causar estresse oxidativo que ocorre principalmente pelo acúmulo de espécies reativas de oxigênio (ROS), e têm a capacidade de reagir com as biomoléculas destruindo-as e, conseqüentemente, causando danos nas células do organismo. Nesse contexto, as enzimas antioxidantes, como a catalase (CAT), são proteínas presentes em concentrações mais baixas no citosol e podem retardar ou evitar a oxidação de proteínas, lipídios, carboidratos e DNA. Logo, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da inclusão de níveis de óleo de algodão com e sem sulfato ferroso na expressão gênica da CAT no intestino de frangos de corte aos 42 dias de idade. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado com esquema fatorial 4x2, sendo quatro níveis de inclusão do óleo de algodão (0%, 2%, 4% e 6%) com ou sem suplementação de sulfato ferroso que foi incluído na dosagem de 1 kg/ton e, usadas seis repetições de cinco aves cada. O RNA total foi extraído do intestino e o cDNA amplificado. Com *primer* específico para o gene CAT foi realizado a RT-PCR em tempo real, com o intercalante GoTaq[®] qPCR Master Mix e o endógeno usado foi o β -actina. Os resultados mostraram que os níveis de óleo de algodão não alteraram significativamente a expressão do gene CAT no intestino de frangos de corte aos 42 dias de idade. A catalase promove a conversão de peróxido de hidrogênio à água e oxigênio molecular, sendo de grande importância, uma vez que impede a formação do radical OH⁻ que é muito prejudicial à célula. Sabendo que a CAT é mais eficaz quando há concentrações elevadas de H₂O₂, pode ter havido baixas concentrações deste composto ou outros peróxidos no intestino (mesmo quando o sulfato ferroso foi adicionado), não proporcionando alteração na expressão desse gene. Contudo, é possível concluir que a adição de até 6% de óleo de algodão com ou sem sulfato ferroso não altera estatisticamente a expressão da CAT nos animais analisados. No entanto, é preciso mais estudos para compreender melhor os mecanismos fisiológicos a nível molecular, para ajudar a explicar as diferenças no sistema de defesa e no desempenho de aves.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e Estrutural, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, renandosantosaraujo@gmail.com

² Professora Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFMA/Chapadinha - MA

³ Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia UEM/Maringá - PR

⁴ Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFPI/Bom Jesus - PI

⁵ Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, UFPI/Bom Jesus - PI

Identificação de proteínas que interagem com o fator de transcrição GmbZIP105 em soja (*Glycine max*)

Gilza Barcelos de Souza¹; Murilo Siqueira Alves²; Luciano Gomes Fietto³

Os fitopatógenos podem reduzir a biomassa e a fertilidade ou até mesmo, levar a planta a morte. Consequentemente, podem comprometer a produtividade de diversas culturas de importância econômica. Entretanto, as plantas contam com duas camadas de defesa, composta pela Imunidade desencadeada pelos Padrões Moleculares Associados a Patógenos (PTI) e a Imunidade desencadeada por Efetores (ETI). Ambas, convergem para diferentes cascatas de sinalização que contribuem para resistência ou tolerância às condições adversas. Os fatores de transcrição são componentes importante destas vias, sendo capazes de modular a expressão gênica em resposta a estímulos específicos. As proteínas bZIPs são importante reguladores, e estão envolvidos em muitos processos fisiológicos, incluindo resposta a estresse. O gene GmbZIP105 é induzido em resposta a infecção pelo fungo causador da ferrugem asiática da soja (*Phakopsora pachyrhizi*), em plantas resistentes e suscetível, bem como em resposta aos tratamento com hormônios de defesa ácido salicílico e metil jasmonato. O objetivo deste trabalho foi identificar proteínas que interagem com a proteína GmbZIP105 em ensaios de duplo híbrido de levedura. A sequência do gene GmbZIP105 foi clonada no vetor de expressão pDEST32 pelo sistema Gateway (invitrogen), resultando na construção DBD-bZIP105. Esta construção foi utilizada para transformação de cepas AH109 de *Saccharomyces cerevisiae*. As colônias contendo as construções DBD-bZIP105, foram transformadas com vetores da biblioteca de cDNA de folhas de soja. Os duplos híbridos de leveduras foram confirmando através da atividade dos genes repórteres HIS3 e LacZ. Por meio de sequenciamento de DNA, foram identificadas três possíveis candidatas à interação: uma proteína não caracterizadas de soja, a asparagina sintetase, e a proteína reprimida por auxina (ARP). Os genes ARPs e *dormancy-associated gene-1* (DRM1), formam uma família exclusiva em plantas superiores, e estão envolvidos em manutenção de dormência em gemas axilares e resposta a estresse abiótico e biótico. A interação com GmbZIP105, pode modular sua atividade transcricional durante resposta de estresse biótico. Ensaios futuros de caracterização funcional de GmbZIP105 e GmARP são importante para elucidar o papel de ambos nas vias de sinalização de defesa em soja.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Biologia molecular.

¹Doutoranda do curso de Bioquímica Aplicada, UFV/Viçosa - MG, bolsista Fapemig., gilza.souza@ufv.br

² Bolsista de pós-doutorado do Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular UFV/Viçosa-MG

³ Professor do Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, UFV/Viçosa-MG

Mapeamento de genes ribossomais 18S em três espécies de formigas do gênero *Atta* (Formicidae: Myrmicinae)

Gisele Amaro Teixeira¹; Luísa Antônia Campos Barros²; Hilton Jeferson Alves Cardoso de Aguiar³; Silvia das Graças Pompolo⁴;

As formigas cortadeiras, dos gêneros *Atta* e *Acromyrmex*, são objetos de estudo nas mais diferentes áreas do conhecimento. Um desses campos é a citogenética, que além dos métodos clássicos atualmente abrange técnicas de biologia molecular para o estudo do cariótipo. Esse ramo da genética tem se mostrado aplicável em áreas como a citotaxonomia, evolução, filogenia e conservação de espécies. O gênero *Atta* inclui 17 espécies, sendo que dados citogenéticos envolvendo número, morfologia e bandamentos cromossômicos são reportados para apenas 6 delas. Até o momento, o cariótipo das espécies estudadas desse gênero não apresentam variações morfológicas. Dados de citogenética molecular utilizando a técnica de FISH para mapeamento físico de genes ribossomais em formigas neotropicais são escassos, disponíveis em 16 espécies, sendo uma delas do gênero *Atta*. O objetivo do presente estudo foi fazer o mapeamento físico (número e localização) de genes ribossomais 18S em *Atta sexdens rubropilosa*, *Atta laevigata* e *Atta bisphaerica*, e comparar com as marcações do fluorocromo CMA₃, já disponíveis na literatura para essas espécies, o qual evidencia regiões do DNA ricas em pares de bases GC. Metáfases mitóticas foram obtidas de gânglios cerebrais de larvas pós-defecantes submetidos à solução hipotônica de colchicina e fixadores. Os locais de coleta foram Viçosa - MG, Lavras - MG e Ponte Nova - MG para *A. laevigata*, *A. bisphaerica* e *A. sexdens rubropilosa*, respectivamente. Para a detecção dos genes ribossomais, as sondas das regiões foram obtidas por amplificação via PCR utilizando-se primers desenhados para a espécie de abelha *Melipona quinquefasciata* e marcadas de forma indireta. As três espécies estudadas apresentaram um par de marcações para DNAr 18S que se localizaram na região intersticial do braço longo do quarto par de cromossomos metacêntricos. A localização dos genes ribossomais 18S nas espécies do presente trabalho coincidiu com o seu padrão do fluorocromo CMA₃, indicando que essa região de DNAr 18S é rica em pares de bases GC. As regiões organizadoras de nucléolos (NORs) geralmente são ricas em pares de bases GC. Essa correlação também foi observada em outras formigas cortadeiras como *Atta robusta*, *Acromyrmex coronatus* e *Acromyrmex disciger*. O número e a localização dos genes ribossomais 18S entre *A. laevigata*, *A. bisphaerica*, *A. sexdens rubropilosa* (presente estudo) e *A. robusta* foram semelhantes, evidenciando, também em nível de citogenética molecular, um padrão uniforme de seus cariótipos. Levando em consideração que regiões organizadoras de nucléolo são conservadas em grupos distintos de animais e importantes marcadores genéticos, a obtenção de dados citogenéticos moleculares de outras espécies de *Atta* geograficamente mais distantes, serão úteis para melhor compreender a evolução cariotípica do gênero e das demais formigas cortadeiras.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Biologia Molecular.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, gisele.teixeira@ufv.br

² Professora Adjunta, Universidade Federal do Amapá, Campus Binacional, Oiapoque - AP.

³ Professor Adjunto, Universidade Federal do Amapá, Campus Binacional, Oiapoque - AP.

⁴ Professora Titular do Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG.

Otimização para protocolo de quantificação de DNA de *Plinia cauliflora* Qubit®

2.0 Fluorometer

*Fernanda Vargas Valadares*¹; *Rafael Nunes de Almeida*²; *Larícia Olária Emerick Silva*³; *José Dias de Souza Neto*⁴; *Monique Moreira Moulin*⁵.

Análises moleculares exigem que a amostra possua qualidade, sendo livre de contaminantes que possam causar viés nos resultados obtidos. Assim, diferentes protocolos de extração têm sido desenvolvidos com este objetivo. Alguns restritos a espécie, outros mais gerais, porém com baixa concentração da amostra, o que também pode ser um problema, dependendo do tipo de marcador utilizado, da metodologia de análise empregada e principalmente da metodologia de quantificação usada. Trabalhos que visem baratear os custos, sem perda da eficiência da metodologia utilizada, tem sido conduzidos. Com base nesta linha, este trabalho visou a redução de custo na etapa de quantificação de DNA pela diminuição do volume do Mix, usado no Qubit® 2.0 Fluorometer, sem que houvesse alterações das proporções dos reagentes utilizados no Mix bem como sua eficácia de detecção. Para tal, foram testados os volumes de 200, 150, 100, 70 e 60 µL de Mix de quantificação, para três concentrações distintas de DNA de *Plinia cauliflora*, com três leituras em cada concentração e volume de Mix, totalizando 45 unidades amostrais. Os valores de concentração obtidos foram analisados por estatística descritiva para obtenção das médias de concentração nos volumes e do desvio padrão. Também foram realizados a ANOVA seguido dos testes de média Tukey e Duncan a 5 e 1%. Após, as amostras de DNA em cada volume foi diluída com base nos seus valores médios e submetidos a PCR para cinco *primers* ISSR de maneira a determinar possível alteração dos padrões de amplificação que a redução do volume de Mix possa a vir ocorrer. Como resultado, o volume de 60 µL não apresentou possibilidade de calibração pelos padrões utilizados nesta metodologia de quantificação. Já os demais, foram possíveis a padronização e análises das amostras. Assim, tanto para os testes de média a 5 e 1%, quanto para os perfis de amplificações dos cinco *primers*, não houveram detectáveis diferenças entre os volumes testados. Desta forma, se conclui que a redução do Mix de quantificação não altera os resultados obtidos, possibilitando uma redução de 65% (130 µL) do Mix utilizado por amostra, o que reflete no barateamento do custo que envolvam esta metodologia.

Apoio: IFES e FAPES

Área de concentração: Biologia Molecular

¹ Graduanda em Bacharelado em Ciências Biológicas; IFES *Campus* de Alegre; Alegre-ES; Bolsista FAPES. fernanda_valladares@hotmail.com

² Mestrando em Agoecologia; IFES *Campus* de Alegre; Alegre-ES; Bolsista FAPES.

³ Graduanda em Licenciatura em Ciências Biológicas; IFES *Campus* de Alegre; Alegre-ES; Bolsista FAPES.

⁴ Assistente de Laboratório; IFES *Campus* de Alegre; Alegre-ES.

⁵ Professora efetiva estatutária; IFES *Campus* de Alegre; Alegre-ES

RNA-Seq analysis identifies overexpressed gene in Nellore cattle that have low meat lipid content

Maria Malane Magalhães Muniz¹; Danielly Beraldo dos Santos Silva²; Larissa Fernanda Simielli Fonseca³; Daniele Fernanda Jovino Gimenez³; Fernando Baldi⁴; Lucia Galvão de Albuquerque⁴

In recent years, much has been discussed about the importance of meat lipid composition to consumer health. Understanding the mechanisms that control the expression of genes related to meat lipid content is essential to obtain a product with the consumer desired quality. The objective of this study is to identify differentially expressed genes in Nellore beef cattle, divergently ranked (high and low) for meat lipid content, by RNA-Seq technique. Therefore, lipid content was extracted of 80 animals Longissimus dorsi muscle using sodium sulfate method. All animals belonged to the same management group and were slaughtered in the same day. From these, 20 animals were selected, 10 with high and 10 with low meat lipid content. Total RNA was extracted from the Longissimus dorsi muscle, using RNeasy Tissue Mini Kit (Qiagen®). The sequencing (RNA-Seq) was held in HiSeq platform 2500 (Illumina®). Data were analyzed in Cyverse Discovery Environment platform. For data quality control, FASTQC and Sickle softwares were used. The data were aligned with BtUMD 3.1 through TopHat2 software. The reads were count with HTSeq package. For differential expression analysis, the software Deseq was used. In this analysis, we identified 14,763 genes. However, only the PRSS2 gene, also known as TRYP8 (ENSBTAG00000021565) was differentially expressed (qvalue = 0.01) in both groups. This gene was overexpressed in animals with low fat (log₂ Fold Change = -1.64). Public databases (Emsembl, NCBI and KEGG) were consulted for further information about this gene. The PRSS2 gene is located on chromosome 4 and belongs to a gene family encoding serine protease and anionic trypsinogen, located within the cell receptor beta locus T. The proteins are found in high amounts in pancreatic juice, which is involved in biological processes as digestion and proteolysis. Thus, they contribute to breakdown the nutrients ingested by the animal facilitating absorption. Therefore, these proteins may be associated to the content and composition of lipids in meat. Although there is no direct evidence of specific functions in lipid meat content, the PRSS2 gene is associated with the digestion process. This information becomes useful for new insights into the genetic basis of fat content in Nellore cattle meat.

Financial Support: São Paulo Research Foundation FAPESP (#grants 2009/16118-5).
Concentration area: Molecular Biology.

¹ PhD student in Genetic and Animal Breeding, UNESP/Jaboticabal - SP, Scholarship Capes, malanemuniz@hotmail.com

² PhD student in Genetic and Animal Breeding, UNESP/Jaboticabal - SP, Scholarship Fapesp

³ Post-Doc in Genetic and Animal Breeding, UNESP/Jaboticabal – SP, Scholarship CAPES

⁴ Professor of the Animal Science Department, UNESP/Jaboticabal - SP, Scholarship PQ/CNPq

Transcriptome profiling of Nelore cattle genetically divergent for rib eye area using RNA-seq

Danielly Beraldo dos Santos Silva¹; Larissa Fernanda Simielli Fonseca²; Daniele Fernanda Jovino Gimenez²; Maria Malane Muniz Magalhães³; Fernando Baldi⁴; Lucia Galvão de Albuquerque⁴

Rib eye area (REA) is a complex trait and it has been related to the animal's muscularity. Therefore, selection of specific genes affecting this trait can influence the quality of the product offered to consumers. This sense, is necessary understand the mechanisms involved in the expression of genes related to REA in bovine. In this study, we used a high-throughput sequencing approach, RNA-seq, to identify the differentially expressed genes (DEGs) in the muscle tissues of Nelore cattle, genetically divergent for REA. For this, we sequenced 40 *Longissimus dorsi* muscle samples from uncastrated male Nelore cattle divergently ranked for REA (20 with large and 20 small REA). These samples were chosen based on estimated breeding values (EBV) for REA. For quality control (QC) dataset, we used FASTQ Quality Trimmer and Sickle softwares. The Tuxedo Protocol was used to analyze DEGs (TopHat2, Cufflinks, Cuffmerge, Cuffdiff softwares and cummeRbund package in R environment). We also performed an enrichment analysis (DAVID 6.7) on sets of genes. We found 44 DEGs (BH-adj ≤ 0.05) related to REA, 39 with described functions. Among them, there were 37 protein coding and other two coding rRNA and snRNA. The snRNA may be involved in a variety of important processes such as RNA splicing, regulation of transcription factors or RNA polymerase II and telomere maintenance. The log₂ fold change indicated 11 DEGs were up and 33 were down-regulated relative to the group with smaller REA. We found significant GO (Gene Ontology) terms for DEGs, related to: immune and defense system process, regulation of response to external stimulus, cellular signaling, calcium and zinc ion binding, among others. Also, we found enrichment pathways related to: chemokine signaling; PPAR signaling; glycolysis, gluconeogenesis, cysteine, methionine, pyruvate, propanoate, arginine and proline metabolisms, biosynthesis of unsaturated fatty acids, among others. The RNA-Seq data obtained in this study allowed the identification of DEGs between animals with large and small EBV for REA. In addition, important pathways involved with REA metabolism were revealed. These results provided new insights and perspectives about the genetic basis of REA in Nelore cattle.

Financial Support: São Paulo Research Foundation FAPESP (#grants 2009/16118-5 and 2015/16850-9).

Concentration area: Molecular biology

¹ PhD student in Genetic and Animal Breeding, UNESP/Jaboticabal - SP, Scholarship FAPESP, daniellyberaldo@gmail.com

² Post-Doc in Genetic and Animal Breeding, UNESP/Jaboticabal – SP, Scholarship CAPES

³ PhD student in Genetic and Animal Breeding, UNESP/Jaboticabal - SP, Scholarship CAPES

⁴ Professors of the Animal Science Department, UNESP/Jaboticabal - SP, Scholarship PQ/CNPq

Variabilidade genética em mutantes de arroz provenientes dos cvs. BRS Querência e BRS Fronteira

Andersom Milech Einhardt¹; Ariano Martins de Magalhães Júnior²; Daiane de Pinho Benemann³; Eugenia Jacira Bolacel Braga⁴; José Antonio Peters⁵

Existem vários motivos para a estagnação de produtividade do arroz no Brasil, mas o fator que compromete fortemente a extensão do ganho genético é a limitação da variabilidade genética nas populações submetidas à seleção. A indução de mutação é uma importante ferramenta para gerar variabilidade genética. Após obtidos genótipos mutantes com caracteres de interesse agrônomico superiores, torna-se importante a identificação de marcas moleculares diferenciais entre estes. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi analisar a variabilidade genética entre mutantes de arroz e seus genótipos de origem, através de marcadores microssatélites. Foram avaliados oito genótipos mutantes de arroz de terceira geração que apresentam favoráveis caracteres de interesse agrônomico (“Mut Que 07”, “Mut Que 30”, “Mut Que 33”, “Mut Que 47”, “Mut Fro 01”, “Mut Fro 09”, “Mut Fro 57” e “Mut Fro 58”) e seus genótipos de origem, BRS Querência e BRS Fronteira, pertencentes à coleção de trabalho da Embrapa Clima Temperado. Foram utilizados 50 marcadores microssatélites, dos quais, 13 estão posicionados na região anterior a genes “*Mads Box*”, e 37 posicionados em ESTs (*Expressed Sequence Tags*). O DNA de cada amostra vegetal foi extraído com CTAB 2%, precipitado em álcool, ressuspenso em Tris-EDTA pH 8 + RNase, quantificado em espectrofotômetro e sua integridade verificada por eletroforese em gel de agarose 1%. Os produtos das amplificações de DNA foram desnaturados e submetidos à eletroforese em gel de poliacrilamida 6% em cuba vertical, o qual foi corado com nitrato de prata. Os padrões de bandas foram avaliados quanto à ocorrência de polimorfismos. Dos 50 *primers* utilizados, oito não amplificaram, dezoito não apresentaram um padrão nítido de bandas, vinte e um apresentaram bandas monomórficas e apenas três microssatélites foram polimórficos. As amplificações de DNA utilizando os *primers* OS 01 e OS 48 produziram bandas características para o genótipo “Mut Fro 09”. O mesmo padrão de bandas foi encontrado no genótipo BRS Querência e em seus mutantes, sendo distinto do encontrado no genótipo BRS Fronteira e seus respectivos mutantes. Foi verificado polimorfismo também para o *primer* OS 25, o qual apresentou bandas distintas para BRS Querência e seus mutantes quando comparado a BRS Fronteira e seus mutantes. Conclui-se que os *primers* de microssatélites OS 01, OS 25 e OS 48 apresentam alta capacidade de discriminar o genótipo “Mut Fro 09” de seu genótipo de origem BRS Fronteira e de seus demais mutantes estudados.

Apoio: Capes

Área de concentração: Biologia molecular.

¹ Doutorando do curso de Fisiologia Vegetal, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, andersom.einhardt@ufv.br

² Pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas – RS

³ Pós-doutoranda do curso de Fitossanidade, UFPel/Pelotas – RS, bolsista Docfix/Capes/Fapergs

⁴ Professora Associada do Departamento de Botânica, UFPel/Pelotas – RS, bolsista PQ/CNPq

⁵ Professor Titular do Departamento de Botânica, UFPel/Pelotas – RS (Aposentado)

Genética Quantitativa, Biometria e Estatística

Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de girassol nos estados de Rio Grande do Sul, Paraná e São Paulo

Alexandre Gomes Ferraz¹; Cosme Damião Cruz²; Luiza Barbosa da Matta³; Wender Santos Rezende⁴; Renato Domiciano Silva Rosado⁵; Cláudio Guilherme Portela de Carvalho⁶

O Girassol é uma importante cultura principalmente para fabricação de ração animal e produção de óleo para consumo humano ou para a produção de biodiesel. Desta forma, a cada dia cresce a demanda por cultivares altamente produtivos e adaptados a diferentes condições ambientais. Com o intuito de recomendar cultivares superiores é necessário conhecer o comportamento em diferentes ambientes dos genótipos desenvolvidos pelos programas de melhoramento. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade de diferentes genótipos de girassol nos estados de Rio Grande do Sul, Paraná e São Paulo. Na safra 2011/2012 foram realizados ensaios nos seguintes locais: Passo Fundo (RS), Santa Cruz do Sul (RS), Uruguaiana (RS), Veranópolis (RS), Campo Mourão (PR), Londrina (PR) e Umuarama (PR). Na safra 2012/2013 os locais foram: Guarapuava (PR), Londrina (PR) e Espírito Santo do Pinhal (SP). Foram avaliados dez genótipos de girassol quanto ao rendimento de grãos (kg ha^{-1}) e teor de óleo (%), em dez ambientes. O experimento foi delineado em blocos casualizados com quatro repetições. As análises de variância conjunta dos dados e de adaptabilidade e estabilidade utilizando os métodos de Eberhart e Russell e dos Centroides foram realizadas com o auxílio dos *softwares* GENES e *MATLAB*. Para o método de Eberhart e Russell, a recomendação foi realizada por meio de um controlador fuzzy. Foi especificado corte de 50% para a média e R^2 superior a 80%. A análise de variância conjunta indicou que houve interação genótipo x ambiente significativa para ambas as características e, então, foram realizadas as análises de adaptabilidade e estabilidade. Pelo método dos centroides, para rendimento de grãos, os genótipos 1, 4 e 8 foram classificados como de adaptabilidade a ambientes favoráveis, enquanto que os genótipos 7, 9 e 10 como de adaptabilidade geral. Pelo uso do controlador fuzzy, baseado em Eberhart e Russell, constatou-se que os genótipos 4 e 7 são de adaptabilidade geral e os genótipos 8 e 9 de adaptabilidade a ambientes favoráveis. Para o teor de óleo, o genótipo 3 foi classificado como de adaptabilidade a ambientes desfavoráveis. Já os genótipos 2, 3, 4, 5, 7, 8, 9 e 10 como de adaptabilidade geral. Pelo controlador fuzzy baseado em Eberhart e Russell, todos os genótipos foram classificados com pouco adaptados para essa característica. Para rendimento de grãos, por ambos os métodos o genótipo 8 foi classificado como de adaptabilidade a ambientes favoráveis e o genótipo 7 como de adaptabilidade geral.

Apoio: FAPEMIG, CNPq e CAPES

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Estudante de graduação em Engenharia Florestal, UFV/Viçosa – MG, bolsista PROBIC/FAPEMIG, alexandre.g.ferraz@gmail.com

² Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

³ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁵ Pós-Doutorado - Genética e Melhoramento UFV/Viçosa-MG/Brasil., Bolsista CNPq

⁶ Pesquisador da Embrapa Soja, Londrina-PR

Adaptação genotípica regionalizada por regressão fatorial e covariáveis geográficas

Germano Martins Ferreira Costa Neto¹; Adriano Pereira de Castro²; Alexandre Bryan Heinemann³; João Batista Duarte⁴

A interação genótipo x ambiente (GA) é um fenômeno estatístico-biológico decorrente da interação multifatorial e não-aditiva entre genótipo (conjunto de genes) e o meio no qual se encontra (conjunto de fatores ambientais). O adequado estudo deste fenômeno ainda é um grande desafio biométrico, pois sua qualidade impacta diretamente na avaliação do valor de cultivo e uso (VCU) e orientação da recomendação genotípica para a região-alvo. Métodos para estudo da adaptabilidade e estabilidade, que suportam a tomada de decisão nesse processo, muitas vezes possuem baixa capacidade preditiva, são de difícil interpretação e representam diferentes conceitos. O objetivo deste trabalho foi apresentar um novo método para estudo da interação GA e recomendação regionalizada, que seja capaz de modelar a plasticidade fenotípica dos materiais na região-alvo e discriminar os tipos superiores por uma simples abordagem gráfica. O procedimento consiste na decomposição da matriz GA a partir de regressão fatorial e covariáveis geográficas (Z: latitude, longitude e altitude), em $GA = Z + \text{resíduo}$; desse modo, esperam-se captar padrões de respostas genotípicas que expliquem a soma de quadrados (SQ) de GA. A partir disso, construímos o índice de adaptação genotípica, obtido por $Ad = G + Z$; ou seja, o valor genotípico acrescido das respostas genotípicas a diferentes condições ambientais. Como Z é obtida por variáveis geográficas, é possível construir mapas com alta resolução (8,8 km x 8,8 km) para recomendação regionalizada de materiais. O ideótipo proposto é aquele com maior área ocupada por índices positivos (alta média + alta adaptabilidade) e com mínima variação nestes índices (alta estabilidade). Para demonstração da metodologia foram utilizados dados de 27 ensaios VCU do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa Arroz e Feijão, distribuídos em 7 estados (MA, PA, PI, MT, RO, TO e GO), no biênio 2012-2013. Os ensaios foram conduzidos em esquema de blocos completos casualizados ($r = 4$), contendo 12 linhagens-elite. A capacidade preditiva dos mapas foi avaliada em esquema de validação-cruzada, comparando-se as predições do modelo completo (27 ambientes) e do modelo obtido por $n=1000$ arranjos contendo 24 dos 27 ambientes. Constatou-se alta precisão (desvio preditivo médio de 0,143 t/ha; correlação de 0,8) na predição do desempenho genotípico em ambientes não amostrados. A interpretação do mapa foi comparada com metodologias de referência (AMMI, GGE-biplot, Eberhart & Russell e ecovalência). A matriz Z captou 61% da SQGA, desempenho próximo aos modelos AMMI (57,65%) e GGE-biplot (57,47%), ambos com dois componentes principais. A classificação genotípica foi concordante entre os métodos avaliados, sobretudo para discriminar os tipos com alta adaptabilidade, estabilidade e rendimento. Ainda, a espacialização do índice Ad permitiu a interpretação da estabilidade nos sentidos agrônomo e biológico. O uso de mapas simplificou a interpretação e captou mais informação que abordagens baseadas em biplots.

Apoio: CAPES e Embrapa Arroz e Feijão

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFG/Goiânia - GO, bolsista CAPES, germano.cneto@gmail.com

² Pesquisador em Melhoramento de Plantas da Embrapa Arroz e Feijão, CNPAF/Santo Antônio de Goiás – GO

³ Pesquisador em Agrofisiologia da Embrapa Arroz e Feijão, CNPAF/Santo Antônio de Goiás - GO, bolsista PQ/CNPq

⁴ Professor Associado da Escola de Agronomia, UFG/Goiânia - GO

Análise da interação genótipo x ambiente de cultivares de arroz irrigado no estado de Minas Gerais

Francyse Edite de Oliveira Chagas¹; Marciane da Silva Oliveira²; Renato Domiciano Silva Rosado³; Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira⁴; Plínio César Soares⁵; Cosme Damião Cruz⁶

O arroz é uma cultura de importância econômica e seu melhoramento genético trouxe grandes contribuições, como o aumento da produtividade. Tendo em vista a importância de se recomendar cultivares para um conjunto de locais, o objetivo desse trabalho foi estudar a interação genótipo x ambiente entre vinte genótipos de arroz irrigado obtidos pela EPAMIG e cinco testemunhas em três locais no estado de Minas Gerais. A produtividade dos cultivares (BRA 031001, BRA041099, MGI0712-1, MGI0901-5, MGI0713-17, BRA02691, MGI0902-7, MGI 0607-1, BRA 02706, BRA 02708, BRA 031006, BRA 01330, MGI0517-25, MGI0902-8, CNAI 9091, BRA 041230, MGI0909-15, MGI 0717-18, BRA 041236 e BRA 031018) e das testemunhas (Rio Grande, Rubelita, Seleta, Ourominas e Predileta,) foram avaliadas nos anos de 2013, 2014 e 2015, nas cidades de Janaúba, Lambari e Leopoldina. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas de 4 fileiras de plantas de 5 m de comprimento, espaçadas de 30 cm. Como área útil da parcela, consideraram-se os 4 m centrais das duas fileiras internas (2,4 m²). A densidade de semeadura foi de 100 sementes/metro. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2013). Foi realizada análise de variância conjunta dos dados para cada ano de colheita (2013 a 2015), onde os efeitos dos genótipos foram considerados fixos e os efeitos de ambientes, aleatórios. Nas análises individuais dos anos de 2014 e 2015 houve locais em que o efeito de tratamento foi não significativo. O resultado da análise conjunta mostrou que houve interação genótipo x ambiente significativa para os anos de 2013 e 2014. Para o ano de 2015 não foi possível realizar a análise conjunta dos locais, pois a relação maior variância do resíduo pela menor variância do resíduo foi maior do que 7. A decomposição da natureza da interação entre pares de ambientes revelou interação do tipo complexa para quase todos os pares. Isso implica que os genótipos apresentaram comportamento diferencial nos diferentes ambientes, não sendo possível agrupar os locais para recomendação de um só genótipo por grupo. De modo geral, pode-se concluir que a correlação entre os ambientes observada foi baixa ($r < 0,7$) entre os anos analisados e que a interação complexa nos anos de 2013 e 2014 não permite agrupar os locais de avaliação.

Apoio: Fapemig, CNPq e CAPES

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, francyse.chagas@ufv.br;

² Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa-MG, renato.rosado@ufv.br;

³ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa-MG, marciane.silva.oliveira@gmail.com;

⁴ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPQ;

⁵ Pesquisador - EPAMIG/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista BIPTD FAPEMIG;

⁶ Professor Titular - Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG/Brasil, bolsista 1A/CNPQ.

Análise de trilha para os componentes de produção de arroz irrigado

Francyse Edite de Oliveira Chagas¹; Marciane da Silva Oliveira²; Renato Domiciano Silva Rosado³; Ivan de Paiva Barbosa⁴; Plínio César Soares⁵; Cosme Damião Cruz⁶

O conhecimento da presença de associação entre caracteres é de grande importância nos programas de melhoramento genético. O arroz é uma cultura de importância econômica e seu melhoramento genético trouxe grandes contribuições, como o aumento da produtividade. O objetivo deste trabalho foi quantificar os efeitos diretos e indiretos dos componentes de produção: número de grãos cheios por panícula e massa de cem grãos, sobre a variável produção, bem como identificar possíveis critérios de seleção indireta, por intermédio da avaliação de linhagens de arroz irrigado. A produtividade dos cultivares (BRA 031001, BRA 041099, MGI 0712-1, MGI 0901-5, MGI 0713-17, BRA 02691, MGI 0902-7, MGI 0607-1, BRA 02706, BRA 02708, BRA 031006, BRA 01330, MGI 0517-25, MGI 0902-8, CNAI 9091, BRA 041230, MGI 0909-15, MGI 0717-18, BRA 041236 e BRA 031018) e das testemunhas (Rio Grande, Rubelita, Seleta, Ourominas e Predileta,) foram avaliadas no ano de 2013, na cidade de Leopoldina, no estado de Minas Gerais. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas de 4 fileiras de plantas de 5 m de comprimento, espaçadas de 30 cm. Como área útil da parcela, consideraram-se os 4 m centrais das duas fileiras internas (2,4 m²). A densidade de semeadura foi de 100 sementes/metro. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2013). Foi realizada primeiramente a transformação dos valores das variáveis para a escala logarítmica, pois a relação entre as variáveis analisadas e a principal era de natureza multiplicativa. A análise de multicolinearidade para a matriz de variáveis explicativa evidenciou independência entre essas variáveis (determinante próximo de 1). Posteriormente foi realizada análise de trilha e nela o componente número de grãos cheios por panícula foi o que apresentou maior correlação com a variável produção (0,6322). O efeito direto desse caráter sobre a produção também foi alto (0,609), evidenciando que é possível realizar a seleção indireta. Já a variável massa de cem grãos apresentou correlação negativa (-0,3255) com a variável principal e seu efeito direto também foi negativo (-0,00516), o que já era esperado. Os efeitos indiretos acompanharam o sinal dos efeitos diretos, positivo para número de grãos cheios por panícula via peso de 100 grãos e negativo para peso de 100 grãos via número de grãos cheios por panícula. Pode-se concluir com o trabalho que o coeficiente de trilha explicou de forma mediana as variações na produtividade, como indica o valor de determinação do modelo ($R^2 = 0,4018$) e que a variável número de grãos cheios por panícula seria a melhor para realização de seleção indireta.

Apoio: Fapemig, CNPq e CAPES

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, francyse.chagas@ufv.br;

² Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa-MG, renato.rosado@ufv.br;

³ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa-MG, marciane.silva.oliveira@gmail.com;

⁴ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, ivanbarbosa.agro@gmail.com;

⁵ Pesquisador - EPAMIG/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista BIPTD FAPEMIG;

⁶ Professor Titular - Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG/Brasil, bolsista 1A/CNPQ.

Aplicação do software genes para cálculo de vigor de sementes por meio de índices de seleção

Léo Gustavo Cantoni¹; Stênio Andrey Guedes Dantas²; Felipe Lopes da Silva³; Higor Silva Nogueira⁴; Roberta Fonseca de Oliveira Pereira⁵; Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento⁶

Atualmente o vigor de sementes é uma característica que não existem métodos práticos e rápidos descritos na literatura para avaliar e mensurar, sendo algumas vezes uma característica de avaliação visual. Contudo, é sabido, que o vigor é a soma de todas as características fisiológicas da semente que garantem o seu desenvolvimento e estabelecimento como planta. Desse modo, encontrar uma maneira prática, viável e fácil de obter o valor do vigor é uma ferramenta a ser aprimorada atualmente. A disponibilidade de ferramentas biométricas de seleção de genótipos, conhecidas como índices de seleção, a qual com base em varias variáveis, padroniza seus valores e os ranqueia, é uma alternativa a ser utilizada na tecnologia de sementes. Desse modo o objetivo é aplicar um índice de seleção para cálculo do vigor de sementes. Para isso foi utilizado dados de 47 genótipos de soja, submetidos ao índice de Mulamba e Mock no Software Genes. O experimento foi montado em DIC, com quatro repetições. Foram confeccionados rolos com papel germitest e levado para BOD, regulado a temperatura constante de 25°C, onde permaneceram por um período de oito dias. Após esse período, os genótipos foram avaliados quanto: à germinação, sendo separados entre plantas normais e anormais; ao comprimento de raiz e hipocótilo, avaliado com o programa ImageJ®; e à massa seca de raiz, hipocótilo e cotilédones, anteriormente secados em estufa com circulação forçada de ar regulada à temperatura de 80°C, por um período de 24 horas. A avaliação dos dados pelo índice de Mulamba e Mock, que consiste em classificar os materiais genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento, ranqueou os 47 genótipos, em que R7, BRS 133, FT GUAÍRA, CD 216, BRS 243 RR foram classificados como os melhores cinco genótipos, nessa ordem. As cultivares MG BR 45 (CONQUISTA), FUNDACEP 57 RR, RA 518, CD 248 RR, MA 4990 RR obtiveram as cinco ultimas classificação. Desse modo, o uso do índice de Mulamba e Mock tem potencial para o calculo de vigor.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, leogustavocantoni@gmail.com

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

³ Professor Adjunto do departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

Aplicação do software Selegen-REML/BLUP para cálculo de vigor de sementes por meio de índices de seleção

Léo Gustavo Cantoni¹; Stênio Andrey Guedes Dantas²; Felipe Lopes da Silva³; Higor Silva Nogueira⁴; Roberta Fonseca de Oliveira Pereira⁵; Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento⁶

Atualmente o vigor de sementes é uma característica que não existem métodos práticos e rápidos descritos na literatura para avaliar e mensurar, sendo algumas vezes uma característica de avaliação visual. Contudo, é sabido, que o vigor é a soma de todas as características fisiológicas da semente que garantem o seu desenvolvimento e estabelecimento como planta. Desse modo, encontrar uma maneira prática, viável e fácil de obter o valor do vigor é uma ferramenta a ser aprimorada atualmente. A disponibilidade de ferramentas biométricas de seleção de genótipos, conhecidas como índices de seleção, a qual com base em várias variáveis padroniza seus valores e os ranqueia, é uma alternativa a ser utilizada na tecnologia de sementes. Desse modo o objetivo é aplicar um índice de seleção para cálculo do vigor de sementes. Para isso foi utilizado dados de 47 genótipos de soja, submetidos ao índice de Mulamba e Mock, que se baseia na soma de “ranks” para classificar os genótipos em relação a cada caráter, a partir desta classificação, são somados os valores de cada característica para os genótipos, resultando em um valor geral considerado como o índice de seleção, realizado no Software Selegen-REML/BLUP. O experimento foi montado em DIC, com quatro repetições. Foram confeccionados rolos com papel germitest e levado para BOD, regulado a temperatura constante de 25°C, onde permaneceram por um período de oito dias. Após esse período, os genótipos foram avaliados quanto: à germinação, sendo separados entre plantas normais e anormais; ao comprimento de raiz e hipocótilo, avaliado com o programa ImageJ®; e à massa seca de raiz, hipocótilo e cotilédones, anteriormente secados em estufa com circulação forçada de ar regulada à temperatura de 80°C, por um período de 24 horas. A avaliação dos dados pelo índice de Mulamba e Mock ranqueou os 47 genótipos, em que CD 216, CD 2800, M-SOY 6101, NK 7059 RR e RA 628 foram classificados como os melhores cinco genótipos, nessa ordem. As cultivares 5D690 RR, RA 518, CD 248 RR, BRS 245 RR e CD 235 RR obtiveram as cinco últimas classificação. Desse modo, o uso do índice de Mulamba e Mock tem potencial para o cálculo de vigor.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, leogustavocantoni@gmail.com

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

³ Professor Adjunto do departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG.

Aprimoramento do método RHM: detecção de QTL considerando todas herdabilidades regionais simultaneamente na abordagem REML

Rafael Tassinari Resende¹; Camila Ferreira Azevedo²; Fabyano Fonseca e Silva³; Marcos Deon Vilela de Resende^{2,4}

Quantitative Trait Loci (QTL) são regiões no genoma relacionados à expressão fenotípica de caracteres complexos. Uma análise de QTL se torna possível a partir de três tipos de informações: (a) o fenótipo observado em campo; (b) dados de marcadores moleculares dos indivíduos avaliados; (c) informação da posição de cada marcador ao longo do genoma. Historicamente, algumas metodologias foram propostas com intuito de mapear QTL, tais como: o mapeamento por intervalos simples, o qual avalia a relação do fenótipo com os marcadores iterativamente (marca a marca); e por intervalo composto, o qual incorpora cofatores significativos ao método anterior para corrigir problemas de falsos positivos. Recentemente, novas metodologias estatísticas têm sido propostas, dentre as quais se destacam a utilização de regressão de cumeieira (*Ridge Regression*); modelos mistos, adotando-se as marcas como de natureza aleatória; e mapeamento por herdabilidades regionais (*Regional Heritability Mapping* – RHM). O método RHM também é baseado em modelos mistos e consiste em incluir, além da covariância proveniente da identidade por estado entre genótipos (matriz G de parentesco genômico), as covariâncias genômicas entre indivíduos considerando partições sequenciais (regiões) ao longo do genoma. O método RHM é considerado atualmente um dos mais eficientes, pois apresenta alto poder de detecção de QTLs verdadeiros, baixas taxas de falsos positivos, além de explicar grande parte da variância genética. Contudo, tal método geralmente tende a superestimar as herdabilidades regionais por realizar a análise iterativamente quanto forem o número de regiões. Neste contexto, o presente trabalho propõe um método capaz de estimar as herdabilidades regionais minimizando este viés, ou seja, estimando valores muito próximos à herdabilidade do caráter. O procedimento se dá por um único passo, incluindo-se todas as covariâncias das regiões genômicas de forma simultânea no modelo definido por $y = Xb + \sum_{i=1}^n Z_i g_i + e$, em que y é o vetor de fenótipos observados, b é o vetor de efeitos fixos controláveis; g é o efeito aleatório de genótipos, assumindo-se que $g_i | \sigma_{g_i}^2 \sim N(0, G \sigma_{g_i}^2)$, sendo $\sigma_{g_i}^2$ a variância genética aditiva regional da i -ésima região do genoma; n é o total de regiões; ε é o resíduo aleatório, assumindo-se $e | \sigma_e^2 \sim N(0, I \sigma_e^2)$; X é a matriz de incidência sobre os efeitos fixos; e Z_i são as matrizes de incidência sobre os efeitos aleatórios. Ao final, pode-se estimar cada herdabilidade regional por meio de $h_{REG_i}^2 = \sigma_{g_i}^2 / [(\sum_{i=1}^n \sigma_{g_i}^2) + \sigma_e^2]$. A significância estatística de cada região pode ser obtida por meio de teste de intervalo de confiança (IC) ou razão de verossimilhança (LRT). De forma geral, utilizando-se um conjunto de dados simulados, o método demonstrou alto poder de detecção de QTLs verdadeiros, excluindo falsos positivos satisfatoriamente, além de maximizar a distribuição das herdabilidades regionais ao longo do genoma.

Apoio: CNPq e Fapemig

Áreas de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, rafael.tassinari@gmail.br

² Professor do Departamento de Estatística, UFV/Viçosa – MG

³ Professor do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa – MG

⁴ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Florestas/ Colombo – PR

Avaliação genética e ganhos com a seleção em uma população híbrida de *Citrus*

Itamara Bomfim Gois¹; Aluizio Borém²; Marcos Deon Vilela de Resende³; Mariângela Cristofani-Yaly⁴; Marcos Antônio Machado⁴

O gênero *Citrus* é considerado uma das principais culturas de importância econômica e alimentícia do mundo, sendo o Brasil o maior produtor de laranja e o segundo maior produtor de frutas cítricas. Com o intuito de manter a produtividade e qualidade dos produtos tem-se utilizado o melhoramento genético. A fase inicial de um programa de melhoramento genético compreende as etapas de avaliação e seleção de genótipos superiores, e a estimação acurada dos parâmetros genéticos da população proporciona a maximização do ganho genético com a seleção. Atualmente, o procedimento estatístico que tem sido recomendado para estimação/predição no melhoramento de plantas perenes é o REML/BLUP. Este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar a herdabilidade, correlação genética, ganhos com a seleção (utilizando o índice de seleção de Mulamba e Mock) e diversidade genética, de genótipos provenientes de uma população proveniente do cruzamento entre laranja Pera (*Citrus sinensis* Osbeck) e tangor Murcott (*Citrus sinensis* Osbeck X *Citrus reticulata* Blanco), utilizando a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP). O experimento foi instalado em delineamento inteiramente ao acaso, com três repetições clonais, e, 15 variáveis relacionadas à qualidade de frutos e resistência à clorose variegada dos citros (CVC) foram avaliadas. As variáveis espessura da casca, facilidade de descasque, sólidos solúveis e resistência ao CVC não apresentaram variabilidade genética, indicando que a população não apresenta potencial para seleção para estas variáveis. As estimativas de herdabilidade, para as demais variáveis, assumiram valores entre 0,11 e 0,59, demonstrando a possibilidade de ganhos efetivos com a seleção, resultados que estão de acordo com as estimativas de acurácia. Ganhos superiores a 50%, com base no índice de Mulamba e Mock, foram observados com uma intensidade de seleção de 5,5% (10 clones). Na análise de diversidade genética, pelo método de agrupamento de Tocher, os genótipos foram divididos em cinco grupos, sendo que a maioria foi agrupada no grupo 1. A população avaliada apresenta potencial para o melhoramento genético para a maioria das características avaliadas (11), sendo necessária a introdução de novos genótipos em cruzamentos futuros para aumentar o potencial de seleção desta para as características que não apresentaram variabilidade genética.

Apoio: CNPq, CAPES e IAC.

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, itamarafloresta@gmail.com

² Professor associado ao Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

³ Pesquisador da Embrapa Florestas, Colombo – PR; Professor associado ao Departamento de Estatística, UFV/Viçosa – MG

⁴ Pesquisador do Instituto Agronômico de Campinas, Centro APTA Citros Sylvio Moreira, Cordeirópolis - SP,

BioFuzzy: uma biblioteca de controladores fuzzy para análises biométricas

Vinícius Quintão Carneiro¹; Jussara Mencalha²; Gabi Nunes Silva³; Renato Domiciano Silva Rosado⁵; Alexandre Gomes Ferraz⁴; Cosme Damião Cruz⁶

Os controladores fuzzy são sistemas de inteligência artificial que visam auxiliar o pesquisador em processos de tomadas de decisão. Esta funcionalidade torna os controladores de grande utilidade quando inseridos no contexto biométrico dos programas de melhoramento genético, uma vez que a lógica fuzzy permite transferir o conhecimento adquirido pelos programas de melhoramento, ao longo dos anos, aos sistemas computadorizados. Assim, estes conhecimentos podem ser armazenados e processados por meio de regras de forma a servir de auxílio a novos programas de melhoramento para tomar decisões. Desta forma, o objetivo deste trabalho é apresentar as funcionalidades da biblioteca BioFuzzy para auxílio aos programas de melhoramento na recomendação de cultivares. A BioFuzzy foi implementada utilizando a biblioteca de Lógica Fuzzy do software Matlab e será integrada ao software GENES. Esta conta com seis controladores que visam auxiliar na recomendação de cultivares. Assim, alguns destes combinam diferentes parâmetros de métodos de adaptabilidade e estabilidade para determinar o comportamento específico ou amplo dos genótipos a serem avaliados. Três controladores são baseados nos métodos propostos por Eberhart e Russell (1966); Cruz, Torres e Vencovsky (1989); Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). Além destes, também está disponível um controlador que utiliza como entradas somente as médias de cada genótipo nos diferentes ambientes de avaliação. Outra grande vantagem dos controladores fuzzy está na possibilidade de combinar diferentes entradas associadas a uma única saída. Desta forma, estes sistemas permitem combinar parâmetros de diferentes métodos, assim como, variáveis agronômicas distintas. Neste sentido, na BioFuzzy foi implementado um controlador híbrido que utiliza conjuntamente os parâmetros dos métodos propostos por Eberhart e Russell (1966) e Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998). Além deste, esta biblioteca apresenta disponível um controlador fuzzy multivariado que utiliza conjuntamente as medidas do método proposto por Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) para diferentes variáveis. Este algoritmo é de grande utilidade, uma vez que poucas são as metodologias para avaliar o comportamento de genótipos sob caráter multivariado. Observa-se que a lógica fuzzy é uma nova ferramenta para auxiliar nos programas de melhoramento visando combinar de diferentes formas todo o conhecimento adquirido ao longo dos anos pelos programas de melhoramento, tanto sob o enfoque univariado como multivariado.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG

Área de Concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, vinicius.quintao@ufv.br;

² Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq;

³ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁴ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPQ

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

Caracterização de sementes híbridas e variabilidade genética de pinhão-mansão

Juliana Lopes Souza¹; Renata Silva-Mann²; Daniel Ornelas Ribeiro³; Olavo José Marques Ferreira³; Sheila Valéria Alvarez Carvalho⁴; Érica Moraes Santos de Souza³

O pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) é uma espécie nativa das Américas, cultivada em diversas regiões tropicais e subtropicais e utilizada na medicina tradicional. Destaca-se das demais espécies oleaginosas por possuir alto conteúdo de óleo de qualidade nas sementes e por apresentar baixo custo de produção. Porém, no Brasil ainda não existem cultivares melhoradas de pinhão-mansão registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Considerando-se a escassez de informações referentes ao conhecimento técnico-científico do pinhão-mansão e a importância do melhoramento genético desta espécie para exploração comercial, o trabalho objetivou realizar a caracterização de sementes híbridas de pinhão-mansão oriundas de cruzamentos dialélicos, para caracteres biométricos (comprimento, espessura e largura), massa e teor de óleo e estimar a diversidade genética entre estes híbridos. A variabilidade genética foi estimada utilizando marcadores moleculares ISSR. Para a estimativa da diversidade genética nove *primers* foram utilizados, sendo que seis foram selecionados e apresentaram 80,7% de polimorfismo. A similaridade genética foi obtida com o auxílio do software NTSYS. 2.1 e o agrupamento estimado pelo método UPGMA. Observou-se similaridade genética média de 58,4% entre os híbridos, sendo mais divergentes os híbridos JCUUFS-01XJCUFS-08 e JCUFS-01XJCUFS-05 e os mais similares os híbridos JCUFS-03XJCUFS-13 e JCUFS-01XJCUFS-05. Para os caracteres biométricos, observou-se que as sementes dos diferentes híbridos variaram em média de 17,14 a 19,02 mm para o caráter comprimento; 10,97 a 11,75 mm em relação à largura e de 8,13 a 8,83 mm para espessura. A massa de 100 sementes variou de 49,92 a 55,26 g. Para o teor de óleo nas sementes, observou-se a formação de dois grupos de médias que variaram de 12,8 a 37,9 %. Houve diferença significativa entre os híbridos avaliados para os caracteres comprimento, largura, espessura e teor de óleo. Os híbridos JCUFS-01XJCUFS-05 e JCUFS-03XJCUFS-08 destacaram-se para os caracteres biométricos, porém apresentaram o menor teor médio de óleo nas sementes. O maior teor de óleo foi extraído de sementes do híbrido JCUFS-04XJCUFS-05. Desta forma, considerando-se a capacidade de transmissão das características avaliadas, recomenda-se o uso dos híbridos JCUFS-01XJCUFS-05 e JCUFS-03XJCUFS-08, para as características biométricas, e JCUFS-04XJCUFS-05, para o teor de óleo, em futuros cruzamentos dialélicos. Os marcadores ISSR apresentam altas taxas de polimorfismo e são eficientes em estudo de variabilidade genética entre híbridos de pinhão-mansão.

Apoio: CAPES e PPGAGRI

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, UFS/São Cristóvão - SE, juliana_lopes_souza@live.com

² Professor do Departamento de Engenharia Agrônômica, UFS/São Cristóvão - SE

³ Doutorando do curso de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, UFS/São Cristóvão - SE,

⁴ Bolsista do Programa Nacional de Pós-Doutorado (PNPD/CAPES), UFS/São Cristóvão - SE

Classificação do coeficiente de variação experimental para características agronômicas de 12 culturas

Igor Ferreira Coelho¹; Leonardo Lopes Bhering²; Paulo Eduardo Teodoro³

Após analisar dados estatísticos, o pesquisador deve utilizar todas as informações disponíveis para concluir sobre suas hipóteses estabelecidas. Além da utilização da média, tem-se tornado cada vez mais comum o uso de medidas de dispersão ou de variabilidade, como o coeficiente de variação e a herdabilidade, para inferir sobre a precisão experimental a partir de comparações com experimentos em condições distintas. O objetivo deste trabalho foi estabelecer os níveis de precisão experimental para alguns caracteres de 12 culturas. Foram utilizadas, portanto, informações referentes de 223 publicações científicas das seguintes culturas: algodão, arroz, aveia, café-arábica, cana-de-açúcar, cevada, feijão, girassol, milho, soja, sorgo e trigo). Nesta pesquisa foram anotadas as seguintes estatísticas: coeficiente de variação (CV), herdabilidade (h^2) e média (m) de cada caráter de importância agronômica para cada cultura. Foi realizada análise descritiva dos CVs e estimada a média e o desvio padrão (S) para cada caráter, em cada cultura. Posteriormente, foram estabelecidos os níveis de precisão experimental de acordo com a metodologia de Garcia (1989). Valores menores que o CV médio menos S foram considerados baixos [$X < (CV - S)$]; valores entre o CV médio \pm S foram considerados médios [$CV - S \leq X < CV + S$]; valores entre o CV médio + S e o CV médio mais 2S foram considerados altos [$CV + S \leq X \leq CV + 2S$]; valores maiores que o CV médio mais 2S foram considerados muito altos [$X > CV + 2S$]. Como resultado da análise das publicações científicas de Milho, Soja e Sorgo, classificou-se e contabilizou o coeficiente de variação para cada característica de importância agronômica dessas culturas. Em Milho avaliou-se Altura da Espiga, tendo 2 c.v.'s baixos, 7 c.v.'s médios e 3 c.v.'s altos; Altura de Planta, que apresentou 2 c.v.'s baixos, 11 c.v.'s médios, 1 c.v. alto e 1 c.v. muito alto; e Produtividade com 2 c.v.'s baixos, 10 c.v.'s médios, 1 c.v. alto e 1 c.v. muito alto. Já para Soja a característica Número de Vagens e Número de Sementes apresentaram, cada, 1 c.v. baixo, 4 c.v.'s médios e 1 c.v. alto; Produtividade teve 1 c.v. baixo, 6 c.v.'s médios e 2 c.v.'s altos; Altura de Planta apresentou 1 c.v. baixo, 6 c.v.'s médios e 1 c.v. alto. E para a cultura de Sorgo a característica de altura de plantou apresentou 13 c.v.'s médios, 1 c.v. alto e 1 c.v. muito alto; Peso de grãos teve 1 c.v. baixo, 10 c.v.'s médios e 1 c.v. alto; e Florescimento apresentou 2 c.v.'s baixos, 8 c.v.'s médios e 1 c.v. alto. Os resultados gerados neste trabalho podem ser utilizados como referência para os pesquisadores de diversas culturas, permitindo-os verificar a precisão experimental de seus experimentos de acordo com as diferentes classes estabelecidas para o coeficiente de variação.

Apoio: CNPq e FAPEMIG

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística;

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, bolsista PIBIC/FAPEMIG, igor.agronomia@gmail.com

² Professor Adjunto 4 do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

³ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa-MG, CAPES

Comparação das técnicas de projeção de distância para representação da diversidade genética

*Marciane Silva Oliveira¹, Cosme Damião Cruz², Isabela de Castro Sant'Anna³,
Daiana Salles Pontes⁴, Luiza Barbosa da Matta³, Cláudio Guilherme Portela de
Carvalho⁵*

Na caracterização da diversidade genética tem-se o interesse de agrupar genótipos similares, de maneira que as maiores diferenças ocorram entre os grupos formados. Com matrizes de dissimilaridade de ordem elevada, o agrupamento pode provocar perda de informações do grau de dissimilaridade, principalmente dos indivíduos pertencentes a um mesmo grupo. Uma maneira alternativa aos métodos de agrupamento, para avaliação da diversidade entre genótipos, é a análise da dispersão gráfica, normalmente utilizando o espaço bi ou tridimensional. Há várias técnicas que possibilitam a análise da diversidade genética por meio de dispersão gráfica. Técnicas multivariadas, como análise discriminante, componentes principais, análise de coordenadas e de agrupamento, podem ser aplicadas nesse tipo de estudo. Assim, é importante a avaliação criteriosa das metodologias disponíveis para que o resultado obtido não seja um artefato da técnica utilizada. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi comparar diferentes técnicas de análise de dispersão gráfica em espaço bi ou tridimensional. Para esse estudo foram utilizados dados de experimentos com 10 genótipos de girassol, em 11 locais diferentes. Sendo considerado cada local como um experimento. Foram utilizadas as técnicas de projeção de medidas de dissimilaridade, componentes principais e coordenadas principais. Neste estudo a eficiência é medida pela quantidade da distância original absorvidas pelas distâncias gráficas que, para o caso de componentes principais, equivale a quantidade da variação total originalmente disponível retida pelos componentes principais utilizadas para fins de dispersão gráfica. Considerando a análise por meio de dois eixos ortogonais, a melhor eficiência da dispersão gráfica para 91% dos experimentos foi por projeção de distâncias, para 19% foi para Coordenadas Principais e nenhum para Componentes Principais. Entretanto, somente para um experimento os valores de distorção foram inferiores a 20%. Requisito necessário para admitir-se a representação gráfica como satisfatória. Para a análise 3D, considerando três eixos principais, a melhor eficiência da dispersão gráfica para foi 63% dos experimentos por projeção de distâncias, de 36% por coordenadas principais, 1% para componentes principais. Todos os experimentos em que a projeção de distâncias foi melhor os valores de distorção foram inferiores a 20%. Recomenda-se utilizar a análise gráfica quando puderem ser estimadas variáveis – a serem usadas em eixos cartesianos – que envolvem o máximo da variação disponível nos dados originais. Neste gráfico, quando o grau de distorção entre as distâncias originais e as representadas for mínimo, poder-se-á inferir a dissimilaridade entre todos os genótipos considerados, com relativa facilidade. Conclui-se que a técnica da projeção de distância 3D é superior, tendo em vista os estudos realizados com dados experimentais de girassol.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹Pós-doutoranda, DBG-UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES, marciane.silva.oliveira@gmail.com;

²Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq;

³Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq;

⁴Doutoranda do curso de Estatística Aplicada e Biometria, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG;

⁵Pesquisador da Embrapa Soja, Londrina-PR

Correlation among tassel traits in maize genotypes

*Cleiton Antônio Wartha*¹; *Alberto Cargnelutti Filho*²; *Diego Nicolau Follmann*³; *Jéssica Andiará Kleinpaul*⁴; *Fernanda Martins Simões*⁵

In plant breeding, the selection of plants can be performed through indirect selection based on linear relations among traits. The Pearson linear correlation coefficient (r) measures the linear dependence and the degree of relation among variables, helping to identify traits that can be used in indirect selection. Currently, morphological tassel traits have been receiving importance in maize breeding programs that develop inbred lines seeking to increase yield potential of elite genotypes. This research aimed to study the correlation among tassel traits in maize genotypes. The experiment was carried out during the 2015/2016 agricultural year at experimental area of the Department of Crop Science of the Federal University of Santa Maria – RS. Twenty commercial maize hybrids were arranged in experimental design of randomized blocks with three replications. Each plot consisted of two rows of five meters long, with spacing of 0.80 m between rows and 0.20 m between plants in the row. At the plant reproductive stage, twenty tassels were randomly collected in each plot, totaling 1,200 tassels that were stored in paper packaging. The packages were identified and dried in an oven at 55°C until the samples reached constant weight. In each tassel, the following traits were measured: peduncle dry matter (PDM), branching space dry matter (BSDM), central spike dry matter (CSDM), tassel dry matter (TDM), peduncle length (PL), branching space length (BSL), central spike length (CSL), tassel length (TL), number of primary branches (NPB), number of secondary branches (NSB), and tassel branch number (TBN). Data were submitted to analysis of variance and the Pearson linear correlation coefficient was calculated for all 55 pairs of tassel traits. Moreover, the significance of r was verified through Student's t test at 5% significance level. There was significant differences ($p \leq 0.05$) among genotypes for all evaluated traits, indicating genetic variability among genotypes. The data exhibited positive strong correlation among TDM and the tassel branching traits (NPB, NSB, and TBN). Also, the TDM presented positive moderate correlation with BSL and negative moderate correlation with CSL. The CSL showed negative moderate correlation with BSDM. Moreover, CSL displayed negative strong correlation with the tassel branching traits (NPB, NSB, and TBN). Thus, these results can be used for indirect selection and evaluation of secondary traits regarding tassel morphology with the desired traits previously defined by the maize breeding program.

Keywords: indirect selection, linear dependence, *Zea mays* L.

Financial support: Capes, CNPq, and Fapergs

Concentration area: Quantitative genetics, biometrics, and statistics.

¹ Master degree student of the Plant Science Graduate Program, UFV/Viçosa - MG, Capes grant, cleiton.ufsm@gmail.com

² Associate professor of the Plant Science Department, UFSM/Santa Maria - RS, PQ/CNPq grant

³ Doctor degree student of the Plant Science Graduate Program, UFSM/Santa Maria - RS, Capes grant

⁴ Master degree student of the Plant Science Graduate Program, UFSM/Santa Maria - RS, Capes grant

⁵ Undergraduate student, UFSM/Santa Maria - RS

Diversidade genética em populações naturais e plantada de *Erythrina velutina* no Estado de Sergipe

Erica Moraes Santos de Souza¹; Sheila Valéria Álvares-Carvalho²; Itamara Bomfim Goes³; Glauber Santos Pereira³; Robério Anastácio Ferreira⁵; Renata Silva-Mann⁶

Projeto de recuperação de áreas é uma alternativa para proteção do solo, melhoria dos recursos hídricos e conservação de espécies da fauna e flora. Porém, a procedência das sementes e o conhecimento genético das mudas que irão compor essas áreas são fundamentais para o processo de recuperação e conservação a longo prazo. O estudo genético em populações naturais e plantadas permite identificar árvores geneticamente divergentes para coleta de sementes e posterior produção de mudas. Uma das espécies pioneiras utilizadas em projetos de reflorestamento é o mulungu (*Erythrina velutina* Willd. – Fabaceae: Papilionoideae), que possui propriedades medicinais e pode ser encontrado em regiões tropicais e subtropicais do mundo. Em algumas áreas do nordeste do Brasil, a *E. velutina* encontra-se em caráter de raridade. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e comparar a estrutura genética de populações naturais e restaurada de *E. velutina* no Estado de Sergipe, com foco na coleta de sementes. Foram utilizados oito marcadores ISSR e 108 indivíduos provenientes de cinco populações naturais (85 indivíduos) e uma população plantada (23 indivíduos). Foi realizada a análise de variância molecular (AMOVA), diversidade genética de Nei (H), percentagem de loci polimórficos (P%), Índice de Shannon (I) e fluxo de genes (Nm). Foi verificada a distância genética (DG) entre cada par de indivíduos por população, o número de alelos exclusivos, presença de gargalo genético e realizado o Teste de Mantel. Foram obtidos 86 locos polimórficos. A maior variabilidade genética foi identificada dentro de populações (82%). Os maiores índices de diversidade foram encontrados na população plantada (H = 0.356, I = 0.528 e P = 96.51%), enquanto a população natural Santana do São Francisco (SF) obteve as menores índices (H = 0.163; I = 0.244 e P = 47.67%). Foi identificado um alelo exclusivo, sendo este na população plantada. O teste de gargalo genético foi significativo para as populações naturais Carmópolis/Rosário do Catete (CA) e Laranjeiras (LA), juntamente com a população plantada Laranjeiras (PL). Não houve correlação significativa entre as distâncias genéticas e geográficas para todas as populações ($r = 0.058$; $t = 0,150$; $P = 0,560$). Os indivíduos da população plantada apresentaram maiores valores de DG (16 a 47%) e o da população natural SF os menores (5 a 28%). A introdução de novos indivíduos na população natural SF pode contribuir para o aumento da diversidade genética, assim como evitar possível aumento da endogamia. Nas demais populações estudadas, a variação genética observada foi moderada, permitindo a seleção de árvores divergentes para fornecimento de sementes em futuros projetos de reflorestamento. A introdução de indivíduos com alta diversidade genética foi verificada na população restaurada, inferindo no alcance de um dos objetivos do projeto de reflorestamento, possibilitando esta área ser fornecedora de sementes para novos projetos de reflorestamento.

Apoio: PPGAGRI/UFS, IFS e CIMESA

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Agricultura e Biodiversidade, UFS/São Cristóvão - SE, ericafloresta@yahoo.com.br

² Pós-Doc PNPd – CAPES, UFS/São Cristóvão - SE

³ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa-MG, bolsista CAPES

⁴ Mestre em Biotecnologia em Recursos Naturais, UFS/São Cristóvão - SE

⁵ Professor Associado do Departamento de Ciências Florestais, UFS/São Cristóvão - SE

⁶ Professor Associado do Departamento de Engenharia Agrônoma, UFS/São Cristóvão - SE

Diversidade genética de linhagens de arroz irrigado no estado de Minas Gerais

Daiana Salles Pontes¹; Cosme Damião Cruz²; Antônio Carlos da Silva Junior³; Renato Domiciano Silva Rosado⁴; Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira⁵; Plínio Cesar Soares⁶

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais importantes do Brasil, dada a sua presença indispensável na alimentação do povo brasileiro. Contudo, o lançamento de novas cultivares mais produtivas e com boa aceitação comercial exige que as suas populações de trabalho disponham de bons atributos, demandando considerável esforço dos programas de melhoramento cujo sucesso depende, essencialmente, de sua variabilidade genética. Desta forma é crucial que se dê ênfase na formação de populações que incluam materiais genéticos de bom potencial e com complementariedade gênica para que as deficiências em um genótipo possam ser supridas por formas alélicas favoráveis de outros genótipos. Assim, neste trabalho foi avaliada a diversidade genética de linhagens de arroz do Programa de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado em Minas Gerais, parceria entre a EPAMIG e a EMBRAPA Arroz e Feijão para fins de indicação de futuros cruzamentos explorando o potencial das linhagens e suas complementariedades. Os dados referem-se a 25 linhagens de arroz utilizadas no ensaio ECA (Ensaio Comparativo Avançado) conduzido na Fazenda Experimental de Leopoldina (FELP), no ano agrícola de 2012/2013, em DBC, com três repetições. Os caracteres avaliados foram: Produtividade em Kg/ha (Prod), Altura em cm (Alt), Dias para floração (Fl), Comprimento da panícula (CP), N° de Grãos cheios/Panícula (NGC), % Grãos cheios (GC), Perfilhamento (Pf), Comprimento (C), Largura (L), Espessura (E), Relação C/L (C/L), Peso de 100 grãos (PCG). Foi realizada a ANOVA para verificar a existência de variabilidade genotípica considerando o nível de 5% e a diversidade genética foi avaliada pela dispersão gráfica por meio da técnica de componentes principais. As análises foram feitas no *software* GENES. Dos caracteres estudados, apenas para Alt, GC e Pf não foram encontradas diferenças significativas para as médias das linhagens, por meio da ANOVA, indicando a existência de variabilidade para as demais características. Na análise da diversidade, expressa pelos três primeiros componentes principais que explicaram 67,89% da variabilidade total dos dados, cinco genótipos (MGI0902-7, CNAI 9091 e BRA 031018 e as testemunhas SELETA e PREDILETA) destacaram-se como de elevada produtividade e grande similaridade entre seus caracteres. Por lado, o genótipo MGI0712-1 se sobressaiu por seu potencial produtivo e também por ser o mais divergente em relação aos cinco anteriores. Assim, recomenda-se este genótipo como possível candidato para a realização de cruzamento com algum dos cinco mais produtivos para fins de exploração de vigor em combinação híbrida e maior variabilidade em população segregante. Os resultados obtidos neste trabalho são pertinentes apenas para este estudo. Portanto, há necessidade de avaliação de um maior número de experimentos e bem como de ambientes para inferir sobre a dissimilaridade das linhagens utilizadas em arroz irrigado.

Apoio: Fapemig.

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Estatística Aplicada e Biometria, UFV/Viçosa - MG, bolsista Fapemig, daiana.pontes@ufv.br

² Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

³ Estudante de mestrado em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁴ Estudante de pós-doutorado em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista PDJ/CNPq

⁵ Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁶ Pesquisador/Bolsista BIP FAPEMIG/EPAMIG – Viçosa – MG

Eficiência da seleção genômica ampla no melhoramento de *Citrus*

Itamara Bomfim Gois¹; Aluizio Borém²; Marcos Deon Vilela de Resende³; Mariângela Cristofani-Yaly⁴; Marcos Antônio Machado⁴

A crescente disponibilidade de marcadores moleculares que cobrem o genoma de maneira densa propiciaram a implementação da seleção genômica ampla (GWS) nos programas de melhoramento genético de diversas espécies. Sendo considerada uma ferramenta essencial no melhoramento genético de espécies perenes, como o *Citrus*, a GWS consiste na predição simultânea dos efeitos genéticos de centenas ou milhares de marcadores de DNA dispersos no genoma de forma que, por probabilidade, todos os genes de um caráter quantitativo estejam em desequilíbrio de ligação com parte deles. Uma das vantagens observadas na utilização da GWS é o seu potencial em aumentar o ganho por unidade de tempo e possibilitar a seleção, de forma mais eficiente, de características que apresentam baixa herdabilidade. Este trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a eficiência da GWS em uma população de *Citrus* e compará-la com a seleção baseada apenas em dados fenotípicos. Foram avaliados 180 indivíduos de uma população proveniente do cruzamento entre laranja Pera (*Citrus sinensis* Osbeck) e tangor Murcott (*Citrus sinensis* Osbeck X *Citrus reticulata* Blanco) para 10 características relacionadas à qualidade de frutos. Os clones foram genotipados com 5.287 marcadores moleculares DArT_seq™ e os efeitos destes nos fenótipos preditos a partir do método RR-BLUP. A capacidade preditiva, o viés de predição e a acurácia da GWS foram estimados para verificar sua eficácia em prever os fenótipos. A proporção da variância genética explicada pelos marcadores também foi computada. A herdabilidade das características, determinada com base nos marcadores, variou de 16% a 28%. A capacidade preditiva variou de 0,53 a 0,64, e o coeficiente de regressão entre os fenótipos preditos e os observados apresentou valores próximos à unidade, o que indica ausência de viés. A proporção da variância genética explicada pelos marcadores foi superior a 35%. As estimativas da acurácia obtidas a partir da GWS foram inferiores às obtidas a partir das análises fenotípicas, no entanto, foi possível observar a superioridade da GWS, em termos de ganho genético por unidade de tempo. Portanto, GWS é uma ferramenta promissora no melhoramento genético do *Citrus*, uma vez que, proporciona acuradas predições dos fenótipos em estádios iniciais do desenvolvimento da planta, permitindo, assim, a redução da duração do ciclo de seleção.

Apoio: CNPq, CAPES e IAC.

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, itamarafloresta@gmail.com

² Professor associado ao Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

³ Pesquisador da Embrapa Florestas, Colombo – PR; Professor associado ao Departamento de Estatística, UFV/Viçosa – MG

⁴ Pesquisador do Instituto Agronômico de Campinas, Centro APTA Citros Sylvio Moreira, Cordeirópolis - SP,

Estudo da interação genótipo x ambiente por meio da análise de rede de correlação e correlações canônicas

Isabela de Castro Sant'Anna¹; Cosme Damião Cruz²; Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira³; Renato Domiciano Silva Rosados⁴; Iara Gonçalves dos Santos⁵; Plínio César Soares⁶

O arroz é um dos cereais mais importante do Brasil sendo Minas Gerais um dos principais estados produtores dessa cultura no País. O arroz de sequeiro e de várzeas úmidas responde por cerca de 80% da produção mineira deste cereal, devido a isso o Programa de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado em Minas Gerais, parceria entre a EPAMIG e a EMBRAPA Arroz e Feijão, desenvolve e testa inúmeras linhagens de arroz por ano. Para mitigar os riscos na recomendação de novas cultivares é imprescindível que os programas de melhoramento avaliem o desempenho de seus genótipos em vários ambientes. O estudo do padrão de similaridade entre ambientes tem sido realizado, na maioria das vezes, considerando apenas uma característica de cada vez. O objetivo desse estudo foi analisar a interação genótipo por ambiente no contexto multicaracterístico por meio de redes de correlações e correlação canônica. Para isso, foram avaliados 25 genótipos do programa de melhoramento de arroz da Epamig, nas safras 2012/2013 nos municípios de Leopoldina, Janaúba e Goiânia quanto aos caracteres produtividade (PRD), florescimento (FL), altura de plantas (ALT), peso de 100 grãos (PES), além de comprimento (CMP), largura (LAR), espessura de grãos (ESP), comprimento de panícula (CMPP), número de Grãos cheios/Pan (NGC), % Grãos Cheios (PGC), acamamento (ACM), perfilhamento (PER), Relação C/L (RC/L). Os 12 caracteres agrônômicos foram agrupados em 3 subgrupos denominados de Produtividade (LAR, ESP, RC/L, PES), arquitetura de planta (ALT, FL, PER, CMP, CMPP) e formato de grão (ALT, NGC, PGC). Os três ambientes considerados foram analisados separadamente e foi obtida a matriz de correlação fenotípica e então criada a análise correlação canônica e a de rede de correlação utilizando o *software* GENES (Cruz, 2013) com o procedimento de integração com o R. Os resultados obtidos por meio da análise de correlações canônicas mostram que houve consistência entre os três grupos de caracteres avaliados ao longo dos ambientes. Esse resultado é concordante com a análise obtida por meio de rede de correlações, entretanto, apresenta como diferencial uma representação gráfica dos resultados obtidos e permite ao melhorista uma visualização de todo o sistema de caracteres. Dessa maneira as duas metodologias são complementares no estudo da interação genótipos por ambientes e permite esse estudo no contexto multicaracterístico.

Apoio: Fapemig, Capes e CNPq

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, isabela.santanna@ufv.br

² Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴ Pos Doc, Genética e Melhoramento - UFV/Viçosa - MG, PDJ/CNPq

⁵ Estudante de Mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁶ Pesquisador EPAMIG, Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG

FENOM: uma biblioteca para processamento de imagens no melhoramento de plantas

Vinícius Quintão Carneiro¹; Alexandre Gomes Ferraz²; Jussara Mencialha²; Renato Domiciano Silva Rosado⁴; Isabela de Castro Sant'anna⁵; Cosme Damião Cruz⁶

Atualmente existe uma grande demanda por técnicas que auxiliem a área do melhoramento genético a fim de aumentar a acurácia e precisão das avaliações experimentais, assim como, tornar as atividades dos programas de melhoramento mais automatizadas. Desta forma, a fenômica é uma alternativa muito interessante neste sentido uma vez que se baseia na fenotipagem de alta qualidade e em larga escala. Assim, além de melhorar as avaliações dos experimentos tanto em campo como em laboratório podem facilitar e/ou reduzir custos financeiros e de tempo aos programas de melhoramento. Porém poucos são os aplicativos disponíveis de forma fácil, interativa e gratuita aos programas de melhoramento para realizar análises desta natureza. Assim, o objetivo deste trabalho é apresentar a biblioteca FENOM para análises e processamento de imagens voltadas para avaliações experimentais. A FENOM foi desenvolvida com o auxílio da biblioteca de processamento de imagens do software Matlab e será também disponibilizada de forma interativa no software FENOM e no software GENES em sistema de integração. Esta biblioteca conta com diversas ferramentas de processamento de imagens e está em constante desenvolvimento. Visando todo o processamento da informação, esta biblioteca conta com procedimentos desde a aquisição de imagens via equipamentos externos como webcams ou câmeras apropriadas até a fase final em que são extraídas as informações pertinentes das imagens. Para aquisição de imagens é utilizado o “ProcAquisicao” e a partir desta é possível selecionar uma área específica em forma de paralelogramo utilizando o “ProcCortar”. Nesta biblioteca ainda existe a possibilidade de conversão de imagens RGB em formatos HSV ou Lab por meio do “ProcConverter”. Também é possível submeter as imagens a técnicas de realce disponíveis no procedimento “ProcRealce”. Tão importante quanto realçar algumas áreas de uma imagem é obter regiões específicas sem a presença das demais. Assim, foram disponibilizados dois procedimentos de segmentação de imagens, um deles é baseado na técnica de limiarização de histogramas (“ProcOtsu”) e o outro é baseado no método de agrupamento kmeans (“ProcKmeans”). Quando o interesse é identificar quais e quantos objetos distintos existem em uma imagem o procedimento adequado é o “ProcObj” e em caso de interesse de obter informações morfológicas dos objetos identificados pode-se utilizar o “ProcInfObj”. Todos estes procedimentos contam com apresentação de tabelas, gráficos e/ou imagens de forma a facilitar a interação com o usuário. Assim, ferramentas como a FENOM podem ser de grande utilidade aos programas de melhoramento visando facilitar e melhorar as avaliações experimentais realizadas tanto em campo como em laboratório.

Apoio: Capes, CNPq e Fapemig

Área de Concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, vinicius.quintao@ufv.br;

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG

³ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPQ

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPQ

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

Genetic divergence among maize genotypes related to tassel traits

Cleiton Antônio Wartha¹; Alberto Cargnelutti Filho²; Diego Nicolau Follmann³; Jéssica Andiará Kleinpaul⁴; Fernanda Martins Simões⁵

Genetic divergence is utilized in maize breeding programs in order to study the genetic variability among cultivars and select the most divergent progenitors. Cluster analysis provides precise information on differences and similarities among cultivars. This method reduces cost and time required to perform several hybrid combinations and optimizes the chances of obtaining success in crosses due to the fact of more divergent progenitors increase the possibility of heterosis. This study aimed to evaluate the genetic divergence among maize genotypes through cluster analysis based on tassel traits. The experiment was carried out during the 2015/2016 agricultural year at experimental area of the Department of Crop Science of the Federal University of Santa Maria – RS. Experimental design was randomized blocks with 20 commercial maize hybrids arranged with three replications. Each plot consisted of two rows of five meters long, with spacing of 0.80 m between rows and 0.20 m between plants in the row. At the plant reproductive stage, twenty tassels were randomly collected in each plot in order to evaluate the following traits: peduncle dry matter (PDM), branching space dry matter (BSDM), central spike dry matter (CSDM), tassel dry matter (TDM), peduncle length (PL), branching space length (BSL), central spike length (CSL), tassel length (TL), number of primary branches (NPB), number of secondary branches (NSB), and tassel branch number (TBN). Data were submitted to analysis of variance and analysis of relative contribution of Singh was performed for each trait. The matrix of generalized distance of Mahalanobis (D^2) was used as genetic dissimilarity measure, the unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) was used for group delimitation, and the cophenetic correlation coefficient was calculated. There was significant differences ($p \leq 0.01$) among genotypes for all evaluated traits, indicating genetic variability among genotypes. Traits that most contributed to genetic divergence were NPB, TBN, TDM, and CSL with relative contribution of 24.93%, 16.48%, 15.52%, and 10.21%, respectively. Five distinct groups were formed using 50% of genetic divergence as the group definition criteria. Group I was composed by the genotypes: 30F53, P2530, and P1630; group II by: 20A55 and MS3022; group III by: Celeron, MS 2010, AG 9025, AS 1677, AS 1666, SHS 7915, AM 9724, MS 2013, and DKB 230; group IV by: AG 8780 and DKB 290; and group V by: BM 3066, Status Vip, and SX 7331. The cophenetic correlation coefficient was 0.7115 ($p \leq 0.01$), exhibiting proper dendrogram reliability. Thus, the results demonstrated existence of genetic variability among maize genotypes.

Financial support: Capes, CNPq, and Fapergs

Concentration area: Quantitative genetics, biometrics, and statistics.

¹ Master degree student of the Plant Science Graduate Program, UFV/Viçosa - MG, Capes grant, cleiton.ufsm@gmail.com

² Associate professor of the Plant Science Department, UFSM/Santa Maria - RS, PQ/CNPq grant

³ Doctor degree student of the Plant Science Graduate Program, UFSM/Santa Maria - RS, Capes grant

⁴ Master degree student of the Plant Science Graduate Program, UFSM/Santa Maria - RS, Capes grant

⁵ Undergraduate student, UFSM/Santa Maria - RS

Índice de seleção BLUP de genitores e população F1 na cultura da soja

Thays Vieira Bueno¹; Thiago José da Silva²; Vítor Lopes de Assis²; Rosângela Maria Barbosa¹; Marcos Deon Vilela Resende³; Felipe Lopes da Silva⁴

A precocidade e a produtividade da cultura da soja são algumas das características mais buscadas em programas de melhoramento de soja. Para a seleção de populações superiores em fases iniciais do processo de melhoramento de plantas uma alternativa é a utilização de índice de seleção BLUP (*best linear unbiased prediction*). Visto isso, o objetivo deste trabalho foi selecionar populações F1 de soja quanto à precocidade e produção de grãos, utilizando abordagem de modelos mistos por meio do índice de seleção BLUP de genitores e populações F1. A população F1 foi obtida a partir do cruzamento em esquema de dialelo parcial (3x4) com sete cultivares de soja, provenientes de dois grupos. O grupo I consistiu de três cultivares que apresentam alto potencial de produção (UFV 16, UFV 18 e UFVS 2011), e o grupo II de quatro cultivares comerciais, com alto potencial de produção e ciclo precoce (FPS Netuno RR, BMX Potência RR, Anta 82 RR e TMG 1174 RR). As sementes F1 e os sete genitores foram multiplicados em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG. O delineamento experimental utilizado foi em blocos incompletos, com as repetições variando de 2 a 31. Os tratamentos consistiram de sete genitores e dez populações F1 totalizando 17 tratamentos. As características avaliadas foram o número de dias entre a emergência e o florescimento (DEF) e o peso de cem grãos (PCG). Os dados foram analisados com a abordagem de modelo misto com auxílio do programa Selegen. Para a característica DEF, os cruzamentos Anta 82 RR x UFV 16 e BMX Potência RR x UFV 16 apresentaram menores valores genotípicos 37,67 e 37,68 dias, respectivamente. Os genitores que mais contribuíram para a redução do número de DEF foram as cultivares Anta 82 RR e UFVS 2011. Para PCG verificou-se que as melhores populações F1 foram advindas dos cruzamentos BMX Potência RR x UFVS 2011 e Anta 82 RR x UFVS 2011. Essas populações apresentaram como valores genotípicos, respectivamente, 17,41 e 17,19 g por cem grãos. Os genitores que tiveram maior contribuição no aumento do PCG foram as cultivares FPS Netuno RR e UFVS 2011. Conclui-se que o genitor UFVS 2011 contribuiu para formação de populações precoces e produtivas.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Fitotecnia UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, thaysvieirabueno@gmail.com

² Estudante de graduação do curso de agronomia, UFV/Viçosa-MG

³ Professor do Departamento de Estatística, UFV/VIÇOSA – MG

⁴ Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

Influência ambiental na ação genética do *FecG^E* materno sobre a prolificidade e peso de cordeiros ao nascimento na raça Santa Inês

Jonatan Mikhail Del Solar¹; Maiana Silva Chaves²; Eduardo De Oliveira Melo³; Samuel Rezende Paiva⁴; Alexandre Nizio Maria⁵; Hymerson Costa Azevedo⁵

A metodologia *BLUP* foi instituída e utilizada no melhoramento genético a partir de 1949, tendo sua eficiência na construção de modelos lineares mistos (MLM) no estudo de fenótipos, quantitativos e qualitativos, influenciados por genes e pelo ambiente. A genética quantitativa investiga a variação fenotípica de características controladas por um ou vários locos simultaneamente, verificando diferença entre os valores preditos (VP) fenotípico e genético. A predição dos parâmetros genéticos é estabelecida por métodos matemáticos acurados, em função do desempenho individual do animal e do seu pedigree, cuja σ_a^2 coadjuva na estimativa de ganhos genéticos do rebanho. Estudos moleculares, auxiliados de técnicas estatísticas, são utilizados na conservação da estrutura genética e do melhoramento das características de interesse econômico, mediante a quantificação do tipo de ação genética e efeito das mutações. Um exemplo disso é o polimorfismo *FecG^E*, marcador associado ao incremento e de ação aditiva na prolificidade (P) e sem influência no peso de cordeiros Santa Inês ao nascimento (PCN). Objetivou-se verificar a influência ambiental na ação genética do *FecG^E* na prolificidade de ovelhas e no peso de cordeiros Santa Inês ao nascimento. Foram utilizadas informações do pedigree e escrituração zootécnica, colhidas entre 1997 e 2015, de 471 ovelhas do Núcleo de Conservação *in situ* de Ovinos Santa Inês da Embrapa Tabuleiros Costeiros (Lat.10°36'09,4''Sul; Long.37°38'30,3''Oeste), distribuídas quanto ao genótipo *FecG^E*: selvagem - WW (n=288), heterozigoto - EW (n=159) e homozigoto - EE (n=24) mutantes. Para dimensionar a influência ambiental sobre a P e PCN, estimaram-se os VP usando o MLM com sexo, ano, mês, ordem e tipo de parto, e o genótipo *FecG^E* materno como efeitos fixos, a idade quadrática e duração da gestação da ovelha como covariáveis e, a ovelha como efeito aleatório, sendo utilizado o nível de 95% de confiança. A ação genética do *FecG^E* materno, foi calculada com a metodologia similar de CAREY (2007), usando uma regressão linear dos VP em função dos três genótipos *FecG^E*. O coeficiente de determinação (R^2) dos MLM explicaram 53,11 e 46,45% da variância fenotípica da P e PCN, respectivamente, demonstrando que o ambiente influencia as características ($p < 0,01$), o que favorece o uso dos VP na estimativa acurada da ação genética. O *FecG^E* confirmou ter ação genética aditiva ($p < 0,01$) positiva para P e negativa para PCN, explicando 21,31 e 25,41% da variância fenotípica das características, valores superiores aos achados pelo modelo simples (FLORIDO *et al.*, 2016), utilizando o mesmo banco de dados que foram de 10,69 e 7,84%, respectivamente. Conclui-se que o modelo linear misto é uma importante ferramenta na predição de valores individuais de prolificidade de ovelhas e peso de cordeiros Santa Inês ao nascimento, a serem associados com marcadores moleculares, evitando a influência de fatores ambientais e subestimação do tipo e magnitude da ação genética do *FecG^E*.

Apoio: FAPESB, CAPES e EMBRAPA.

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutorando do curso de Pós graduação em Zootecnia, UFBA/Salvador - BA, bolsista CAPES, jonatan.velarde@ufba.br

² Doutoranda do curso de Pós graduação em Medicina Veterinária, UFRP/Pernambuco – PE, bolsista CAPES

³ Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia / Brasília – DF

⁴ Pesquisador da Secretaria de Relações Internacionais da EMBRAPA / Brasília – DF

⁵ Pesquisador da Embrapa Tabuleiros Costeiros / Aracaju - SE

Maximização do ganho genético multicaracterístico e da diversidade com uso de algoritmos genéticos

Guilherme Ferreira Simiqueli¹; Rafael Tassinari Resende²; Marcos Deon Vilela de Resende^{3,4}

Em espécies alógamas, para garantir o ganho de seleção e evitar perdas por depressão endogâmica deve-se recombinar indivíduos com alto valor genético e reduzido grau de parentesco. Para isto, busca-se a manutenção do número status (N_s), uma medida de diversidade dada pela metade do inverso do coeficiente de coancestria. Portanto, o objetivo foi propor um método de seleção com uso de Algoritmos Genéticos (AG) na otimização dos ganhos de seleção para várias características com redução mínima do N_s . O AG é de fácil implementação e robustez e baseia-se na seleção natural de espécies. Este foi implementado no *software* R com o pacote GA, em que buscou-se selecionar um conjunto de indivíduos com base em seus valores genéticos preditos (VGP) que garantissem maior ganho genético com menor grau de parentesco entre si (alto N_s). Foram utilizados dados reais para fins comparativos com o método baseado no algoritmo *Branch and Bound* (B&B) para caso unicaracterístico e dados simulados com três caracteres, sendo dois correlacionados negativamente, para fins comparativos em diferentes intensidades de seleção com o método multicaracterístico (MM) adaptado de Mulamba e Mock baseado no ordenamento médio dos VGP. O método B&B alcançou um ganho médio de 320,5 com N_s de 33,33 em 120 minutos de processamento, enquanto que o GA obteve maior ganho (329,76) e menor N_s (29,94) em menor tempo (31 min). Isto demonstra a efetividade do GA para problemas combinatórios de grande porte em relação ao B&B e demais métodos anteriores já comparados com este. Além disso, o GA pode ser utilizado para várias características, enquanto o B&B é unicaracterístico. O GA com o uso de dados simulados teve, em altas intensidades (1% e 2,5%), pequena redução no ganho médio geral para os três caracteres e um N_s mais alto do que o obtido pelo MM. Em baixas intensidades (20%), o GA alcançou o mesmo N_s (54,93) da população inicial e com ganho genético médio (0,34) superior ao MM que obteve N_s de 40,4 e ganho médio de 0,26. Além disso, o GA selecionou menor número de indivíduos (185) dos que eram para serem selecionados (600) o que contribuiu para ganho genético médio elevado e maior praticidade no melhoramento. De modo geral, o que torna a busca de uma solução mais onerosa não consiste apenas na conciliação de um maior N_s com maior ganho genético, mas a conciliação de caracteres correlacionados negativamente e com baixa diversidade na população inicial de melhoramento. Portanto, o GA demonstrou ser flexível para o melhorista, permitindo a determinação de limites seletivos para cada caractere e, também, selecionando indivíduos que garantem o maior ganho genético possível para vários caracteres com menor redução do N_s em um tempo adequado de processamento.

Apoio: CNPq e CAPES

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, guisimiqueli@gmail.com

² Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Professor do Departamento de Estatística, UFV/Viçosa - MG

⁴ Pesquisador Embrapa, Viçosa - MG

Metodologia do centroide modificado aplicada em genótipos de girassol (*Helianthus annuus*)

*Luiza Barbosa da Matta*¹; *Renato Domiciano Silva Rosado*², *Francyse Edite de Oliveira Chagas*³;
*Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira*⁴; *Cláudio Guilherme Portela de Carvalho*⁵; *Cosme
Damião Cruz*⁶

A cultura do girassol vem ganhando destaque em meio a produtores e pesquisadores devido ao seu alto potencial nutritivo e sua grande tolerância a temperaturas extremas. Para se potencializar as características agrônomicas de maior interesse (produtividade e rendimento de óleo), muitas pesquisas vêm sendo feitas, incluindo as que visam estudos de adaptabilidade e estabilidade. A metodologia do Centroides vem sendo utilizada em maior escala devido à sua praticidade na interpretação dos resultados, pois se baseia em ideótipos e enquadra os genótipos avaliados de acordo com a probabilidade que estes possuem de estar mais próximo de um ou de outro ideótipo previamente estabelecido. O método original continha 4 ideótipos, já o modificado, 7, sendo as mudanças propostas por apresentarem maior concordância com a realidade biológica dos organismos. Neste trabalho foram utilizados 16 genótipos avaliados em 16 ambientes, sendo os dados cedidos pela Embrapa Soja, realizados nas safrinhas de 2012 e 2013. O objetivo do trabalho, com a utilização do método do centroide, é classificar os genótipos quanto à sua adaptabilidade e estabilidade nos diversos tipos de ambientes. Ao se aplicar o método do centroide nos dados de produtividade de grãos, pode-se perceber que a maioria dos genótipos se aproximou do grupo V, demonstrando que há uma tendência à adaptabilidade geral. Tal fato ocorre com os cultivares 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 11, 15 e 16. O genótipo 1 mostrou-se em posição de destaque por apresentar alto potencial de desempenho em ambientes favoráveis e desfavoráveis, sendo o único incluído no grupo I. Em contrapartida, os genótipos 10 e 14 apresentaram desempenho mínimo em ambos os tipos de ambiente, por isso sendo incluídos no grupo IV. Já os genótipos 8 e 13 foram incluídos no grupo VII, demonstrando bom potencial produtivo apenas em ambientes desfavoráveis (nos favoráveis, apresentaram-se como possuindo produtividade média), o contrário ocorrendo com o genótipo 12, incluído no grupo VI por apresentar produtividade média em ambientes desfavoráveis e alta nos favoráveis. Em relação ao teor de óleo, os genótipos 10 e 14 mais uma vez apresentaram-se como pouco adaptados, exibindo médias mínimas tanto em ambientes favoráveis como em desfavoráveis (grupo IV). Diferentemente da análise de produtividade, o cultivar 2 demonstrou possuir médias altas em ambientes desfavoráveis e valores médios para ambientes desfavoráveis, sendo agora incluído no grupo VII. O restante dos cultivares (1, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 13, 15 e 16) foi incluído no grupo V por apresentar adaptabilidade geral (valores médios em todos os ambientes). A facilidade de alocação dos genótipos para posterior recomendação apresentada pelo método do centroide faz com que este seja uma boa alternativa em estudos de adaptabilidade e estabilidade.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, eululuka@hotmail.com

² Pos Doc em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista PDJ/CNPq

³ Estudante de Mestrado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

⁴ Estudante de doutorado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁵ Pesquisador da Embrapa Soja, Londrina-PR

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Modelos estatísticos para avaliação da qualidade culinária de arroz: textura e propriedades viscoamilográficas

Érica dos Santos Rios¹; George von Borries²; Priscila Zaczuk Bassinello³

A qualidade do arroz é conferida por diversas características intrínsecas desse grão e sua interação com o ambiente, as quais podem ser determinadas instrumentalmente, como o tamanho e a coloração, ou percebidas sensorialmente, como o aroma e a textura. Em geral, a avaliação sensorial de textura de arroz é demorada e de alto custo, visto que envolve treinamento, aptidão e disponibilidade de pessoas e tempo. O uso de medidas instrumentais de textura em conjunto com análises físico-químicas, como o teor de amilose e medidas de perfil viscoamilográfico (gelatinização, viscosidade e tendência à retrogradação do amido) da farinha de arroz, permite minimizar o tempo e o gasto despendido na avaliação sensorial. Há duas principais medidas sensoriais de textura: a pegajosidade e a dureza. Especificamente, esse trabalho buscou verificar a relação existente entre a medida sensorial pegajosidade e a pegajosidade instrumental e minimizar a quantidade de medidas de perfil viscoamilográfico necessária para explicar a pegajosidade sensorial binária, a fim de propor alternativas para a classificação de textura do arroz cozido na seleção de linhagens promissoras em programas de melhoramento genético. Foi obtido um conjunto de dados de qualidade de grãos de várias amostras de arroz irrigado e de terras altas referente aos anos de 2013 e 2014. Os perfis viscoamilográficos foram determinados em RVA. A pegajosidade instrumental foi analisada quantitativamente por meio de forças de compressão em texturômetro. A análise sensorial da variável qualitativa pegajosidade de grãos cozidos, foi realizada por provadores treinados com base em escala hedônica de sete pontos, transformados em escala binária em estágio inicial. Foram aplicadas técnicas estatísticas de Análise de Componentes Principais (ACP) e regressão logística binária para modelagem da pegajosidade instrumental e sensorial. O grau de eficiência da classificação sensorial do arroz foi obtido por meio da estimativa da taxa de erro de classificação por validação cruzada. A acurácia do modelo quanto a previsão também foi avaliada por meio do gráfico da curva ROC. A ACP permitiu simplificar o modelo reduzindo a dimensão do estudo para apenas duas componentes resultantes da combinação linear das medidas viscoamilográficas, as quais representam cerca de 80% da informação contida nas variáveis RVA. Utilizando a regressão logística foi possível estimar, com alta taxa de acerto, a classificação sensorial de pegajosidade. Os modelos clássicos foram tão eficientes quanto os modelos bayesianos estimados em outro estudo. Resultados de regressão logística politômica também foram obtidos para a escala sensorial com cinco pontos e estão em fase de revisão em artigo submetido pelos autores.

Apoio: CNPq e Embrapa Arroz e Feijão

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹ Mestranda do curso de Estatística Aplicada a Biometria, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, ericadsrios@gmail.com

² Professor, Departamento de Estatística da Universidade de Brasília, Campus Universitário Darcy Ribeiro, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

³ Pesquisadora, Área de Ciência de Alimentos, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.

Otimização no processo de construção de árvores filogenéticas complexas de genomas completos de eucariontes e plantas-modelo através de métodos de álgebra linear por vetores de frequência de tri-peptídeos e entradas InterPro

Lucas Felipe Silva¹; Dalila Dominique Duarte Rocha²; Matheus Allef Cruz³; Lara Maria Silva Miranda⁴; Thiago do Carmo Librelon Rocha⁵; Bráulio Roberto Gonçalves Marinho Couto⁶

No estudo da evolução das espécies, é imprescindível a utilização de árvores filogenéticas para verificar a relação entre os mesmos. Entretanto, a reconstrução evolutiva de organismos usando métodos filogenéticos tradicionais pode ser afetada por erros, por exemplo, de alinhamentos incorretos ou por utilizar um número restrito de genes. Além disto, métodos de alinhamentos de sequências completas de genoma são impraticáveis, por possuírem enormes dados para processamento. Os métodos de álgebra linear abrem possibilidades em aplicações biométricas, utilizando a representação de proteínas como vetores no espaço multidimensional. O banco de dados InterPro integra modelos preditivos ou "assinaturas" de proteínas, qualificando-o como ferramenta no estudo de processos evolutivos. A presente pesquisa busca responder às seguintes questões: a) genomas analisados por métodos de álgebra linear, por representação vetorial a frequência de tri-peptídeos e entradas de InterPro podem gerar relações filogenéticas válidas do ponto de vista biológico? b) comparado ao método clássico, os resultados usando álgebra linear são válidos? Foram analisados genomas completos de 14 espécies de plantas e 317 espécies eucariontes, retiradas do banco de dados Uniprot, sendo realizada análise filogenética por meio de duas técnicas distintas: metodologia clássica (algoritmo de Needleman-Wunsch para alinhamento global), e o uso de álgebra linear com vetores de frequência de tri-peptídeos e entradas do InterPro. Na análise clássica as sequências dos genomas foram testadas nos programas: MEGA, ClustalW, Clustal Omega, MUSCLE, BioEdit, CLC Sequence. Na análise utilizando álgebra linear foi elaborada uma matriz com a presença (1) ou ausência (0) de entradas InterPro, e a partir disto, construído vetores para a representação dos genomas das espécies. Em outra representação, as sequências proteicas foram transformadas em vetores de frequências de tri-peptídeos e, posteriormente, realizada a filogenia através do software MATLAB. Utilizando-se o método clássico não foi possível gerar nenhum resultado válido, devido a problemas computacionais sendo que nenhum dos programas testados suportou a grande quantidade de dados (os genomas avaliados tinham, em média, aproximadamente 13 milhões de aminoácidos). Com o uso da álgebra linear foi possível construir árvores filogenéticas que apresentaram resultados similares, por genomas completos representados por vetores de frequência de tri-peptídeos e por vetores de entradas do InterPro. Foi verificado que a distribuição das espécies no dendograma gerado estava de acordo com a taxonomia apresentada na literatura. Os resultados obtidos demonstram que genomas podem ser avaliados por meio de técnicas de álgebra linear, esta premissa é de suma importância no tratamento de dados.

Apoio: UniBH e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Estudante de graduação em Engenharia Química, UniBH/Belo Horizonte-MG, lukascese@yahoo.com.br.

² Estudante de mestrado, UFSJ/Sete Lagoas-MG

³ Estudante de graduação, UniBH/Belo Horizonte-MG

⁴ Estudante de graduação, UniBH/Belo Horizonte-MG

⁵ Estudante de graduação, UniBH/Belo Horizonte-MG

⁶ Doutor em Bioinformática, UniBH/Belo Horizonte - MG

Predição das características de conformação e de acabamento de carcaças de bovinos por análise de imagens infravermelho e RGB.

Gutierrez José de Freitas Assis¹; Augusto Matos Corrêa²; Débora Evelyn de Freitas Assis³; Luiz Henrique Pereira Silva⁴; André Luis Carvalho Mendes⁵; Mario Luiz Chizzotti⁶

A avaliação e tipificação de carcaças permite aos frigoríficos assegurarem a qualidade sobre os produtos produzidos, uma vez que podem inferir sobre a carne produzida e consequentemente direcionar a carcaça e a carne para diferentes mercados consumidores. No entanto, os processos de tipificação e classificação no Brasil são realizados de maneira subjetiva, diante disso, o objetivo neste trabalho foi prever as características de conformação e de acabamento de carcaças de bovinos através da análise de imagens obtidas por câmera de infravermelho e RGB. O experimento foi conduzido nas dependências do Laboratório Animal do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, Minas Gerais, Brasil). Foram utilizados 60 bovinos da raça Nelore, machos, com idade média de $14 \pm 0,3$ meses e peso médio 480 kg de peso. Os animais foram submetidos a jejum de sólidos durante 16 horas e posteriormente foram abatidos por meio de concussão cerebral e secção da jugular para sangramento total. Após o abate, a carcaça de cada animal foi dividida longitudinalmente em duas metades e, em seguida, resfriadas em câmara fria a 4°C por 24 horas. Posteriormente as carcaças resfriadas foram pesadas, sendo mensurado também o comprimento de carcaça, área de olho de lombo (AOL) e espessura de gordura subcutânea na altura da 12ª costela da carcaça. A meia-carcaça esquerda foi utilizada para obtenção das imagens. Para a obtenção das imagens foi utilizado o sensor Kinect® (modelo 1473, Microsoft Corp., Redmond, Washington, EUA) sincronizado com o software MATLAB (The MathWorks Inc., Natick, Massachusetts, EUA). O sensor foi posicionado a uma altura de 1,50 metros em relação ao solo e a uma distância de 3,80 metros da carcaça. Foram capturadas imagens (640x480 pixels) RGB e de infravermelho de cada uma das carcaças, durante aproximadamente 15 segundos. Uma imagem de cada carcaça foi escolhida para a obtenção dos parâmetros corporais a serem analisados (área, volume, comprimento). Os dados foram analisados por correlação de Pearson e regressão linear múltipla com método Stepwise. Os coeficientes de determinação indicam que houve correlação negativa da AOL por cem quilos de carcaça, com comprimento ($r = -0,5126$) e área total ($r = -0,5221$) da carcaça, assinalando assim possível antagonismo entre a musculosidade e esses parâmetros. Foram desenvolvidas as seguintes equações para prever AOL (cm²) e EGS (mm): AOL = $56,2 + (0,43 \times \text{peso carcaça}) - (0,0000045 \times \text{área})$ ($R^2 = 0,308$) e EGS = $7,626 - (0,002635 \times \text{comprimento da carcaça})$ ($R^2 = 0,1008$). O uso de imagens na tipificação de carcaças representa uma alternativa promissora, porém mais estudos são necessários para aumentar a precisão dessa técnica.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística

¹ Estudante de mestrado do curso Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, gutierrez.assis@ufv.br

² Zootecnista, UFV/Viçosa

³ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG

⁴ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Predição do peso corporal de bovinos por análise de imagens digitais

*Gutierrez José de Freitas Assis¹; Augusto Matos Corrêa²; Débora Evelyn de Freitas Assis³;
Gustavo Borges Carneiro⁴; André Luis Carvalho Mendes⁵; Mario Luiz Chizzoti⁶*

Em sistemas de produção, o peso corporal é a característica de maior interesse devido à facilidade de obtenção e correlação com a composição corporal. No entanto, muitas propriedades não possuem balanças disponíveis para a pesagem periódicas dos animais. Uma forma de conhecer o peso animal sem a necessidade de balança é a utilização de mensurações do seu corpo, denominada biometria. Diante disso, o objetivo neste estudo é desenvolver equações para prever o peso corporal de bovinos a partir de mensurações biométricas obtidas pela análise de imagens infravermelha e RGB. O experimento foi conduzido nas dependências do Laboratório Animal do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa. Para elaboração das equações de predição foram utilizados 60 tourinhos Nelore, machos não castrados, com idade e peso médio inicial de $8 \pm 0,3$ meses e 276 ± 24 kg, respectivamente. Os animais permaneceram confinados até atingirem em média 480 kg de peso. Os animais foram pesados a cada 28 dias e concomitantemente foram coletadas imagens do dorso do animal, a partir destas foram obtidos os parâmetros corporais a serem analisados (área (A), volume (V), altura (H), comprimento (C), largura do dianteiro (LD), largura entre costelas opostas (LC) e largura do traseiro (LT)). Para a obtenção das imagens foi utilizado o sensor Kinect® (modelo 1473, Microsoft Corp., Redmond, Washington, EUA) sincronizado com o software MATLAB (The MathWorks Inc., Natick, Massachusetts, EUA). O sensor foi posicionado no curral de manobra a uma altura de 2,70 metros paralela ao solo. Foram capturadas imagens (640x480 pixels) RGB e de infravermelho de cada um dos bovinos, durante aproximadamente 15 segundos. Os dados foram analisados por correlação de Pearson e regressão linear múltipla com método Stepwise. As medidas corporais dos tourinhos apresentaram altas correlações com o peso. Ao correlacionar o peso dos tourinhos com os parâmetros altura, largura dianteiro e largura entre costelas opostas obteve-se um coeficiente de determinação (R^2) de 82.5 %, e a seguinte equação de predição de peso: $\text{Peso} = -527,11 + 3,680 \times H + 1,785 \times LD + 0,75435 \times LC$. Os resultados obtidos neste projeto indicam a possibilidade de predição do peso por imagem com boa precisão.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Estudante de mestrado do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, gutierrez.assis@ufv.br

² Zootecnista, UFV/Viçosa

³ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Predição versus classificação no ajuste de modelos para dados tecnológicos da cana de açúcar sob diferentes pre-tratamentos de dados NIR

Roberta de Amorim Ferreira¹; Luiz Alexandre Peternelli²; Denilson Junio Marques Soares³; Mateus Teles Vital Gonçalves⁴

A importância da cana-de-açúcar no Brasil tem sido cada vez maior, principalmente com o interesse nas fontes alternativas de energia renovável. A produtividade da cana-de-açúcar é importante no contexto do desenvolvimento de variedades em programas de melhoramento. No entanto, atualmente tem-se preocupado não somente no desenvolvimento de variedades que produzam mais sacarose, e conseqüentemente, mais açúcar ou etanol, mas também naquelas com maior teor de fibra, dentro do contexto da cana energia. Métodos alternativos para medição das características tecnológicas, dentre elas o teor de fibra (FIBRA) vem sendo investigados no Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da UFV. A espectroscopia no infravermelho próximo (NIR) associado a métodos estatísticos multivariados apresenta grande possibilidade de aplicação devido a sua facilidade de utilização, rapidez, exatidão e não geração de resíduos. Dessa forma, visando facilitar a seleção de indivíduos com maior produtividade e qualidade da FIBRA de maneira mais rápida e precoce, tem-se avaliado o uso procedimentos estatísticos com vistas à predição ou classificação, em dados de NIR. O objetivo desse trabalho foi ajustar modelos de predição e de classificação de FIBRA com dados NIR obtidos em amostras de colmo, variando-se os pré-tratamentos aplicados aos dados. Foram utilizados 160 clones contrastantes em relação à FIBRA. Os espectros foram obtidos no terço médio do colmo. Para a predição, o modelo de calibração foi gerado pelo método dos mínimos quadrados parciais (PLS), do pacote pls do software R. Para a classificação em “selecionado” ou “não-selecionado”, foi usado o método da Análise Discriminante Linear (LDA), via função lda do R. Os pré-tratamentos aplicados aos espectros foram: alisamento, derivadas primeira e segunda, correção multiplicativa de sinal (MSC) e centralização na média (CM). A avaliação da capacidade preditiva do modelo ocorreu por meio da correlação entre os valores preditos e os valores reais, e da raiz do erro quadrático médio (RMSE) de predição. A taxa de erro aparente (TEA) mediu a capacidade de classificação de cada modelo tanto pelo LDA, quanto pela adaptação do PLS para as classes “selecionado” ou “não-selecionado” em função de três valores mínimos de FIBRA: F-14, F-15 e F-16. Os melhores resultados (correlações > 0,55 e RMSE < 2) para predição na população teste (10% das amostras), ocorreram para dados NIR após CM apenas, ou que sofreram alisamento, MSC e CM. As classificações após o ajuste PLS, resultaram em TEA < 0,30 para FIBRA-14, e TEA < 0,18 para FIBRA-16, nos mesmos modelos selecionados para predição. A LDA foi consistente quanto aos valores de TEA independentemente do pré-tratamento dos dados, com TEA < 0,42 para F-14, e máximo de 0,12 para F-16. Enquanto a predição foi ruim no conjunto de dados em análise, a ideia da classificação ao invés de predição do teor de fibra mostra-se potencialmente útil nos programas de melhoramento.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Estatística Aplicada e Biometria, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, roberta.amorim@ufv.br

² Professor Titular do Departamento de Estatística, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

³ Mestrando do curso de Estatística Aplicada e Biometria, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, PIBIC/CNPq

Proposta de análise de rede de correlação entre caracteres fenotípicos para inferência uni e multivariada da interação genótipo x ambiente

Iara Gonçalves dos Santos¹; Cosme Damião Cruz²; Renato Domiciano Silva Rosado³; Isabela de Castro Santanna⁴; Antônio Carlos da Silva Júnior⁵; Plínio César Soares⁶

O arroz é um dos principais componentes da dieta da população brasileira, por isso é imprescindível que os programas de melhoramento avaliem o desempenho de seus genótipos em vários ambientes. O estudo do padrão de similaridade de ambientes, para inferência sobre interação genótipo x ambiente, por meio de uma rede de correlação ainda não foi explorado. Assim, embora seja utilizado nas mais diversas áreas, no melhoramento vegetal este procedimento é novo e pode ser de grande utilidade na interpretação de sistemas complexos. O objetivo desse estudo foi construir uma rede de correlação para avaliar o comportamento de sete ambientes em relação a seis caracteres agrônômicos de arroz. Para isso, foram avaliados 12 genótipos do programa de melhoramento de arroz da Epamig, nas safras 2006/2007 e 2007/2008 nos municípios de Leopoldina, Janaúba e Lambari quanto aos caracteres produtividade, florescimento, altura de plantas, peso de 100 grãos, além de comprimento, largura e espessura de grãos. Os seis ambientes considerados foram obtidos pela combinação linear entre anos e municípios. Foi obtida a matriz de correlação fenotípica e então criada a rede de correlação utilizando o *software* GENES (Cruz, 2013) com o procedimento de integração com o R. As linhas destacadas na rede de correlação representam valores acima de 0,7, a proximidade entre nós é proporcional ao valor absoluto da correlação entre eles e as linhas verdes representam correlações positivas enquanto as vermelhas, correlações negativas. A partir da análise de ambientes, pôde-se notar que em Leopoldina nas duas safras avaliadas (locais 1 e 5) há concordância entre os desempenhos genotípicos permitindo prever a falta de interação genótipo x ambiente ou, se existir, deve ser de natureza simples. Por outro lado, nos ambientes 2, 3, 4 e 6 não foi possível observar correlação considerável e por isso considera-se que estes ambientes venham contribuir para interações genótipo x ambiente de natureza complexa, dificultando a seleção e recomendação dos genótipos. Neste caso os ambientes apresentam particularidades que modificam a expressão dos caracteres e por isso, a recomendação de genótipos deve ser criteriosa. Apesar de os ambientes 2 e 3 (Lambari e Janaúba na safra 2006/2007) apresentarem interação, provavelmente do tipo complexa, os caracteres destes ambientes foram correlacionados entre si, revelando que o comportamento em ambos os locais foi coincidente. Conclui-se que a rede de correlação pode ser eficiente para prever a interação genótipo x ambiente e inferir sobre a contribuição de cada ambiente para esta interação.

Apoio: Fapemig, CNPq e CAPES

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, iara.santos@ufv.br

² Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq - Nível 1

³ Pós-doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁵ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁶ Pesquisador - EPAMIG/Viçosa - MG, Bolsista BIPTD/FAPEMIG/EPAMIG

Proposta de controlador fuzzy multivariado para análises de adaptabilidade e estabilidade

Jussara Mencalha¹; Vinícius Quintão Carneiro²; Luiza Barbosa da Matta³; Alexandre Gomes Ferraz⁴; Cláudio Guilherme Portela de Carvalho⁵; Cosme Damião Cruz⁶

Na etapa de recomendação de cultivares, conhecer o desempenho e o comportamento dos materiais elite de um programa de melhoramento é crucial para o sucesso de uma cultivar a ser recomendada. Assim, análises de adaptabilidade e estabilidade são cruciais para entender o comportamento destes materiais. Várias são as metodologias para estudos desta natureza, porém todas estas visam o estudo individualizado das variáveis avaliadas. Assim, novas abordagens que permitem estudar a adaptabilidade e estabilidade sobre um enfoque multivariado, como a lógica fuzzy, são alternativas de análises interessantes aos programas de melhoramento. Assim, o objetivo deste trabalho é propor um controlador fuzzy multivariado para estudos de adaptabilidade e estabilidade de materiais elite em programas de melhoramento. Como entradas do controlador foram considerados os valores de Pi em ambientes favoráveis e desfavoráveis para duas variáveis. Todas as entradas foram separadas em dois conjuntos, ou seja, valores de Pi's baixos e/ou altos. Já para a variável de saída foram considerados os conjuntos de comportamento de ampla adaptabilidade, adaptabilidade específica a ambientes favoráveis ou desfavoráveis ou pouco adaptados. Foram utilizadas regras fuzzy que contemplassem todas as combinações de grupos de cada entrada. Os genótipos de interesse deveriam apresentar valores de Pi baixos. Além disso, para que um genótipo fosse classificado em um dos grupos de comportamento este deveria apresentar o mesmo comportamento para ambas as variáveis. Como exemplo de aplicação deste controlador foram utilizados dados de 13 híbridos e 3 variedades de girassol avaliados quanto a rendimento de grãos (Kg/ha) e percentual de teor de óleo, em 16 localidades distribuídas nos estados de Distrito Federal, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais, Rondônia, São Paulo e Tocantins. Foram realizadas análises de variância conjunta e de adaptabilidade e estabilidade segundo Lin e Binns (1988) modificado por Carneiro (1998) utilizando o software GENES. Para o desenvolvimento do controlador fuzzy foi utilizado o software Matlab. Para as variáveis avaliadas foi identificado efeito significativo de interação genótipos por ambientes, justificando a necessidade de se estudar a adaptabilidade e estabilidade das linhagens. Utilizando o controlador fuzzy multivariado constatou-se que os híbridos 2, 4, 8, 12, 13 e 16 apresentaram ampla adaptabilidade. Dentre estes o genótipo 13 foi o que apresentou melhor comportamento, uma vez que possui maior valor de pertinência neste conjunto. Dentre os híbridos de adaptabilidade a ambientes desfavoráveis (1, 7, 9 e 15), aquele que mais se destacou foi o 15. Já os híbridos 5 e 6 apresentaram adaptabilidade a ambientes favoráveis com pertinências muito próximas entre si. A utilização deste controlador fuzzy multivariado se mostrou uma alternativa viável e de grande potencial, uma vez que poucas são as análises que contemplam maior número de variáveis em uma única vez.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG

Área de Concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, jussara.mencalha@ufv.br;

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq;

³ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG

⁵ Pesquisador da Embrapa Soja, Londrina-PR

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

Proposta de método de adaptabilidade e estabilidade baseado em lógica fuzzy

Alexandre Gomes Ferraz¹; Vinícius Quintão Carneiro²; Antônio Carlos da Silva Júnior³; Renato Domiciano Silva Rosado⁴; Plínio César Soares⁵; Cosme Damião Cruz⁶

Diversas são as metodologias para avaliar a adaptabilidade e estabilidade de genótipos para auxiliar aos programas de melhoramento na recomendação de cultivares. Com a introdução de novas ferramentas computacionais nos programas de melhoramento novos métodos para análises biométricas têm sido disponibilizados. Uma abordagem muito interessante é a lógica fuzzy que permite utilizar o conhecimento dos próprios melhoristas para tornar os computadores autônomos permitindo realizar tomadas de decisão relacionadas ao melhoramento de plantas. Assim, o objetivo deste trabalho é propor um método de adaptabilidade e estabilidade utilizando os conceitos de lógica fuzzy. Este método baseia-se no desempenho dos genótipos em cada ambiente de avaliação. Para isso foi utilizado um controlador fuzzy, em que cada ambiente é considerado uma entrada no sistema, cujas médias podem ser classificadas em “Baixa” ou “Alta”. Neste controlador os genótipos podem ser classificados em ampla adaptabilidade, pouco adaptado ou de adaptabilidade a ambientes favoráveis ou desfavoráveis de acordo com o seu desempenho em cada ambiente. Para que um genótipo seja alocado em uma destas classes ele deve apresentar média em cada ambiente superior a um determinado ponto de corte predefinido pelo melhorista. Assim neste trabalho foi testado o ponto de corte igual à média geral de cada ambiente, ou seja, para que um genótipo apresente média alta ele deve ter média superior à média do ambiente em que foi avaliado. Para efeito de estudo foram considerados dados de 21 genótipos de arroz avaliados quanto a produtividade de grãos (Kg/ha) em nove ambientes de Minas Gerais. Os experimentos foram delineados em blocos casualizados com três repetições. Assim para o controlador, foram consideradas 9 entradas, uma saída e 512 regras contendo todas as combinações de tipos de médias entre ambientes. Inicialmente os dados foram submetidos à análise de variância conjunta e posteriormente as médias de cada genótipo por ambiente foram submetidas ao controlador, permitindo obter as pertinências de cada genótipo em cada conjunto da variável de saída. Assim, foram identificados os genótipos 9 e 15 como de adaptabilidade a ambientes desfavoráveis. Destes, o genótipo 15 se destacou pois apresentou pertinência neste conjunto igual a 63,72%, enquanto que o genótipo 9 apresentou 55,04%. Este método, demonstra ser interessante uma vez que é baseado somente nas médias de cada genótipo por ambiente visando identificar os genótipos superiores a um nível de corte. Este nível poderia ser a média geral de cada ambiente porém existem outras possibilidades como a utilização da média de uma cultivar comercial utilizada como testemunha. Assim, observa-se o grande potencial da lógica fuzzy quando utilizada sob o enfoque de análises biométricas, existindo a possibilidade do próprio melhorista adicionar seu conhecimento a respeito do material avaliado.

Apoio: FAPEMIG, Capes e CNPq;

Área de Concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG, bolsista PROBIC/FAPEMIG, alexandre.g.ferraz@gmail.com;

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁴ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁵ Pesquisador – EPAMIG/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista BIPTD FAPEMIG

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

Rede de correlação entre caracteres fenotípicos de soja

Ivan de Paiva Barbosa¹; Alisson Santos Lopes da Silva²; Wender Santos Rezende³; Renato Domiciano Silva Rosado⁴; Felipe Lopes da Silva⁵; Cosme Damião Cruz⁶

No melhoramento de soja, bem como de outras culturas, há inúmeros caracteres disponíveis para serem utilizados no processo de seleção de genótipos. Por isso, informações a respeito da correlação entre os eles são importantes para definir em quais grupos de caracteres a seleção deve se basear. Nesse sentido, a construção de redes de correlações entre caracteres é uma técnica útil, pois permite caracterizar sistemas complexos criando um modelo gráfico que apresenta associações par a par entre e dentro de grupos predeterminados de caracteres. O objetivo deste trabalho foi construir redes de correlação fenotípica para elucidar padrões de ligação entre 14 caracteres morfoagronômicos de soja. Para esse estudo, foram utilizados dados experimentais obtidos dos ensaios de avaliação e multiplicação de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Soja (BAG) do Departamento de Fitotecnia (DFT) da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Os ensaios foram conduzidos em Viçosa – MG e em Coimbra – MG no ano agrícola de 2014/2015. O delineamento experimental foi em blocos aumentados, com sete blocos, cinco tratamentos comuns (testemunhas) e 152 tratamentos não comuns. Os caracteres avaliados foram agrupados da seguinte maneira: ciclo – número de dias para o florescimento (NDF) e número de dias para a maturação (NDM); caracteres vegetativos – diâmetro do hipocótilo (DH), altura da planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de nós na haste principal (NNHP) e número de hastes laterais (NHL); componentes de produção – número de vagens por planta (NVT), número de sementes por vagem (NSV), massa de cem sementes (MCS) e produtividade; e composição química da semente – teor de óleo, teor de nitrogênio e teor de proteína (teor de nitrogênio x 6,25). A partir das matrizes de correlação fenotípica, a rede de correlação de caracteres foi construída, com base no algoritmo de Fruchterman-Reingold, utilizando-se o programa Genes em integração com o programa R. Nessas redes, aplicou-se o corte de 0,4 ($|r_{ij}| \geq 0,4$ foram destacadas). A característica que apresentou maior correlação com a produtividade foi NVT (0,46 em Viçosa e 0,50 em Coimbra). Em ambos os locais, NVT apresentou correlação positiva com o grupo dos caracteres vegetativos, com exceção de AIV. Porém, em Coimbra a magnitude dessas correlações foi baixa. O teor de óleo apresentou correlação negativa com os teores de proteína e de nitrogênio. Os caracteres desse grupo não apresentou correlação acima de 0,4 com os demais caracteres avaliados. Os caracteres vegetativos podem ser úteis na seleção indireta para NVT, que, por sua vez, está correlacionado com produtividade. Como os teores de óleo e de proteína não apresentaram correlação alta com caracteres dos outros grupos, é importante que seja avaliada a correlação com outros caracteres em trabalhos futuros.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, ivanbarbosa.agro@gmail.com

² Mestre em Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Pós-Doutorando - Genética e Melhoramento UFV/Viçosa-MG/Brasil., Bolsista CNPq

⁵ Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG, Bolsista CNPq

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

Segregação sexual e potencial produtivo de frutos em genótipos de aroeira pertencentes à coleção de germoplasma da UFRRJ

Isabela Pereira Diegues¹; Pedro Corrêa Damasceno Junior²; Leonidas Vidigueira Ferreira Rocha³

A aroeira (*Schinus terebinthifolius* Raddi.) é uma espécie dióica pertencente à família Anacardiaceae. Possui importância na produção de condimentos e fitoterápicos. Apesar disto, até o momento não há registro de cultivares. O objetivo do trabalho foi conhecer a segregação sexual na espécie e caracterizar os genótipos da coleção de germoplasma em relação à produção de frutos. Para tal, procedeu-se uma coleta de sementes em 17 genitores femininos de aroeira dispersos ao longo do município do Rio de Janeiro. Posteriormente, foi realizado um *bulk*, contendo 50 sementes de cada genitor. Após a semeadura, 200 plântulas foram escolhidas aleatoriamente e repicadas para sacolas de polietileno (14x20 cm). Após 180 dias da repicagem, as 200 mudas foram distribuídas aleatoriamente no campo, em espaçamento de 2x3 m. Após o florescimento, as flores de cada planta foram dissecadas para exposição de seus órgãos florais. Mediante a identificação do sexo, foi realizada a contagem de plantas masculinas e femininas na coleção. Para o cálculo da segregação sexual, utilizou-se o teste de Qui-quadrado (X^2), onde foi estimada a frequência observada e esperada, testando-se, inicialmente, as hipóteses de segregação 1:1 e 2:1. No decorrer da produção, os frutos foram coletados e secos em estufa a 35°C por 48 horas. Após a secagem, os mesmos foram pesados, e a produção em gramas foi estimada para cada planta. Mediante estes dados, foi possível conhecer o período de colheita para as condições de Seropédica, RJ. Com base na produção de frutos estimou-se o coeficiente de variação (CV%), bem como foram conhecidos a média e os valores mínimo, máximo e o desvio-padrão para a produção. A variabilidade genética das plantas na coleção em relação à produção de frutos foi acessada pelo índice de diversidade de Simpson. Como resultados, foram observadas 96 plantas masculinas e 97 femininas na coleção. O teste de Qui-quadrado indicou a segregação de 1:1 (feminina : masculina). Possivelmente, o sexo em aroeira é controlado por um cromossomo ou por um gene com duas formas alélicas. Porém, mais estudos são recomendados para elucidação do controle genético. A primeira floração ocorreu em dezembro de 2015, e a segunda, em março de 2016. Os frutos foram colhidos de janeiro a julho de 2016, portanto, a colheita perdurou por sete meses. Ressalta-se que 93% das plantas foram colhidas entre os meses de maio a junho de 2016. O coeficiente de variação para a produção foi estimado em 174,96%. A média da produção foi estimada em 172,66 g. A planta menos produtiva produziu 0,26 g, e a mais produtiva, 1.410,64 g. Vale destacar que apenas sete acessos dos 97 femininos da coleção, alcançaram uma produção superior a 500 g. O índice de Simpson, estimado em 0,94, indicou alta variabilidade genética na coleção, considerando os aspectos relativos a produção de frutos. Avaliações em 2017 serão realizadas para confirmar o potencial produtivo dos genótipos. Adicionalmente, serão realizados testes de progênie.

Apoio: CAPES e FAPERJ

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Pós-Graduação em Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica - RJ, bolsista CAPES, dieguesisabela@hotmail.com

² Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica - RJ

³ Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica - RJ

Seleção de clones de cana-de-açúcar para resistência à broca-da-cana em casa-de-vegetação

Mateus Teles Vital Gonçalves¹; Adriano Cirino Tomaz;²; Leticia Iannacone Di Maio Silva³; Alan Eurico Coutinho⁴; Cleiton Antônio Wartha⁵; Márcio Henrique Pereira Barbosa⁶

O plantio de variedades de cana-de-açúcar resistentes à broca-da-cana-de-açúcar (*Diatraea saccharalis*) apresenta-se como uma alternativa econômica e ambientalmente viável para o manejo desta praga-chave. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e comparar a injúria por lagartas *Diatraea saccharalis* no colmo de 26 genótipos de cana-de-açúcar. O experimento foi realizado em casa-de-vegetação no campo experimental Diogo Alves de Melo, da Universidade Federal de Viçosa. As plantas foram cultivadas em vasos de sete litros, contendo três plantas cada, e mantidos em casa-de-vegetação, onde receberam todos os tratamentos culturais indicados para a cultura. Quando as plantas atingiram seis meses de idade, cada vaso foi infestado com 40 lagartas de nove dias de idade (terceiro instar). Aos 20 dias após infestação, as plantas foram cortadas e o comprimento de galerias por colmo foi medido. O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições por tratamento. Os dados de comprimento médio de galerias por vaso foram analisados por modelos lineares mistos, sendo os componentes de variância estimados pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e os valores genotípicos estimados pelo método de melhor predição linear não viesada (BLUP). A análise de deviance foi usada para verificar a significância dos efeitos genotípicos. A variância genotípica foi significativa (LRT = 23.44; $P < 0.01$), indicando haver diferença entre os genótipos. A herdabilidade e acurácia de seleção foram elevadas ($h^2 = 0,77$; $H = 0,88$) indicando a possibilidade de seleção de genótipos mais resistentes à broca-da-cana pela avaliação do comprimento médio de galerias nos colmos. Os genótipos que apresentaram maior injúria foram RB925345, RB966928, e UFV121448 com valores genotípicos ($u + g$) de 6,38; 5,19 e 4,82 cm de galeria, respectivamente. Por outro lado, os genótipos que apresentaram menor injúria foram SP801816, c90178 e UFV126010, com valores genotípicos de 0,90; 0,68 e 0,75 cm de galeria, respectivamente. Os resultados desses estudos indicam que há a possibilidade de seleção de genótipos de cana-de-açúcar que apresentem menor injúria por broca-da-cana.

Apoio: CNPq, Capes e Ridesa

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq, mateus.vital@ufv.br

² Doutorando em Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, adrianotomaz86@gmail.com

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, leticia_dimaio@hotmail.com

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, alandc1@ymail.com

⁵ Estudante de Mestrado em Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq, cleiton.ufsm@gmail.com

⁶ Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, barbosa@ufv.br

Selection of sugarcane genotypes for sugarcane borer resistance under natural infestation

Adriano Cirino Tomaz¹; Cleiton Antônio Wartha²; Mateus Teles Vital Gonçalves³; Alan Eurico Coutinho³; Márcio Henrique Pereira Barbosa⁴

Sugarcane borer (*Diatrea saccharalis*) is the main sugarcane pest in Brazil, causing major losses in production and a decline in sugar and alcohol quality. The development of sugarcane cultivars resistant to sugarcane borer is displayed as an economic and environmentally suitable alternative for this key pest management. This study aimed to estimate genetic parameters and compare the resistance of sugarcane genotypes to sugarcane borer. The experiment was carried out in an area with high natural infestation of sugarcane borer and without insecticide application in a farm in the municipality of Tupaciguara - MG. Experimental design was randomized blocks with 24 sugarcane genotypes and five replications per treatment. Each plot was composed by five rows of five meters long with spacing of 1.5 m between rows. The sugarcane borer infestation index was evaluated in July 2016 during the second ratoon cane. Twenty stalks were collected per plot in order to count the number of bored internodes and total number of internodes. Subsequently, the infestation index was calculated by the formula: (number of bored internodes*100/total number of internodes). The infestation index data were analyzed by linear mixed models, being the variance components estimated by the restricted maximum likelihood approach (REML) and genotypic values were estimated by the best linear unbiased prediction (BLUP) method. Deviance analysis was performed to verify the significance of genotypic effects. Genotypic variance was significant (LRT = 6.06; $P < 0.05$), indicating that there is difference among genotypes. The heritability and the selection accuracy for infestation index were moderate ($h^2 = 0.53$ and $H = 0.73$), indicating the possibility of selection of more resistant genotypes to sugarcane borer through infestation index. Selection gain was of 23.10%, considering the selection intensity of 20%. These data confirms that the selection of the most resistant genotypes to sugarcane borer can increase the resistance of breeding populations. Genotypes with greater infestation index were RB047249, RB057145, and RB057243, with genotypic values ($u + g$) of 6.44, 5.96, and 5.58, respectively. On the other hand, the genotypes with smaller infestation index were RB047050, RB047212, and RB047258, with genotypic values of 3.53, 3.49, and 3.28, respectively. Our results indicate that there is the possibility of selection of more resistant sugarcane genotypes to sugarcane borer.

Financial support: Capes, CNPq, and Ridesa

Concentration area: Quantitative genetics, biometrics, and statistics.

¹ Doctor degree student of the Plant Science Graduate Program, UFV/Viçosa - MG, CNPq grant, adrianotomaz86@gmail.com

² Master degree student of the Plant Science Graduate Program, UFV/Viçosa - MG, Capes grant

³ Undergraduate student, UFV/Viçosa-MG

⁴ Associate professor of the Plant Science Department, UFV/Viçosa - MG, PQ/CNPq grant

Uso de controladores fuzzy para análises de adaptabilidade e estabilidade em *Coffea arabica*

Jussara Mencialha¹; Vinícius Quintão Carneiro²; Antônio Carlos da Silva Junior³; Ivan de Paiva Barbosa⁴; Antônio Carlos Baião de Oliveira⁵; Cosme Damião Cruz⁶

Na etapa de recomendação de cultivares, os genótipos obtidos pelas diversas estratégias de melhoramento devem ser avaliados em ambientes representativos da região para o qual será recomendado. Assim, por meio dos estudos do comportamento dos genótipos no decorrer dos diversos ambientes avaliados é possível recomendar um ou mais cultivares de forma específica ou ampla. Ferramentas como os controladores fuzzy são novas alternativas em estudos de adaptabilidade e estabilidade, que visam auxiliar na etapa de recomendação de cultivares com base na experiência dos próprios programas de melhoramento. Assim, objetivo deste trabalho é aplicar controladores fuzzy ao estudo de adaptabilidade e estabilidade de cultivares de cafeeiro do estado de Minas Gerais. Foram avaliados 10 cultivares e uma linhagem elite de *Coffea arabica* quanto à produtividade de grãos (sacas ha⁻¹) nos municípios de Canaã, Senhora de Oliveira e Aricanduva nos anos de 2011, 2012 e 2013. Os experimentos foram conduzidos em blocos casualizados com três repetições. Foram realizadas análises de variância conjunta a fim de se identificar a existência de interação genótipos por ambientes e de adaptabilidade e estabilidade com o uso de controladores fuzzy utilizando os softwares GENES e MATLAB. Os controladores utilizados foram os baseados nos métodos de Eberhart e Russell e de Cruz, Torres e Vencovsky. O primeiro controlador considera a média geral e os coeficientes de regressão e de determinação de cada cultivar do método de Eberhart e Russell para determinar o comportamento dos cultivares avaliados. Já o segundo controlador considera as médias em ambientes favoráveis e desfavoráveis e os coeficientes de regressão e de determinação do método de Cruz, Torres e Vencovsky. Pela análise de variância conjunta observou-se efeito significativo para interação genótipos por ambientes justificando a necessidade de se realizar as análises de adaptabilidade e estabilidade. Utilizando ambos os controladores fuzzy constatou-se que estes apresentaram o mesmo resultado identificando somente o Catucaí Amarelo 24/137 com adaptabilidade a ambientes favoráveis. Pelo controlador fuzzy do método de Eberhart e Russell a pertinência deste cultivar foi de 74,2% no conjunto referido, enquanto que pelo controlador do método proposto por Cruz, Torres e Vencovsky este mesmo cultivar apresentou somente 57,1% nesta classe. Assim, constatou-se que a cultivar Catucaí Amarelo 24/137 apresentou comportamento adequado para ser utilizado por produtores de café com elevado uso de tecnologia, uma vez que apresenta potencial de responder a melhoria ambiental. Além disso, verifica-se que o controlador fuzzy baseado no método de Cruz, Torres e Vencovsky a princípio parece ser mais restritivo, devido apresentar uma menor pertinência de classificação para o cultivar Catucaí Amarelo 24/137 e considerar um maior número de parâmetros para a decisão de qual o comportamento de cada cultivar.

Apoio: CAPES, CNPq e FAPEMIG

Área de Concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Mestranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, jussara.mencialha@ufv.br;

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq;

³ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁴ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁵ Pesquisador da Epamig, Viçosa - MG

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista 1A/CNPq

Utilização de multigerações para predição de valores genotípicos em populações usando Seleção Genômica Ampla

Isabela de Castro Sant'Anna¹; Cosme Damião Cruz²; Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira³; Gabi Nunes Silva⁴; Marciane Silva Oliveira⁵; Renato Domiciano Silva Rosado⁶

Um dos atrativos da genética molecular em benefício do melhoramento de plantas é a possibilidade de utilização direta das informações de DNA na seleção. Todavia, para maior eficiência, nos estudos genéticos que envolvem os caracteres quantitativos regulados por vários genes com pequena magnitude de efeitos, as estratégias de melhoramento genético devem ser aprimoradas e precisam considerar as particularidades dos sistemas de acasalamento. Assim diferentes estratégias de seleção devem se adotadas em programas de melhoramento e precisam ser utilizadas respeitando as particularidades de plantas autógamas e alógamas, dentre elas as questões de predição de valores genéticos. Desta forma, o objetivo deste trabalho é avaliar a eficiência da seleção genômica ampla (GWS) na predição do valor genético em gerações avançadas por autofecundação, hibridação e acasalamento ao acaso, com e sem a genotipagem em multigerações. Propõe-se também um estudo do desequilíbrio de ligação ao longo das gerações como forma de avaliar a possibilidade de sucesso ao se utilizar a seleção genômica ampla. Para isso foi simulado um genoma de 1.010 centimorgans (cM), distribuídos em 10 grupos de ligação com um SNP/CM. Em cada grupo de ligação dois QTL foram simulados. Em seguida, as populações F₁ e F₂ foram criadas, seguido por quatro gerações de autofecundação (S1, S2, S3, S4), de hibridação (H1, H2, H3, H4) e de acasalamento ao acaso (A1, A2, A3, A4), com 500 indivíduos cada. Doze cenários foram criados para a simulação de efeitos genéticos e fenotípicos: 1) herdabilidade (h^2) de 20% e um grau médio de dominância (d) igual a zero; 2) $h^2 = 40\%$ e $d = 0$; 3) $h^2 = 60\%$ e $d = 0$; 4) $h^2 = 80\%$ e $d = 0$; 5) $h^2 = 20\%$ e $d = 0,5$; 6) $h^2 = 40\%$ e $d = 0,5$; 7) $h^2 = 60\%$ e $d = 0,5$; 8) $h^2 = 80\%$ e $d = 0,5$; 9) $h^2 = 20\%$ e $d = 1,0$; 10) $h^2 = 40\%$ e $d = 1,0$; 11) $h^2 = 60\%$ e $d = 1,0$; 12) $h^2 = 80\%$ e $d = 1,0$. Para avaliar a capacidade de predição, o modelo (GBLUP) foi treinado em uma geração e usado para prever as próximas gerações obtidas por autofecundação, hibridação e acasalamentos ao acaso. Por exemplo, foram utilizados os efeitos de marcadores estimadas na população F₂ para estimar o valor de genômico esperado nas populações S1 até A4. Utilizou-se também de conjuntos de gerações anteriores combinadas para treinamento e predição das populações avançadas pelos acasalamentos. O quadrado da correlação entre o valor genético verdadeiro e valor genético simulado foi utilizado para medir a capacidade preditiva, independente da população utilizada para estimar os efeitos de marcadores. Os resultados obtidos mostram que o uso de em multigerações impacta positivamente a acurácia da predição do valor genético.

Apoio Financeiro: CNPq, CAPES, Fapemig

Área de concentração: Genética quantitativa, biometria e estatística.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, isabela.santanna@ufv.br

² Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

³ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁵ Estudante de Pós-doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁶ Estudante de Pós-doutorado, Genética e Melhoramento - UFV/Viçosa - MG, PDJ/CNPq

Melhoramento Animal

Acurácia de imputação de marcadores utilizando painéis customizados de baixa densidade em bovinos Nelore

Marcos Eli Buzanskas¹; Priscila Arrigucci Bernardes²; Ana Paula Sbardella³; Luciana Correia de Almeida Regitano⁴; Ricardo Vieira Ventura⁵; Danísio Prado Munari⁶

A genotipagem com painéis de marcadores de alta densidade (HD) ainda apresenta custo elevado e pode limitar a quantidade de animais considerados na seleção genômica. Metodologias de imputação são aplicadas com a finalidade de obter maior número de genótipos em painéis de baixa densidade. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a acurácia da imputação de painéis customizados e comerciais de baixa densidade para o painel HD da Illumina, Affymetrix e super painel, formado pela junção de ambos os painéis, em bovinos da raça Nelore. Os dados genômicos foram obtidos a partir de 814 bovinos da raça Nelore genotipados com painel Illumina e destes, 93 animais genotipados com painel Affymetrix. Foram utilizados SNPs em regiões autossômicas e com posições conhecidas, excluíram-se SNPs com desvios significativos ($p < 0,00001$) do equilíbrio de Hardy-Weinberg, com taxa de leitura (*call rate*) menor que 0,98 e animais que apresentaram *call rate* menor que 0,90. Após o controle de qualidade, restaram 809 animais com 509.107 SNPs para o painel Illumina e 93 animais com 427.875 SNPs para o painel Affymetrix. Foi montado um super painel contendo 880.336 SNPs, resultantes da junção dos dois painéis. Para a população referência, foram considerados 23 touros e para população a ser imputada foram consideradas 786 progênies, quando imputadas para painel Illumina, e 70 progênies, quando imputado para o painel Affymetrix e superpainel. A partir do superpainel foram customizados painéis de 20K e 50K que consideraram SNPs com frequência do alelo raro (MAF) maior que 0,25 e SNPs com desequilíbrio de ligação acima de 0,30 e 0,40, resultando em 18.535 SNPs (20Ks) e 53.205 SNPs (50Ks). Também foram utilizados os painéis de 20K e 50K comerciais da Illumina (20Kc e 50Kc). Utilizou-se o programa FImpute v.2.2b para a imputação. A acurácia de imputação foi estimada pela taxa de concordância (TC) e pela correlação alélica (R^2). A TC e R^2 (entre parênteses) foram iguais a 81,24% (0,83), 81,93% (0,84), 81,96% (0,84) e 86,80% (0,88) para a imputação a partir dos painéis 20Kc, 50Kc, 20Ks e 50Ks para o super painel. Quando utilizados os painéis 20Kc e 20Ks imputados para os painéis HD Illumina e Affymetrix, a TC e R^2 (entre parênteses) foram 84,96% (0,87), 69,1% (0,70), 82,04% (0,84) e 73,96% (0,75), respectivamente. Para a imputação dos painéis 50Kc e 50Ks para o painel HD Illumina, a TC e R^2 foram 85,94% e 0,88 e 87,33% e 0,89, respectivamente. A imputação dos painéis 50Kc e 50Ks para o painel Affymetrix foi igual a 72,65% (TC) e 0,73 (R^2) e 78,18% (TC) e 0,79 (R^2), respectivamente. As diferenças de acurácia observadas entre as imputações dos painéis podem ser explicadas por diferenças no tamanho da população e outros fatores, como a MAF. Os painéis customizados apresentam SNPs representativos e podem ser utilizados na imputação para painéis HD Illumina e Affymetrix em bovinos da raça Nelore. A imputação para o super painel foi melhor representada pelo painel customizado 50Ks.

Apoio: FAPESP (processos 2015/25096-6 e 2012/23638-8) e EMBRAPA
Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Pós-doutorando do Departamento de Ciências Exatas, UNESP/Jaboticabal, SP, Brasil, bolsista CAPES/EMBRAPA, marcosbuz@yahoo.com.br

² Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal, bolsista FAPESP

³ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal, bolsista CAPES

⁴ Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, bolsista PQ CNPq

⁵ Pesquisador da Beef Improvement Opportunities (BIO), Elora, ON, Canadá

⁶ Professor Adjunto do Departamento de Ciências Exatas, UNESP/Jaboticabal, SP, Brasil

Alternativas para diminuir os custos e maximizar a resposta à seleção em programas de melhoramento genético por seleção na aquicultura

Tiago Fernandes Farias¹

Com os avanços e a popularização da biotecnologia, vem possibilitando o aproveitamento dos recursos genéticos sejam aplicados também na aquicultura. Entretanto, a alta prolificidade e tamanho reduzido dos indivíduos nas fases iniciais de vida, demandam altos investimentos com equipamentos (microchip), análises laboratoriais (marcadores moleculares) e profissional qualificado que encarecem a execução desses programas. Objetivo desse trabalho foi avaliar, dentro de um programa de melhoramento genético por seleção em andamento de dorada (*Sparus aurata*), o uso de rondas multiplex sequenciais e maximizar a resposta da seleção (BLUP) para baratear os custos de análises garantindo uma máxima resposta positiva para a seleção. Foram coletando as informações de 215 reprodutores e de 2.870 progênies, distribuídos em 5 ciclos reprodutivos diferentes (fotoperíodos). Todos animais receberam marcação física individual (microchip), e foram extraídos amostra de tecido para genotipagem e feitas medidas biométricas de crescimento (peso e comprimento). Para a construção da genealogia, os indivíduos foram genotipados utilizando 2 rondas de multiplexes, cada uma com 4 microssatélites. A inferência da genealogia foi levada a cabo pelo programa de exclusão mendeliana FAP. Os componentes da variância foram estimados por máxima verossimilitude restringida, utilizando um modelo animal lineal de efeitos fixos (tanque) e aleatórios (animal). A utilização da primeira ronda de multiplex foi possível identificar o parentesco molecular de 64% dos progenitores. Aqueles indivíduos que ainda permaneceram com o parentesco duvidoso foram submetidos a uma segunda ronda de análises, melhorando o resultado para 88% de atribuição genealógica. Os resultados indicam que os caracteres de crescimento (peso e comprimento) possuem herdabilidade acima de 0.40, e altas correlações genéticas entre eles (>0.90) indicam que são susceptíveis para a melhora genética por seleção. A seleção foi feita selecionando os valores genéticos BLUP para o peso dos melhores indivíduos, mantendo restringindo o incremento da consanguinidade ($\Delta F = 0.125$). Foram observados um aumento de 25% na média fenotípica população selecionada com relação a inicial. Os resultados comprovam a eficiência da técnica para controle e execução de programas de melhoramento genético por seleção aplicados na aquicultura. A utilização das rondas sequenciais de multiplex diminuíram o número de análises em até 50% e a otimização gerou uma boa resposta de seleção. O controle das relações familiares dentro de um programa de melhoramento é fundamental, entretanto, em condições industriais a utilização de apenas uma parte dessas informações podem ser os suficientes para tornar acessível a utilização das técnicas no setor produtivo.

Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Doutorando do curso *Ciencias y Tecnologia Marinas*, UCA/Cádiz - Espanha, tiagofernandes.br@hotmail.com

Análise de agrupamento hierárquico e não hierárquico dos valores genéticos de características de importância econômica em frangos de corte

Jaqueline Oliveira Rosa¹; Priscila Arrigucci Bernardes²; Alejandro Barrera Carvajal³; Ana Paula Sbardella⁴; Mônica Correa Ledur⁵; Danísio Prado Munari⁶

A demanda por alimentos mais saudáveis, com menos gordura vem aumentando sensivelmente, o que torna um desafio dos programas de melhoramento de aves de corte. Visto que o fígado é o principal órgão metabólico do corpo e a atividade do tecido hepático está diretamente relacionada à deposição de gordura, o objetivo do presente estudo foi utilizar análises multivariadas de agrupamento para observar o perfil dos valores genéticos preditos para características de peso aos 42 dias de idade (P42), gordura abdominal (GA) e peso do fígado (FIG) de uma linhagem de aves de corte (TT). A avaliação genética e a divisão da população em diferentes sub-grupos baseados nos valores genéticos destas características podem auxiliar nas decisões no processo de seleção. Registros de 1519 animais de uma linhagem de aves de corte, do Programa de Melhoramento Genético de Aves da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, foram utilizados nas análises. Os valores genéticos preditos (VGP) dos animais, para cada característica, foram obtidos por meio modelo animal multicaracterística utilizando o método da máxima verossimilhança restrita. Os VGP foram utilizados para formar sub-grupos homogêneos de animais por meio da análise de agrupamento hierárquico. Após a formação destes sub-grupos, realizou-se a análise de agrupamento não-hierárquico, pelo método K-means. A dissimilaridade entre os indivíduos foi medida pela distância euclidiana. Baseado nos VGP foi possível a divisão da população em quatro sub-grupos,. O grupo um apresentou média padronizada dos VGP igual a -0,93 para P42 e as menores médias de VGP para GA (-0,97) e FIG (-1,04). No grupo dois observam-se as maiores médias padronizadas de VGP igual à 1,28, 1,15 e 1,42 para P42, GA e FIG, respectivamente. O grupo três apresentou médias padronizadas de VGP variando de -0,29 (GA) a 0,51 (P42). No grupo quatro as médias foram -0,46 (P42), 0,64 (GA) e -0,08 (FIG). Embora os animais pertencentes ao grupo dois tenham apresentado a maior média padronizada dos VGP para P42, estes também apresentaram as maiores médias de VGP para GA e FIG, indicando que a seleção para favorecer os animais do grupo dois implicaria em maior peso corporal, maior da quantidade de gordura e tamanho do fígado. Alterações no tamanho dos órgãos das aves implicam em mudanças fisiológicas que podem causar mortalidade das mesmas e a gordura é um dos principais problemas da indústria da carne de frango, representando considerável perda, por reduzir a eficiência alimentar das aves e o rendimento da carcaça. Além disso, os depósitos de gordura que são retirados da carcaça têm alto custo de produção. Dessa maneira, é necessário que haja ponderação na seleção de animais para maiores pesos corporais para que a gordura abdominal e o tamanho do fígado aumentem de forma equilibrada.

Apoio: Capes e Fapesp

Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista Capes, jaqueolrosa@hotmail.com

² Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista Capes Embrapa

³ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista Fapesp

⁴ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista Capes

⁵ Pesquisadora, Embrapa Suínos e Aves/Concórdia - SC

⁶ Professor Livre-docente, departamento de Ciências Exatas, UNESP/Jaboticabal - SP, Bolsista CAPES

Análise de agrupamento não hierárquico para peso corporal e teores de minerais do fêmur em uma linhagem de frangos de corte.¹

Luara Afonso de Freitas²; Natalia Vinhal Grupioni³; Alejandro Barrera Carvajal⁴; Jane de Oliveira Peixoto⁵; Mônica Corrêa Ledur⁵ e Danísio Prado Munari⁶

Os programas de melhoramento genético de frangos de corte tiveram como principais critérios de seleção, o peso, o rendimento de carcaça e a eficiência alimentar, o que resultou em modificações no tamanho, forma e função dos órgãos, bem como alterações fisiológicas importantes durante o desenvolvimento das aves. O intenso processo de seleção para produção de carne acarretou em alguns problemas relacionados à integridade e composição óssea dos animais, devido ao seu rápido crescimento corporal não ser acompanhado muitas vezes, pela velocidade de crescimento dos ossos. Este estudo teve como objetivo avaliar o padrão genético do peso corporal aos 42 dias de idade e da composição mineral do fêmur em uma população de frangos de corte por análise de agrupamentos não-hierárquicos pelo método k-médias, a fim de utilizar esta análise como apoio no processo de seleção genética de aves com alta produção e baixa incidência de problemas relacionados as desordens ósseas. A análise exploratória de agrupamento não-hierárquico é utilizada com o intuito de agrupar indivíduos, minimizando a variância dentro dos grupos e maximizando-a entre os grupos. Foram utilizados registros de 1.556 animais da linhagem de corte “TT” do Programa de Melhoramento Genético de Aves da EMBRAPA Suínos e Aves, em Concórdia, SC. As características analisadas foram: peso aos 42 dias de idade (P42) e medidas tomadas no fêmur: teor de cálcio (CA), teor de cinzas (CZ), teor de matéria seca (MS), teor de magnésio (MG), teor de fósforo (P), teor de zinco (ZN) e relação cálcio: fósforo (CA:P). Os valores genéticos foram obtidos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) em modelo animal unicaracterística utilizando o software WOMBAT. Análise de agrupamentos não-hierárquicos foi realizada pelo software Statistica 8.0. A partir dos valores genéticos preditos das características estudadas, observaram-se dois grupos de animais. Os dois grupos apresentaram diferença nos teores de minerais, enquanto que o peso corporal não apresentou diferenças entre os grupos. O primeiro grupo apresentou animais com valores genéticos positivos para todos os teores de minerais e o segundo grupo foi composto por animais com valores genéticos negativos para todos os teores de minerais. Portanto, conclui-se que a seleção para peso corporal não influenciará negativamente as características relacionadas à composição óssea, se aves do grupo um forem selecionadas.

Apoio: FAPESP e EMBRAPA

Área de concentração: Melhoramento Animal

¹Dados provenientes da Tese de Doutorado de Natalia Vinhal Grupioni

²Mestranda do Programa de Genética e Melhoramento Animal, FCAV/Jaboticabal, SP, bolsista FAPESP (Processo: 16/10583-1), luaraa.freitas@gmail.com

³Pós-doutoranda do Programa de Genética e Melhoramento Animal, FCAV/Jaboticabal, SP, bolsista CAPES/EMBRAPA

⁴Mestrando do Programa de Genética e Melhoramento Animal, FCAV/Jaboticabal, SP, bolsista CAPES

⁵Pesquisadora da Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC

⁶Professor Livre Docente do Departamento de Ciências Exatas, FCAV/ Jaboticabal, SP

Análise de depressão endogâmica em características de interesse, em uma linha pura de poedeiras, selecionada para produção de ovos

Rafael Nakamura Watanabe¹; Priscila Arrigucci Bernardes²; Alejandro Barrera Carvajal³; Luara Afonso de Freitas⁴; Elsio Antonio Pereira de Figueiredo⁵; Danísio Prado Munari⁶

O melhoramento genético utiliza a seleção artificial para aumentar a frequência dos genes, que asseguram os objetivos de um programa de melhoramento genético. Contudo, quando se seleciona animais para certas características, há o favorecimento de acasalamento de animais que são mais aparentados que a média da população, fazendo com que ocorra aumento da homozigose. Este aumento resulta em perda de variabilidade genética, aumento na frequência de genes deletérios, prejudicando o objetivo da seleção pela depressão endogâmica. No presente trabalho, objetivou-se avaliar o efeito da endogamia sobre as características de idade ao primeiro ovo (IPO), pesos corporais as 16^a (PC16) e 60^a (PC60) semanas de idade, peso do ovo medido as 22^a (PO22) e 40^a (PO40) semanas de idade e produção total de ovos da 18^a a 63^a semana de produção (PTOTAL), em uma linha pura de galinhas da raça White Leghorn, selecionada para produção de ovos, e utilizada como linha macho, designada como “DD”, desenvolvida e mantida pela Embrapa Suínos e Aves, em Concórdia, SC. Foram analisados dados de pedigree de 7.616 aves nascidas de 1995 a 2011, e registros fenotípicos daquelas nascidas de 1999 a 2011. Verificou-se que a endogamia média em 12 gerações completas, foi de 0,042, sendo que a maior parte das aves (4.224) apresentaram endogamia variando de 0,00 a 0,02. A característica IPO apresentou média de 142 dias. PC16 e PC60 tiveram média de 1.030,82 e 1.763,55 gramas, respectivamente. As médias de PO22 e PO40 foram de 42,55 e 56,14 gramas, respectivamente, e PTOTAL apresentou média de 172,35 ovos. As análises de regressão linear dos valores fenotípicos sobre o coeficiente de endogamia, para as características IPO, PO22 e PTOTAL, mostraram-se significativas ($p < 0,05$), porém não foi observado efeitos de depressão endogâmica para estas características, possivelmente devido aos níveis de endogamia serem baixos, em que os efeitos de seleção superam o de depressão endogâmica. Para PC16, houve efeito significativo da endogamia ($p = 0,0008$), e observou-se redução de desempenho da mesma. Esta redução pode ser explicada pelo fato de que o peso corporal, em poedeiras, possui correlação genética positiva com o peso do ovo, que por sua vez possui correlação negativa com a produção de ovos, indicando seleção contra PC16, a fim de mantê-la em níveis que não prejudicarão a produção de ovos. Em PC60 e PO40 não houve efeito significativo ($p > 0,05$) da relação entre endogamia e estas características, provavelmente por serem tardias, portanto apresentando menor ênfase de seleção para o programa de melhoramento genético. Conclui-se que os níveis de endogamia estão sendo controlados de maneira a não prejudicar, e a permitir o progresso genético da população estudada, indicando que a seleção está sendo conduzida corretamente.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Melhoramento Animal

¹ Mestrando do Programa de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista CAPES, rnaka09@gmail.com.br

² Doutoranda do Programa de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal – SP, bolsista FAPESP (15/25096-6)

³ Mestrando do Programa de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista CAPES

⁴ Mestrando do Programa de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal – SP, bolsista FAPESP (16/10583-1)

⁵ Pesquisador da Embrapa Suínos e Aves de Concórdia, SC

⁶ Docente do Departamento de Ciências Exatas, UNESP/Jaboticabal - SP, Bolsista de Produtividade em Pesquisa do CNPq

Análise de estratificação da população de uma linhagem sintética de suínos base Landrace

Letícia Borges Joaquim¹; Marcos Eli Buzanskas²; Rodrigo Pelicioni Savegnago³; Mônica Corrêa Ledur⁴; Ricardo Zanella⁵; Danísio Prado Munari⁶

O estudo da estrutura genética de populações tem atraído interesse crescente nas áreas de genética populacional, biologia molecular e genética médica. Tecnologias como painéis de alta densidade de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) e sequenciamento de nova geração têm produzido grande número de dados e permitido as investigações das relações genéticas em espécies de interesse zootécnico, fornecendo informações sobre padrões de dispersão e eventos históricos evolutivos recentes e antigos das populações. Assim, o objetivo deste trabalho foi analisar a estratificação populacional de uma linhagem de suínos da raça Landrace. Dados de genotipagem de 325 animais (25 machos e 300 fêmeas) foram utilizados para a verificação da estratificação populacional, na qual se aplicou o modelo de ancestralidade presente no programa STRUCTURE, que emprega a metodologia bayesiana, e pelo programa ADMIXTURE, que utiliza o método da máxima verossimilhança. Valores de K (número de populações) de um a oito foram testados no programa STRUCTURE, usando Cadeias de Markov e Monte Carlo de 10.000 iterações e período de “burn-in” de 1.000 iterações. As análises foram repetidas dez vezes para cada K e a determinação do número correto de K foi estimada utilizando-se a estatística Delta K, sendo que o maior valor de Delta K determinou o número mais provável de populações. No programa ADMIXTURE foram estimados os parâmetros da matriz de coeficientes de ancestralidade e da matriz de frequências alélicas populacionais, assim como o coeficiente de ancestralidade (F_{st}). Os resultados obtidos a partir do programa ADMIXTURE foram muito próximos aos obtidos com o programa STRUCTURE. O número provável de populações, representado pelo valor do Delta K, foi igual a dois. A análise de estratificação da população diferenciou claramente a amostra em duas populações, sendo os alelos da população agrupados, em maior parte (59%), no “cluster” 1. O valor médio do F_{st} genômico indicou que o grau de divergência genética entre indivíduos da população estudada foi de 0,10. A separação entre duas populações pode ser explicada pelo cruzamento entre as raças ocidentais e orientais utilizadas na formação da linhagem estudada. Na primeira população tem-se agrupados os animais que apresentam maior proporção de alelos das linhagens ocidentais, enquanto que na segunda população estão representados os animais que apresentam maior proporção de alelos de linhagens orientais. Os resultados evidenciaram a importância da genotipagem de SNPs em alta densidade para fornecer conhecimentos sobre a estrutura da população e revelaram que a amostra estudada foi oriunda de duas populações.

Apoio: CAPES, CNPq, EMBRAPA e Fapesp
Área de concentração: Melhoramento animal.

¹Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP, Jaboticabal - SP, bolsista CAPES, leticiajoaquim@gmail.com

²Pós-doutorado, bolsista CAPES/EMBRAPA

³Pós-doutorado, UNESP, Jaboticabal – SP, bolsista FAPESP

⁴Professor Adjunto, UPF/Passo Fundo – RS

⁵Pesquisadora, Embrapa Suínos e Aves, Concórdia - SC

⁶Professor Adjunto do Departamento de Ciências Exatas, UNESP, Jaboticabal - SP, bolsista PQ/CNPq

Análise de expressão gênica das isoformas da cadeia pesada da miosina em duas populações divergentes de suínos

Alessandra Alves da Silva¹, Susana Amaral Teixeira¹, Ivan Carvalho Filho¹, Margareth Evangelista Botelho¹, Alysson Saraiva², Simone Eliza Facioni Guimarães²

Linhas comerciais de suínos e a raça local Piau, apresentam diferenças genéticas significativas na taxa de crescimento muscular, sendo dois modelos ideais para serem utilizados em estudos sobre os mecanismos subjacentes ao desenvolvimento muscular. As isoformas de cadeia pesada da miosina (MyHC) formam um aparelho contrátil importante nos músculos esqueléticos, podendo ser constituído por quatro tipos diferentes de fibras musculares no músculo adulto de suínos. Características do tipo de fibra também pode mudar para acomodar uma infinidade de estímulos ambientais, que contribuem para variações de qualidade da carne suína. A expressão das isoformas MyHC nas fibras musculares em população de suínos divergentes geneticamente foi estudada para caracterizar diferenças nos tecidos musculares relacionadas a seleção. Foram utilizados 12 animais Piau (6 machos e 6 fêmeas) e 24 comerciais (12 machos e 12 fêmeas). Aos 140 dias de idade, os animais foram abatidos para se ter acesso ao músculo *Longissimus dorsi* (LD). Foram retiradas amostras de LD para análise de RT qPCR. Os dados de Ct foram analisados usando o QPCR-mixed macro no SAS. O modelo adotado foi: $Y_{gijk} = \mu + A_{gijk} + G_{gi} + S_{gj} + GS_{gij} + e_{gijk}$, onde Y_{gijk} corresponde ao valor de Ct obtido para o gene g para cada animal submetido do grupo genético i e sexo j; A_{gijk} refere-se ao efeito aleatório de animal; G_{gi} refere-se ao efeito do i-ésimo grupo genético na expressão do g-ésimo gene; S_{gj} refere-se ao efeito do j-ésimo sexo na expressão do g-ésimo gene; GS_{gij} ao efeito da interação na expressão do gene g no grupo genético i e sexo j e e_{gij} : efeito aleatório do erro associado a cada repetição. As diferenças entre as classes de expressão dos genes foram calculadas por meio de ($\Delta\Delta CT$) normalizado para o gene endógeno β -ACTIN pelo teste t. Os valores de *Fold Change* (FC) foram estimados por meio de $2^{-\Delta\Delta CT}$. Neste estudo não se verificou efeito de interação GS para os genes *MyHC IIa* ($P = 0,10$), *MYHC IIb* ($P = 0,44$) e *MyHC I* ($P = 0,98$). Ao analisar os efeitos independentemente, não se verificou diferenças na expressão dos genes *MYHC IIb* entre os grupos genéticos ($P = 0,95$) e sexo ($P = 0,17$), *MyHC I* ($P = 0,89$) e ($P = 0,78$), respectivamente. No entanto, para o gene *MyHC IIa*, observou-se que animais da linhagem comercial expressaram 1,84 vezes mais o gene em relação animais da raça Piau ($P = 0,02$) e para sexo não se verificou diferenças ($P = 0,54$). Para o gene *MyHC IIx* houve efeito de interação GS ($P = 0,01$). Ao comparar o grupo genético dentro de sexo, observou-se que machos da linha Comercial expressaram 3,14 vezes mais o gene em relação aos machos Piau ($P = 0,04$). De forma similar, fêmeas suínas da linha Comercial expressaram 2,03 vezes mais o gene em relação as fêmeas Piau ($P = 0,04$). Níveis significativos de expressão de fibras intermediárias glicolíticas aos 140 dias de idade em animais da linhagem Comercial podem estar relacionados a sua taxa de crescimento mais rápida.

Apoio: CNPq, CAPES.

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹Programa de Pós-Graduação em Zootecnia – UFV, Viçosa. LABTEC. Bolsista do CNPq. e-mail: alessandrazootecnia@hotmail.com

²Departamento de Zootecnia – UFV, Viçosa - MG.

Análise funcional *in silico* da região promotora do gene candidato para número de leitões nascidos

*Lucas Lima Verardo*¹; *Walmir da Silva* ²; *Laene Alcântara Freitas*³; *Beatriz Ibrahim Miranda Antunes*⁴; *Paulo Sávio Lopes*⁵; *Simone E.F. Guimarães*⁵

Informações das relações entre genes e fatores de transcrição (TF) podem ser de grande relevância na pesquisa genética animal. Recentemente, estudos de associação ampla e redes gênicas identificaram regiões genômicas relevantes para número total de leitões nascidos (TNB) em suínos. Genes candidatos para essa característica foram identificados, sendo que o gene *complement C1q and tumor necrosis factor-related protein 9-like (ENSSSCG00000009285)* possui um SNP significativo (SNP1) localizado em sua região 5' UTR. Variantes em regiões 5' UTR e promotoras são importantes na expressão de genes pelo fato destas regiões conterem sítios de ligação para TF, essenciais para o padrão de expressão gênica. Assim, a análise funcional de regiões 5' UTR e promotoras demonstra ser uma promissora linha de pesquisa no estudo de variantes associadas a características de interesse na produção animal. Esse trabalho teve como objetivo a identificação de sítios de TFs na região 5' UTR do gene suíno *ENSSSCG00000009285* de acordo com a presença ou não do SNP significativo (SNP1) e uma mutação adjacente (SNP2). Análises *in silico* foram realizadas utilizando o programa para predição de fatores de transcrição: MatInspector (www.genomatrix.de). Esta ferramenta é usada para identificar potenciais sítios de ligação de TF na região promotora de genes. Uma “matrix score” é fornecida pelo programa a qual calcula a correspondência entre a sequência e as matrizes dos potenciais TF. Os escores variam de 0 a 1, com 1 indicando uma correspondência exata. Nove sítios de ligação de TF foram identificados (*OVOL1, MOK2, VMAF, CREB3L2, CREB, TBX20, CUX1, ZID* e *TALIBETAE47*). Destes, o sítio com maior “matrix score” (0,93) foi identificado para o TF *ZID* na presença dos dois SNPs. Além do *ZID*, o *CREB* teve o segundo maior “matrix score” sendo identificado somente na ausência das mesmas mutações. O *CREB* vem sendo associado com taxas de implantação embrionárias em camundongos podendo assim ter papel importante em características reprodutivas também de suínos. Além disto, o gene *ENSSSCG00000009285* corresponde ao *CIQTNF9* em humanos, o qual está relacionado com balanço energético e características reprodutivas, uma vez que a regulação adequada do equilíbrio de energia é importante para fertilidade e reprodução bem sucedidas. Além da importância biológica do gene ortólogo ao *CIQTNF9*, a presença de SNPs relevantes, para TNB em uma região genômica responsável pelo seu controle transcricional pode resultar em alterações de expressão gênica. Essa alteração de expressão, devido a uma mutação (SNP), estudada através de análises funcionais de regiões promotoras permitirá um maior entendimento da ação biológica do gene estudado, sendo de grande relevância para o estudo de características reprodutivas em animais domésticos.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Pós-doutorado - Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PDJ - CNPq, lucas.verardo@ufv.br

² Técnico do Laboratório de Biotecnologia Animal - LabTec, UFV/Viçosa-MG

³ Estudante de Mestrado - DZO , UFV/Viçosa - MG

⁴ Estudante de Graduação - DMV , UFV/Viçosa - MG

⁵ Professor Associado do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG

Associação genética entre dias para o parto e *stayability* em partos consecutivos para a raça Nelore

Diogo Osmar Silva¹, Débora da Silva Morales², Denise Rocha Ayres³, Lucia Galvão de Albuquerque⁴, Roberto Carneiro⁴, Rodrigo Junqueira Pereira³

A característica *stayability* (STAY) mede a habilidade da vaca em permanecer no rebanho e está relacionada à longevidade e produtividade da fêmea. A característica dias para o parto (DPP) é o intervalo, em dias, do primeiro dia da estação de monta até o parto e revela a habilidade da vaca em conceber mais rapidamente na estação de monta e deixar uma outra cria na propriedade. O banco de dados estudado foi concedido pela empresa Agropecuária Jacarezinho Ltda. As características estudadas foram a STAY em partos consecutivos, dado que a vaca pariu pela primeira vez até os 55 meses de idade, e a DPP. Os fenótipos para STAY foram gerados observando se a fêmea teve oportunidade de permanecer no rebanho até determinado parto, em que o intervalo considerado foi do segundo ao oitavo parto. Assim, cada vaca poderia ter até sete observações repetidas. Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 (sucesso) para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 (fracasso) para aquelas que tiveram a oportunidade e, no entanto, não pariram. Após a consistência, o banco de dados para a estimação de parâmetros genéticos continha 220.723 informações de STAY e 62.746 informações de DPP. A STAY foi analisada utilizando-se um modelo animal de Regressão Aleatória e a DPP foi analisada por meio de um modelo animal de repetibilidade. As médias de STAY foram 66%, 46%, 33%, 23%, 17%, 11% e 8% para o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo parto, respectivamente. As médias de DPP variaram entre 340 e 365 dias, conforme o número do parto, sendo menores para os partos posteriores. As herdabilidades estimadas para STAY em partos consecutivos variaram entre 0,04 e 0,05, tendo um comportamento quadrático com o pico nos partos 3 e 4, e a herdabilidade estimada para DPP foi de 0,03. As correlações genéticas estimadas para STAY entre os partos variaram entre 0,993 e 0,959, sendo próximas à unidade entre partos consecutivos e de magnitude inferior entre partos mais distantes entre si. As correlações entre os valores genéticos preditos para STAY em partos consecutivos e DPP variaram entre -0,36 e -0,34, sendo de magnitude discretamente superior para os partos iniciais. Estes valores indicam que, sob o ponto de vista genético, a capacidade da fêmea em conceber mais precocemente dentro da estação de monta é uma das características que influenciam a longevidade da fêmea na propriedade. Assim, a característica STAY em partos consecutivos pode ser adotada como critério de seleção afim de aumentar a longevidade de fêmeas no rebanho e a metodologia de Regressão Aleatória pode ser utilizada para a análise da mesma. A característica DPP tem uma correlação favorável com STAY, podendo ser utilizada como uma medida auxiliar a seleção de fêmeas.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Estudante de graduação em Zootecnia, UFMT/Rondonópolis - MT, bolsista CNPq, diogoosmarsilva@gmail.com;

² Estudante de graduação em Zootecnia, UFMT/Rondonópolis - MT, bolsista FAPEMAT;

³ Professor do Curso de Zootecnia, UFMT/Rondonópolis - MT;

⁴ Professor do Curso de Zootecnia, FCAV/UNESP/Jaboticabal - SP.

Associações genéticas entre características de crescimento, carne e carcaça em bovinos da raça Nelore

Lucas H. B. Sales¹, Daniel G. M. Gordo², Rafael Espigolan³, Gerardo A. F. Júnior⁴, Lucio Flávio Macedo Mota⁵, Lucia G. Albuquerque⁶

Estudos das associações genéticas fornecem informações para elaboração de programas de seleção. O objetivo desse estudo foi estimar associações genéticas entre características de crescimento, carne e carcaça, medidos após o abate, em bovinos da raça Nelore. Foram analisados um total de 4.023, 4.121, 4.109, 4.188, 4.213, 3.320 e 16.575 registros, para características de Peso da Carcaça Quente (PCQ), Área de Olho de Lombo (AOL), Espessura de Gordura Subcutânea (EGS), Marmoreio (MS), Maciez (MC), Lipídeos (LC) e Peso ao Sobreano (PS), respectivamente, de animais nascidos entre 2008 a 2013. Grupos de Contemporâneos (GC) para características de carne e carcaça foram definidos considerando efeitos de safra ao nascimento, fazenda ao sobreano e grupo de manejo ao sobreano. Para PS, foram acrescentados os efeitos de grupo de manejo à desmama e sexo. Análise multicaracterística foi realizada utilizando método da máxima verossimilhança restrita, por meio do pacote Wombat. Foram considerados no modelo, efeitos aleatório genético direto e efeitos fixos de GC além do efeito linear da idade do animal no momento da mensuração como covariável. As estimativas de herdabilidade foram $0,19(\pm 0,04)$, $0,31(\pm 0,06)$, $0,13(\pm 0,05)$, $0,22(\pm 0,06)$, $0,07(\pm 0,03)$, $0,06(\pm 0,04)$ e $0,27(\pm 0,03)$, para características PCQ, AOL, EGS, MS, MC, LC e PS, respectivamente. Estimativas de correlações genéticas entre características de carcaça e crescimento, foram positivas variando de baixas a moderadas, sendo $0,77$ (PCQ x PS), $0,22$ (AOL x PS) e $0,18$ (EGS x PS). Estes resultados indicam que parte dos mesmos genes de ação genética aditiva afetam essas características no mesmo sentido, em especial PCQ e PS. Estimativas de correlação genética de MS, MC e LC com PS, foram $0,00$, $-0,32$ e $0,29$, respectivamente. Embora PS esteja associado de forma desejável à MC e LC, a seleção para PS não deve promover mudanças genéticas importantes nestas duas características uma vez que ambas são de baixa herdabilidade. Correlações genéticas entre características de carcaça e carne variaram de $-0,68$ a $0,31$. Estimativa de magnitude moderada e negativa foi observada entre PCQ e MC ($-0,68$). Também neste caso, não se pode esperar resposta correlacionada significativa nesta característica por seleção para PCQ. Estimativa de correlação de magnitude moderada e positiva entre EGS e LC ($0,31$), indica que genes de ação aditiva envolvidos na deposição de gordura de cobertura são, em parte, os mesmos que atuam na deposição de gordura intramuscular. Em geral, as características estudadas possuem variabilidade genética suficiente para responder à seleção. Porém, para as características de carne, espera-se que o progresso genético seja mais lento quando comparadas às demais características, exceto para MS. A seleção para PS promove mudanças genéticas no sentido desejável nas características de carcaça e carne, exceto para MS. Características da carcaça estão geneticamente associadas com características da carne, exceto entre PCQ e MS.

Apoio: CNPq e FAPESP

Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Mestrando do curso de Zootecnia, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista CNPq, lucash.b.s@hotmail.com

² Pós-Doutorando, UNESP / Jaboticabal - SP, Bolsista CAPES

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, Bolsista FAPESP

⁴ Pós-Doutorando, UNESP / Jaboticabal - SP, Bolsista FAPESP

⁵ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, Bolsista FAPESP

⁶ Professora Titular do Departamento de Zootecnia, UNESP/Jaboticabal - SP, Pesquisadora do CNPq, Brasília, DF, Brasil

Avaliação da tendência endogâmica em um banco de dados de frangos de linhagem macho

Renata Felisberto Henriques¹; José Teodoro de Paiva²; José Bento Sterman Ferraz³; Elisângela Chicaroni de Mattos³; Tércio Michelan Filho⁴; Leila de Genova Gaya⁵

A endogamia é um fator considerável na seleção, podendo acarretar tanto ganho como prejuízo na produção animal. O presente estudo avaliou o comportamento da tendência endogâmica, através de seus coeficientes de endogamia, ao longo de gerações em um banco de dados de frangos de linhagem macho. As variáveis foram registradas no Matadouro-Escola do *campus* de Pirassununga, da Universidade de São Paulo, SP, e aferidas no músculo *Pectoralis major*, compondo um banco de dados com cerca de 3.000 informações fenotípicas aferidas entre maio de 2005 e março de 2006 e uma matriz de parentesco com mais de cem mil registros. Os dados foram processados no Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de São João del-Rei, em São João del-Rei, MG. O coeficiente de endogamia de cada indivíduo foi calculado por intermédio do *software* MTDFREML. A tendência endogâmica da população foi estimada por regressão dos coeficientes de endogamia individuais em relação à unidade de tempo (gerações). As gerações do banco de dados foram contabilizadas por intermédio do PROC CALGERA. O coeficiente médio de endogamia foi de 1,3% para a população estudada. Isso indica a probabilidade de que alelos de um mesmo gene sejam idênticos por descendência nos indivíduos das gerações utilizadas neste estudo, nesta porcentagem. Em populações maiores, como neste trabalho, são frequentemente observados menores coeficientes de endogamia, pois o tamanho da população é fator de grande influência para a diluição da homozigose idêntica. A equação polinomial de primeiro grau para as gerações segundo os coeficientes -0,0216 e 0,0077, para b_0 e b_1 respectivamente, foi significativa com valor de $p < 0,0001$. O coeficiente de regressão linear aponta que para cada geração ocorre o aumento de 0,77% no coeficiente de endogamia, onde o decorrer das gerações estaria favorecendo um aumento nas relações endogâmicas nesta população. Sistemas fechados de acasalamentos utilizados pela indústria se caracterizam por esse aumento da endogamia na população (Oliveira et al., 2006). Decréscimos no coeficiente de endogamia foram observados entre as gerações 6 e 7 e indicam um maior controle na seleção dos indivíduos acasalados. Entretanto o coeficiente volta a crescer após a sétima geração, possivelmente por controle ineficiente dos acasalamentos em todas as gerações, ou mesmo propositadamente, visando à fixação de características na linhagem. A tendência endogâmica é capaz de apontar onde o método de acasalamento aplicado na população promoveu o aumento ou não deste coeficiente, e seu estudo deve ser aliado aos estudos dos efeitos da magnitude de endogamia possibilitando a definição das estratégias mais adequadas para as variáveis de interesse nas próximas gerações. Desta forma é possível para indústria aprimorar seus resultados com um melhor aproveitamento dos benefícios obtidos através dos acasalamentos endogâmicos, assim como tentar evitar os possíveis efeitos deletérios.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Mestranda do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, renata_henriques28@hotmail.com

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG,

³ Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos – USP/Pirassununga - SP

⁴ Aviagen do Brasil Ltda., Rio Claro

⁵ Departamento de Zootecnia, UFSJ/São João del-Rei - MG

Bayesian random regression models to describe milk, fat and protein yield in goats

Pedro Henrique Ferreira Freitas¹; Otávio Henrique Gomes Barbosa Dias de Siqueira²; José Teodoro de Paiva²; Hinayah Rojas de Oliveira³; Hugo Teixeira Silva³; Fabyano Fonseca e Silva⁴

Dairy goats show great growth in the world, not only in the number of animals in production, but also as the quantity and quality of milk production. It is due to the effort in the implementation of animal breeding programs. This study aimed to propose multiple-trait random regression models (RRM) to explain the milk (MY), fat (FP) and protein (PP) yields in dairy goats, through Bayesian inference. Were analyzed 3,856 MY, FP and PP test-day records from 535 first lactation of Saanen and Alpine goats of the Department of Animal Science of the Universidade Federal de Viçosa. The initial analyses were performed using single-trait RRM, in which for all effects (average curve, additive genetic and permanent environmental) the following models were considered: third and fifth order Legendre polynomials, linear B-splines with three and five knots, Ali and Schaeffer function and Wilmink function. Residual variances were modeled by a step function with three classes: 1 to 3, 4 to 8, and 9 to 40 weeks of lactation. After definition of the best single-trait RRM to describe each trait (MY, FP, PP) based on the Deviance Information Criterion (DIC), the functions were combined to compose the multiple-trait RRM. It was also tested the multiple-trait RRM considering the same function for all traits. The model based on Ali and Schaeffer function (Ali) fitted better for MY and PP, while the model based on fifth order Legendre polynomials (Leg5) was the best for FP. These single-trait results were used to define the following combined multiple-trait RRM: Ali_Ali_Leg5, Ali_Leg5_Ali and Ali_Leg5_Leg5; where the first name refers to the function used to describe the MY, the second one the FP and the third one the PP. Among the combined models, the model that presented the best fit to the data was the model considering Ali to describe the MY and PP, and Leg5 to describe the FP. All combined RRM presented lower DIC values, showing the superiority of these models when compared to other multiple-trait models based on only one function. These combinations of different functions in the same model provided the increase of the fit quality in relation to the simple multiple-trait RRM. Thus, we concluded this is a plausible alternative for joint genetic evaluation of different longitudinal traits in dairy goats.

Support: CNPq and CAPES
Concentration Area: Animal Breeding

¹ Estudante de Graduação em Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, pedro.h.freitas@ufv.br;

² Estudante de Mestrado, UFV/Viçosa - MG;

³ Estudante de Doutorado, UFV/Viçosa - MG;

⁴ Professor Adjunto do Departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG.

Candidate genes expression in skeletal muscle and the meat quality of Nellore cattle

Jessica Moraes Malheiros¹; Cruz Elena Enríquez-Valencia²; Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia³; Maeli Dal Pai Silva⁴; Henrique Nunes de Oliveira⁵; Luis Artur Loyola Chardulo⁶

The classic breeding and selection of animals based on phenotypic analysis generated considerable changes in some meat quality characteristics, but the estimate of the genetic potential based solely on the animals phenotype has limitations. The use of techniques and manipulation of DNA molecules, RNA and proteins allow advances in the understanding of biological processes, providing the selection of superior animals for about the desired characteristics such as tenderness of the meat. The aim of this study was to evaluate the effect of meat tenderness on gene expression of the calpain in Nellore cattle. Ninety Nellore animals were used. The animals were pasture-fed until approximately 24 months of age, when they were moved to feedlot. The feedlot period was 95 days with average body weight of approximately 550 kg. Immediately after slaughters, samples for gene expression analysis were collected. Carcasses were cooled for 24 hours and samples of the Longissimus thoracis muscle were removed for analysis of cooking losses (CI) and shear force (SF). Three extreme groups were separated of according with SF: (1) group with tender meat (n = 15 animals), (2) group with intermediate meat (n = 15 animals) and (3) group with tough meat (n = 15 animals). Total RNA was extracted from skeletal muscle samples and was used for quantitative real-time PCR (qRT-PCR) reactions by Taqman probes. As reference genes were used the glyceraldehydes 3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), TATA box binding protein (TBP) and Beta Actin (ACTB) and as target genes of calpain were used CAPSN1 and CAPN2. The statistical linear mixed models for the qRT-PCR data were used, as proposed by literature. The means of the analysis of cooking losses and shear force for groups of tender, intermediate and tough meat were 3.9 ± 0.9 kg and 18.5 ± 4.3 %, 5.6 ± 0.7 kg and 21.5 ± 3.8 %, 7.9 ± 1.3 kg and 23.3 ± 4.8 %, respectively. Significant correlation was observed between the two characteristics ($r_p = 0.62$; $p < 0.01$). The cooking losses may have contributed to shear force values, because with increasing percentage of loss water and fat during the cooking meat, the greater may be the SF values. Expression of CAPSN1 (μ -calpain) and CAPN2 (m-calpain) genes did not differ significantly ($P > 0.05$) between the three groups. Therefore, it can be inferred that the genomic profile of the tender meat group approaches the profile of the tough meat group and intermediate meat, that is, this study showed there was no relationship between tenderness and expression of the calpain genes.

Apoio: Capes e Fapesp

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, Unesp/Jaboticabal - SP, bolsista Capes, jessicamalheiros@yahoo.com.br

² Professora do Departamento de Ciências Pecuárias, Universidad Francisco de Paula Santander (UFPSO), Ocaña/Colombia, Grupo de Pesquisa GI@DS.

³ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Unesp/Jaboticabal - SP, bolsista Capes,

⁴ Professora do Departamento de Morfologia, Unesp/Botucatu – SP

⁵ Professor do Departamento de Zootecnia, Unesp/Jaboticabal – SP

⁶ Professor do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Unesp/Botucatu – SP

Combining GWAS statistical methods improves the QTL detection of a complex trait

Thaise Pinto de Melo¹; Tiago Bresolin¹; Lucia Galvão de Albuquerque^{2,3}; Roberto Carneiro^{2,4}

Despite the large number of statistical methods available in the literature for Genome Wide Association Studies (GWAS), QTL mapping remains a challenge, especially for complex traits controlled by many small QTL. We aimed to evaluate using simulated data, if combining different GWAS results from Frequentist and Bayesian approaches would allow us to identify QTL more precisely. A hypothetical trait with heritability of 0.14 and historical and selection populations were simulated in 10 replicates. The selection population produced about 45,000 phenotyped animals in 15 generations, from which 2,000 genotypes (from the last 3 generations) were randomly selected for the GWAS. The statistical methods WssGBLUP and Bayes C were used. The WssGBLUP model followed: $y = X\beta + Z_a a + e$, y is the vector of phenotypes, β is the overall mean, a is the additive genetic effects vector and X and Z_a are incidence matrix relating the phenotypes to β and a , respectively, and e is the residuals vector. Two scenarios including (SI) or not (SII) non-genotyped animals were evaluated. Three iterations were used (w1, w2 and w3), representing an increasing of the shrink applied in the SNP effects, from w1 to w3 iteration. Therefore, for WssGBLUP analyses, SIw1 refers to scenario I, iteration 1, and so forth. The Bayes C model followed: $y = 1\mu + \sum_{i=1}^n g_i b_i \delta_i + e$, y and e are as previously described, 1 is a vector of ones, μ is the overall mean, g_i is a vector with the genotype of the animals of the i^{th} SNP, b_i is a vector containing the allele substitution effect of the i^{th} SNP and δ_i is an indicator variable (0, 1), with parameters n (number of SNPs) and π (fraction of SNPs not included in the model). Two π values were used, almost fixed in 0.99 or 0.999. A total of 8 methods/scenarios (M/S) were evaluated: WssGBLUP/SI or SII (w1, w2 or w3), and Bayes C ($\pi=0.99$ or $\pi=0.999$). Details about the simulation and GWAS statistical methods were reported in Melo et al. (BMC Genetics 17, 2016). The results showed that increasing the number of M/S that a window was significant increased the probability that this window contained a QTL, achieving 76% for 4 M/S and 100% for 7 or 8 M/S. Although presenting just true positives, windows identified in 7 or 8 M/S were able to detect just part (60.5%) of the true QTL, since some QTL were not mapped by 7 or 8 M/S. Windows detected in 5 M/S were able to identify 96% of the true QTL even presenting some false positives (10.8%). The single best method (WssGBLUP/SIw2) was able to identify just 17.4% of the true QTL. This result is in accordance with Legarra et al. (GSE 47, 2015), who recommended using more than one GWAS method to map QTL more efficiently. Further studies, simulating different traits and population structures, are needed to identify which combination of GWAS methods provides more precise QTL detection. Our results, in agreement with previous studies, suggest that combining different GWAS statistical methods may increase the power of QTL detection.

Apoio: CAPES e FAPESP

Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, FCAV-UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista CAPES, thaise_p.melo@hotmail.com; t_bresolin@hotmail.com.

² Pesquisador do CNPq

³ Professora titular do Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP/Jaboticabal - SP, lgalb@fcav.unesp.br.

⁴ Pesquisador do Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP/Jaboticabal - SP, rcar@fcav.unesp.br.

Comparative study of generalized linear mixed models for cattle tick resistance

Amanda Marchi Maiorano¹, Alejandra Maria Toro Ospina², Thiago Santos Mota³, Ricardo Antônio da Silva Faria², Ana Beatriz de Menezes Gome⁴, Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva⁵

Methods often used to evaluate tick count data are general linear models, with data log transformation and Poisson models, and the use of general linear mixed model (GLMM) with negative binomial distribution has never been assessed previously for evaluation of the tick resistance trait. The comparison of the tick resistance of *Bos indicus* (Nelore breed) and *Bos taurus* (Simmental and Caracu breeds) subspecies raised in the southeast of Brazil was investigated, utilizing five GLMMs with Poisson distribution and five GLMMs with negative binomial distributions. Sixty heifers (340.2 ± 63.0 kg) consisting of 20 animals for each breed were used. Three artificial infestations were conducted to evaluate differences among the breeds. The analyses were performed with the use of the SAS program by PROC GLIMMIX procedure. The models were characterized by incorporating the effects of the random intercept, however with different combination of fixed effect (breed, skin thickness, moment of tick count as category variable or continuous variable) and interaction effects as well as different adjust for distribution (Poisson and negative binomial). The Akaike Information Criterion (AIC) was utilized to choose the adequate model, the smaller the value for AIC, better is the adjust model. Later on, the Pearson statistics was utilized to verify quality of the selected adjusted model, dividing the Pearson Chi-square by degree of freedom of the model. AIC value ranged from 2157.40 to 2966.21 and 1478.77 to 1579.31 for models with Poisson distribution and models with negative binomial distribution, respectively. The model that had lower AIC value (1478.77) had negative binomial distribution and its Pearson statistics was 0.67, that can be considerate the value closest to the ideal. The means of tick count were 5.50 ± 7.04 , 133.25 ± 165.97 and 91.37 ± 70.54 for Nelore, Simmental and Caracu breeds, respectively. The multiple comparisons for the Tukey-kramer test showed significant differences ($P < 0.05$) for the tick count among the breeds. According with the results of this study we showed the GLMM with negative binomial distribution could be an alternative model for tick count data with excess of number zeros as showed in this study, avoiding overdispersion problems. In the Brazilian tropical weather conditions, *B. indicus* and *B. taurus* have different tick resistance patterns, where Nelore animals are better than the others.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, bolsista CNPq amanda_maiorano@hotmail.com

² Estudante de pós graduação, UNESP/Jaboticabal - SP

³ Estudante de doutorado, IBB/Botucatu - SP

⁴ Estudante de graduação, UNESP/Botucatu - SP

⁵ Professor Assistente Doutor do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, UNESP/Botucatu - SP, bolsista PQ/CNPq

Efeito da endogamia sobre o peso corporal de aves da espécie *Rhynchotus rufescens*

Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia¹; Alejandra Maria Toro Ospina²; Camilla de Souza Nogueira²; Ricardo Antônio da Silva Faria²; Nabor Veiga³; Josineudson Augusto II de Vasconcelos Silva⁴

A perdiz (*Rhynchotus rufescens*) possui potencial na produção de carnes nobres, devido a seu excelente rendimento de carcaça e composição química. Sua seleção para o melhoramento genético visa o crescimento de seus índices produtivos, incentivando o comércio com novas opções para produção. Em avaliações genéticas, o estudo do coeficiente de endogamia é importante na definição dos acasalamentos, como objetivo de evitar a depressão de características de importância econômica. A depressão endogâmica é caracterizada pela diminuição, em relação à média, do desempenho produtivo e/ou reprodutivo de animais gerados por acasalamentos endogâmicos. O objetivo do presente estudo foi avaliar o efeito da endogamia sobre o peso corporal em perdizes de uma determinada geração. Os dados de genealogia dos animais foram coletados em arquivos históricos e foi criado arquivo de pedigree que incluía animais nascidos entre 2006 e 2015, totalizando oito gerações. Os coeficientes de endogamia (F) foram calculados pelo software INBUPGF90 (Aguilar & Misztal, 2008). Foi criado arquivo com 72 pesagens, sendo a metade com pesos de aves com F igual a 0% (F0) e a outra com aves endogâmicas com F igual a 0,3125% (F0.3) e 6,25% (F6) de uma mesma geração (aves nascidas no período 2011/2012). A consistência dos dados foi realizada usando o programa estatístico SAS (SAS, 2010), onde a análise de quadrados mínimos foi realizada usando procedimento GLM (SAS, 2010). Considerou-se no modelo os efeitos fixos de sexo, coeficiente de endogamia e interação sexo-endogamia, e a covariável idade da mensuração do peso, em dias. Em seguida, foi realizado o teste de Duncan para comparação de médias do peso corporal. Os efeitos sexo, endogamia e a interação foram significativos ($p < 0,05$). A média e erro padrão das pesagens de aves F0 foram $817,4 \pm 84,7$ kg, enquanto as aves com F6 foi $755,4 \pm 94,1$ kg. As análises estatísticas indicam que a endogamia afeta negativamente o peso corpóreo de perdizes, sendo viável considerar aves endogâmicas como critério de descarte para esta característica em criação comercial.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, FCAV, Unesp, Jaboticabal - SP, luiz.edcsc@gmail.com

² Pós-graduando curso de Genética e Melhoramento Animal, FCAV, Unesp, Jaboticabal - SP

³ Docente do Departamento de Produção Animal, FMVZ, Unesp, Botucatu - SP

⁴ Docente do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal da FMVZ, Unesp, Botucatu - SP

Eficiência genética e econômica de sistemas de ciclo completo em gado de corte, utilizando diferentes biotécnicas reprodutivas e cruzamento

*Henrique José Urzedo Costa^{*1}, Roberto Carneiro¹*

Problemas com a determinação da utilização correta de biotécnicas reprodutivas em rebanhos de bovinos de corte são recorrentes no cenário nacional atualmente. A determinação da intensidade de uso dessas técnicas e a escolha da mais apropriada para cada cenário se torna a decisão chave realizada pelo profissional responsável. O objetivo desse trabalho foi o de estimar o ganho econômico e genético, através de simulações determinísticas, para um sistema de ciclo completo de bovinos de corte utilizando diferentes biotécnicas reprodutivas e cruzamento. O trabalho foi baseado em um sistema de produção de ciclo completo com área de pastagem de 1000 ha, adotando o manejo de pastejo contínuo e taxa de lotação variável. O rebanho base é da raça nelore onde o Angus aparece apenas nos cenários com participação de cruzamento. O cenário padrão foi caracterizado pelo uso da inseminação artificial e repasse com touros Nelore. As mudanças para os outros cenários envolvem o uso de inseminação artificial em tempo fixo, fertilização “*in vitro*”, transferência de embriões, cruzamento industrial e a combinação de todas as técnicas. Os valores econômicos foram extraídos de indicadores da região central do Brasil (Scott; FNP; FEALQ/ESALQ). Foram utilizadas planilhas de *Excel 2010* e os parâmetros serão comparados em diferentes horizontes do tempo: curto (5 anos); médio (10 anos) e longo (15 anos) prazo. As simulações realizadas forneceram diversos valores que se diferenciavam pelo nível de tecnologia empregado nos cenários. Nos resultados iniciais a variável lucro líquido se destacou quando comparados o primeiro e o segundo cenário do presente estudo. O uso de IATF substituindo a inseminação artificial comum proporciona um incremento em média de 14,3% desse indicador. Em contrapartida o aumento de custo para realização da mudança de biotecnologia é de apenas 1,2%. É interessante ressaltar que o capital investido em ambos os cenários não se diferencia tanto ao passo que o lucro obtido é circunstancial e torna-se ainda mais visível no curto (71,5%), médio (143%) e longo (214,5%) prazo. A explicação de tamanha diferença está no valor agregado do bezerro e nas taxas de concepção e desmame distintas entre esses cenários. Torna-se imprescindível a realização de mais estudos e a simulação e comparação de mais cenários como meio de obtenção de uma maior variedade de indicadores para o enriquecimento do presente trabalho.

Apoio: Capes

Área de concentração: Melhoramento animal

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, FCAV/Jaboticabal- SP, bolsista Capes, henrique_costa_@hotmail.com;

¹ CNPq Researcher, FCAV/Jaboticabal- SP

Endogamia, número e intervalo de gerações na espécie Wistar do Nucal-UFSJ

*Rosiane Aparecida de Castro Costa*¹; *Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto*³; *André Luiz de Andrade Costa*⁴; *Ana Paula Madureira*²

Criada na Universidade Federal de São João del-Rei (UFSJ) desde 2003, a espécie Wistar (linhagem albina da espécie *Rattus norvegicus*) vem tendo seus índices zootécnicos coletados desde 2009. Do acasalamento aleatório de animais adquiridos de outras instituições é formada a colônia do NUCAL-UFSJ (Núcleo de Criação de Animais de Laboratório) que atende à demanda interna para ensino e pesquisa. Este trabalho teve como objetivo calcular a endogamia, o intervalo médio e o número de gerações além do tamanho efetivo dessa colônia. Foram utilizadas informações originadas do banco de dados de registros genealógicos coletados entre agosto de 2009 e março de 2016. Os cálculos do coeficiente de endogamia para cada animal, assim como os intervalos de gerações e tamanho efetivo da população foram obtidos utilizando-se o aplicativo ENDOG 4.8 (GUTIÉRREZ, 2005). Foram avaliados 1402 indivíduos, encontrou-se número de gerações máximo igual a 20,0. Observou-se que 240 animais ou 17,1% pertenciam à primeira geração, ou geração base. Dentre os animais, 50,43% encontravam-se da geração base até a quinta geração e 49,57% acima dessa. O intervalo de gerações médio foi igual a 96,59 dias. A idade média dos pais quando nasceram seus filhos foi de 95 dias e das mães 98 dias. Não foi identificado na literatura o valor do intervalo de gerações médio para ratos Wistar. O coeficiente de endogamia médio individual observado da população foi de 2,93%. Para os 754 animais endogâmicos (53,78% da população) a média do coeficiente de endogamia foi 5,46%. Observou-se endogamia individual de até 28,93%. A evolução do coeficiente de endogamia por gerações, calculado por regressão linear, demonstrou haver um incremento (0,4%; $R^2=0,767$) no coeficiente médio a cada geração até a 13ª geração e depois um decréscimo (-0,2%; $R^2=0,541$), possivelmente, em função da entrada de novos indivíduos na colônia. O tamanho efetivo médio da população calculado até a 13ª geração foi de 175,88 indivíduos, variando de 12,40 a 439,20 indivíduos. Conclui-se que a espécie Wistar criada no NUCAL-UFSJ mostra estar em um processo de mudança contínua em função da entrada de animais advindos de outros planteis. A média do coeficiente de endogamia por geração de 3,59%, mas como o incremento a cada geração permanece menor do que 1,0%, como se observa na regressão linear, indicam haver acasalamentos preferenciais na colônia que precisam ser controlados, mas que até o momento não tem trazido nenhum problema prático a colônia que possa ser relacionado a uma depressão endogâmica.

Apoio: Fapemig

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹Estudante de graduação do curso de Ciências Biológicas, UFSJ/São João del-Rei -MG, Bolsista FAPEMIG;

²Professora Doutora Orientadora, Departamento de Engenharia de Biosistemas da UFSJ/São João del-Rei, MG, apmadureira@ufs.br;

³Embrapa Gado de Leite;

⁴Estudante de graduação, IPTAN/São João del Rei – MG.

Estimação de parâmetros genéticos para peso ao nascimento e perímetro escrotal em bovinos de corte da raça Caracu

Alejandro Barrera Carvajal¹; Natalia Vinhal Grupioni²; Luara Afonso Freitas³; Nedenia Bonvino Stafuzza⁴; Claudia Cristina Paro de Paz⁵; Danisio Prado Munari⁶.

Programas de melhoramento genético animal são implantados no Brasil visando à obtenção de critérios de seleção que favoreçam características produtivas e reprodutivas e, conseqüentemente, o progresso genético dos rebanhos. Um dos principais limitantes da eficiência produtiva em bovinos de corte é o desempenho reprodutivo e, por esse motivo, maior ênfase tem sido dada a características de funcionamento ponderal como o perímetro escrotal, devido sua associação genética favorável com características de precocidade sexual e fertilidade. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para as características de peso ao nascimento (PN) e perímetro escrotal aos 365 dias (PE365) em bovinos de corte da raça Caracu. Os dados utilizados neste estudo foram provenientes do Instituto de Zootecnia (IZ), localizado em Sertãozinho, São Paulo, Brasil. Foram utilizados 2.328 registros de animais, nascidos entre 2000 e 2015. A estimação dos parâmetros genéticos foi realizada pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), sob modelo animal bicaracterística, utilizando o programa computacional WOMBAT. O modelo animal incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneo para PE365 (constituído de animais nascidos no mesmo ano e estação de nascimento) e para PN (constituído de animais do mesmo sexo, nascidos no mesmo ano e estação de nascimento). Os efeitos aleatórios genético aditivo e residual foram considerados para todas as características. A estimativa de herdabilidade para PN foi de alta magnitude ($0,56 \pm 0,05$), indicando que a seleção direta para essa característica resultará em animais mais pesados. Contudo, deve-se ter cautela na seleção desta característica, pois animais mais pesados favorecem a ocorrência de partos distócitos. A estimativa de herdabilidade para PE365 foi de moderada magnitude ($0,27 \pm 0,10$), indicando a existência de variabilidade genética aditiva suficiente para responder ao processo de seleção. A correlação genética entre PN e PE365 ($-0,26 \pm 0,18$) apresentou estimativa pouco confiável devido seu alto erro-padrão, não sendo possível evidenciar uma associação genética linear entre as duas características estudadas. Portanto, a seleção que for realizada a favor do PE365 não irá afetar o peso ao nascimento neste rebanho.

Apoio: CAPES e IZ

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CAPES, alejandrobarreracarvajal@gmail.com

² Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CAPES/EMBRAPA

³ Mestranda em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista FAPESP

⁴ Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CAPES

⁵ Pesquisadora do Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho-SP

⁶ Professor Adjunto no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CNPq

Estimation of heritability and repeatability coefficients for body weight at calving in Caracu beef cattle

Alejandro Barrera Carvajal¹; Natalia Vinhal Grupioni ²; Luara Afonso Freitas³; Nedenia Bonvino Stafuzza³; Claudia Cristina Paro de Paz⁴; Danisio Prado Munari⁵.

The body weight traits measured at different ages has been the aim of genetic evaluation and selection during several years in Brazilian beef cattle breeding programs, in order to increase the body weight gain. Selection for higher weights and growth rates can result in weight gain in adult cows. The cow weight at calving is highly correlated to cow and calf weaning weight, however; heavy cows are associated with a high maintenance costs. The repeatability coefficient measures the degree of association among measurements made on the same individual for traits that are measured more than once, where how much higher the repeatability coefficient of a trait, the greater will be the possibility of a single measure representing its real capacity. The aim of this study was to estimate genetic parameters and repeatability coefficient for cow weight at calving in Caracu beef cattle. The data used in this study belong from Instituto de Zootecnia (IZ) beef cattle, located in Sertãozinho, São Paulo, Brazil. Database with 2,685 records of weights at calving cows born between 1981 and 2009, kept on pasture and supplemented with minerals, were used. The estimates were carried out through the Restricted Maximum Likelihood Method (REML) in single-trait animal model, using the WOMBAT software. The animal model included fixed effects of contemporary group (animals born in the same year and birth season) for cow weight at calving. Random additive genetic, residual and permanent environment effects were considered in the analysis. The heritability estimate for cow weight at calving was 0.12 (0.01) and indicates slowly response to selection process. The magnitude of the repeatability coefficient was high (0.50), showing that the measurements evaluated are a good indicator of production and this trait can be used as a criterion selection since its accuracy gain is represented by multiple measures. According to the estimates obtained in the present study, the selection process can be made based on the cow weight at calving in order to promote genetic progress in Caracu beef cattle.

Apoio: CAPES e IZ

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CAPES, alejandrobarreracarvajal@gmail.com

² Mestrando em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista FAPESP

³ Pos-doutorando em Genética e Melhoramento Animal no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CAPES/EMBRAPA

⁴ Pesquisadora Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho-SP

⁵ Professor Adjunto no Departamento de Ciências Exatas, UNESP/FCAV Jaboticabal-SP, Bolsista CNPq

Estimativa de melhor nível de adição de Triptofano em dietas de duas linhagens de Codornas (*Coturnix coturnix*) na fase inicial de crescimento

Rúbia Francielle Moreira Rodrigues¹; Leonardo da Silva Costa³; Thaíza da Silva Campideli⁴; Diego Alcântara Coimbra⁴; Bruno Max Pereira;³ Cristina Moreira Bonafé²

Dada a crescente demanda por proteína animal, a coturnicultura é uma opção viável e de rápido retorno. Um dos maiores obstáculos para o desenvolvimento dessa cadeia é o custo elevado da ração, os aminoácidos que compõem a proteína tem elevado valor, o que caracteriza a importância de estudos relacionados às exigências nutricionais desta espécie, com base na proteína ideal. Assim, se busca avaliar a inclusão de diferentes níveis de aminoácidos sobre as linhagens avaliadas. Foi realizado um experimento relacionando o desempenho da fase inicial de crescimento (fase de maior desenvolvimento corporal) com diferentes níveis do aminoácido Triptofano na ração, buscando demonstrar seus efeitos sobre o ganho de peso de 1 a 21 dias (GP121) em duas linhagens de codornas de corte (LF1 e LF2). Foram utilizados 582 animais da linhagem LF1 e 531 animais da linhagem LF2 do programa de Melhoramento Genético da UFVJM, identificados individualmente e distribuídos homogeneamente entre os cinco tratamentos, sem distinção de sexo. Os animais permaneceram alojados do 1º ao 21º dia de idade em boxes de alvenaria de 2m x 2m, com cama de maravalha, lâmpadas para aquecimento, água e ração fornecidos à vontade, foram pesados ao nascimento, 07, 14 e 21 dias, quando houve a sexagem. Foram utilizados quatro níveis de inclusão de Triptofano (0,03; 0,06; 0,09 e 0,12%) mais o controle (0%), distribuídos aleatoriamente entre os boxes. O experimento foi conduzido em um delineamento inteiramente casualizado (DIC), num esquema fatorial de 5x2x2, sendo as análises estatísticas realizadas no software Statistical Analysis System (SAS) via procedimento Generalized Linear Model (PROC GLM). As médias do ganho de peso para as duas linhagens e os níveis de Triptofano foram comparadas por meio do teste de Tukey ao nível de 5% de significância. Os resultados demonstraram haver diferença significativa na relação Triptofano X ganho de peso entre tratamentos, mas não haver diferença entre as linhagens, a média para GP121 variou de 27,5g a 150,6g para a LF1 e de 25,3g a 165,4g para LF2. As fêmeas apresentaram pesos superiores aos machos aos 21 dias em função do desenvolvimento do sistema reprodutivo. Dentre as médias dos tratamentos, os níveis de 0% (controle) e 0,03% de Triptofano apresentaram os melhores resultados, não havendo diferença significativa e os resultados dos demais tratamentos não diferiram entre si, porém com um ganho de peso menor.

Apoio: CAPES, AJINOMOTO e a UFVJM.
Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UFVJM/Diamantina - MG, bolsista CAPES, rubiaifmg@yahoo.com.br

² Professora Associada do Departamento de Zootecnia, UFVJM/Diamantina - MG

³ Estudante de graduação, UFVJM/Diamantina - MG

⁴ Estudante de mestrado, UFVJM/Diamantina - MG, Bolsista CNPq

Estimativa de parâmetros genéticos de características de tipo em bubalinos da raça murreh

Willian Bruno Fernandes de Andrade¹; Naudin Alejandro Hurtado- Lugo²; Daniel Jordan Abreu dos Santos³; Jessica Lorena Gonzales Guzman⁴; Diercles Francisco Cardoso⁵; Humberto Tonhati⁶.

A seleção em bubalinos leiteiros muitas vezes ocorre somente com base na produção de leite, assim outras características funcionais importantes não são levadas em consideração, o que pode acarretar descartes precoces de fêmeas do rebanho. Neste sentido, a avaliação visual ou de tipo, que é um método utilizado para identificar padrões fenotípicos que permitem caracterizar o indivíduo dentro de um grupo racial, auxilia a seleção dos animais para características funcionais e produtivas. Este trabalho teve como objetivo estimar as herdabilidades (\hat{h}^2) das características funcionais de tipo, altura na cernelha (ALT), comprimento do corpo (COMPC), comprimento da garupa (COMPG), largura dorso-lombo (LDL) e altura de garupa (ALTG), incluindo a matriz de parentesco genômica ou não na análise, bem como obter as estimativas de correlações genéticas (\hat{r}_g) entre estas. Para este estudo foram utilizados 332 bubalinos da raça Murreh com 674 dados fenotípicos, e após a consistência dos dados, foram incluídos na análise 542 observações para as características descritas acima. Foi incluído como efeitos fixos no modelo a idade da vaca na avaliação por fase categórica e se o animal estava gestante ou não. As \hat{h}^2 obtidas utilizando somente a matriz de parentesco obtida por meio do pedigree foram 0.42, 0.29, 0.31, 0.07 e 0.41, respectivamente para as características ALT, COMPC, COMPG, LDL e ALTG. Com a inclusão da matriz de parentesco genômica as \hat{h}^2 para as mesmas características foram respectivamente, 0.44, 0.26, 0.30, 0.11 e 0.43. As \hat{h}^2 para as características ALT, ALTG, COMPC e COMPG, são consideradas moderadas, já a \hat{h}^2 para característica LDL é considerada de baixa magnitude. As \hat{r}_g entre as características ALT/COMPC, ALT/COMPG, ALT/ALTG, COMPC/COMPG, COMPC/ALTG e COMPG/ALTG foram positivas e de alta magnitude, sendo respectivamente 0.90, 0.75, 0.97, 0.76, 0.84, 0.52. Para as características COMPC/ALTG e LDL/ALTG, as \hat{r}_g foram positivas e de baixa magnitude, cujos valores foram respectivamente 0.005 e 0.17. Já para as características COMPG/LDL a \hat{r}_g encontrada foi alta e negativa de -0.61. Assim, podemos afirmar que as características ALT, ALTG, COMPC e COMPG por estarem relacionadas às características funcionais e produtivas, como distocia no parto, diâmetro do teto e produção de leite, podem ser incluídas nos programas de melhoramento genético de bubalinos, através de estudos com modelos bioeconômicos. A característica LDL apresentou \hat{h}^2 de 0.17, o que indica que a resposta a seleção será menor que a das demais. A \hat{r}_g entre as características indica que a resposta correlacionada será alta, com exceção (ALT/LDL, COMPC/LDL e LDL/ALTG), onde a seleção para uma delas terá influência grande na outra. As altas \hat{r}_g observadas entre algumas características, indicam que algumas destas podem ser incluídas como critério de seleção, podendo levar ganho genéticos nas outras, sem a necessidade de inclusão de todas essas características funcionais de tipo no índice de seleção.

Apoio: Capes, CNPq (152067/2016-7) e FAPESP (2014/25309-7)

Área de concentração: Melhoramento animal

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp, bolsista CNPq, galenawillb@gmail.com

² Pós-doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

³ Pós-doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

⁴ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

⁵ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

⁶ Professor Titular do Departamento de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

Estimativa do valor genético do *FecG^E* materno na prolificidade e peso de cordeiros ao nascimento na raça Santa Inês

Jonatan Mikhail Del Solar¹; Eduardo de Oliveira Melo²; Samuel Rezende Paiva³; Hymerson Costa Azevedo⁴

A estimativa do valor genético (EVG) é um parâmetro utilizado no melhoramento e deve ser acurado para atingir o ganho esperado e acelerar o progresso genético de características de interesse econômico. A biologia molecular seleciona indivíduos portadores de marcadores com tipo de ação e efeito conhecidos, as biotecnologias da reprodução multiplicam e propagam material genético de indivíduos com EVG conhecida e, a bioinformática estima o valor genômico de uma ou várias mutações, a exemplo do *FecG^E*, que marca o incremento da taxa de ovulação e prolificidade (P) sem influenciar negativamente o peso de cordeiros ao nascimento (PCN) na raça Santa Inês. Essas estratégias devem sofrer ajustes de acordo com os critérios de seleção, processo minucioso usado na EVG dos efeitos fixos e aleatórios e na diferença esperada na progênie (DEP). Este estudo objetivou estimar o valor genético de ovelhas Santa Inês portadoras da mutação *FecG^E* na prolificidade e peso de seus cordeiros ao nascimento. Foram utilizadas informações do pedigree e escrituração zootécnica, colhidas entre 1997 e 2015, de 471 ovelhas do Núcleo de Conservação in situ de Ovinos Santa Inês da Embrapa Tabuleiros Costeiros (Lat.10°36'09,4"Sul; Long.37°38'30,3"Oeste), distribuídas quanto ao genótipo *FecG^E*: selvagem - WW (n=288) e heterozigoto - EW (n=159) e homozigoto - EE (n=24) mutantes. Para quantificar a variação fenotípica do *FecG^E* sobre a P, foi usado o modelo linear geral misto (MLM) com o ano, mês, ordem de parto e, genótipo *FecG^E* materno como efeitos fixos e idade quadrática da ovelha como covariável. O MLM do PCN incluiu, além dos efeitos fixos e covariável da P, o tipo de parto, sexo e a duração de gestação da ovelha. A ovelha foi considerada efeito aleatório em ambos MLM, sendo utilizado o nível de 95% de confiança. Para estimar a EVG foram utilizados os componentes de variância obtidos pelo modelo animal bi característica e REML do software V.C.E. A P foi influenciada ($p < 0,05$) por todos os efeitos fixos e covariável e, a PCN, pelo sexo, mês, tipo e ordem de parto, *FecG^E* materno e idade. Foi constatada uma alta correlação fenotípica negativa ($-0,55$; $p < 0,01$) e uma correlação genética quase nula ($0,03 \pm 0,09$) entre P e PCN, o que demonstram uma notória interferência ambiental sobre as características e, provavelmente, uma falta de ligação entre o *FecG^E* e os genes que controlam o PCN, reforçando o seu papel principal na reprodução. A σ_M^2 foi de $0,09 \pm 0,01$ e $0,14 \pm 0,60$, e a h_M^2 de $0,25 \pm 0,01$ e $0,18 \pm 0,21$ para P e PCN, respectivamente, o que confirma a ação aditiva positiva do *FecG^E* sobre a P no rebanho analisado. A DEP do *FecG^E* na P foi de $+0,98$ cordeiros e no PCN de $+0,18$ Kg estabelecendo a mutação como critério de seleção e marcador de características peri natais. Conclui-se que o valor genético do *FecG^E* materno na prolificidade e no peso de cordeiros ao nascimento é positivo, o que valida a mutação como ferramenta de incremento da produção e produtividade de ovinos Santa Inês.

Apoio: FAPESB, CAPES e EMBRAPA.

Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Doutorando do curso de Pós-graduação em Zootecnia, UFBA/Salvador - BA, bolsista CAPES, jonatan.velarde@ufba.br

² Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia / Brasília – DF

³ Pesquisador da Secretaria de Relações Internacionais da EMBRAPA / Brasília – DF

⁴ Pesquisador da Embrapa Tabuleiros Costeiros / Aracaju - SE

Estimativas de parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte via inferência bayesiana

Hugo Teixeira Silva¹; Giovani da Costa Caetano²; Delvan Alves da Silva²; José Teodoro de Paiva³; Hinayah Rojas de Oliveira²; Otávio Henrique G. B. D. de Siqueira³

A criação de codornas de corte no Brasil vem crescendo ao longo dos anos, no entanto, este avanço vem encontrando barreiras devido a carência por programas de melhoramento genético e a consequente falta de material genético especializado. Em virtude destas limitações, é fundamental o acompanhamento e a avaliação das populações existentes, gerando informações para a elaboração de estratégias no desenvolvimento de programas de melhoramento. Assim, objetivou-se com este trabalho, estimar parâmetros genéticos para peso corporal de codornas de corte em diferentes idades, via inferência bayesiana. Foram utilizados dados de peso corporal coletados no 1º (P1), 7º (P7), 14º (P14) e 21º (P21) dia de vida de 1.923 codornas de corte (*Coturnix coturnix*) da linhagem UFV2 pertencentes ao Programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa, sendo considerado um total de 2.400 animais na matriz de parentesco. As análises foram realizadas a partir de um modelo bayesiano multivariados, considerando os efeitos sistemáticos de geração, eclosão e sexo, além do efeito aleatório de animal. Foram consideradas prioris não informativas para todos parâmetros. As estimativas dos componentes de (co)variância e correlações genéticas foram obtidas por meio do software GIBBS2F90, sendo geradas 500.000 amostras, descartadas as primeiras 50.000 e armazenadas a cada 10 ciclos, totalizando 45.000 amostras para realização das inferências *a posteriori*. As convergências foram avaliadas por análises gráficas e pelo teste de Geweke, utilizando o software POSTGIBBSF90. As estimativas *a posteriori* das herdabilidades para P1, P7, P14 e P21 foram de 0,63, 0,36, 0,39, e 0,37, respectivamente, correspondendo a valores de média a alta magnitude. Além disso, percebeu-se um comportamento decrescentes das estimativas de herdabilidade com o aumento da idade dos animais, corroborando com outros trabalhos, que encontraram comportamento semelhante. As estimativas *a posteriori* para as correlações genéticas foram de 0,42 (P1 - P7), 0,42 (P1 - P14), 0,41 (P1 - P21), 0,96 ((P7 - P14), 0,89 (P7 - P21), 0,93 (P14 - P21). As maiores estimativas entre P7 e P14 e entre P7 e P21, indicam uma alta associação genética entre estas características, assim, é esperado que a seleção no 7º dia de idade também proporcione ganhos em idades posteriores, representando economia de tempo no processo seletivo dos animais e redução de custos com manejo e alimentação dos animais não selecionados. Com a alta estimativa de herdabilidade para P7, associada às correlações de alta magnitude com idades mais avançadas (14º e 21º dia de vida), é sugerido a utilização do peso corporal ao 7º dia de vida como critério de seleção para codornas de corte da linhagem UFV2.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento Animal.

¹ Doutorando do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, hugozoot@yahoo.com.br

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

³ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

Estudo de associação genômica ampla utilizando haplótipos para características produtivas em bovino Nelore

André Vieira do Nascimento¹; Yuri Tani Utsunomiya²; Adam Taiti Harth Utsunomiya³; Ândrea Renata da Silva Romero⁴; José Fernando Garcia⁵; Alexeia Barufatti Grisolia⁶

A utilização de informações de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) em GWAS (*Genome Wide Association Study*) possibilita o estudo de características complexas, como é o caso de fenótipos produtivos, sendo possível detectar diferentes regiões genômicas relacionadas ao fenótipo de interesse devido ao uso de alta densidade de marcadores. A utilização de informação genômica para identificação de genótipos superiores pode contribuir no aumento da produtividade. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi mapear alelos haplotípicos associados a características de peso mensuradas em diferentes idades e investigar genes e loci de características quantitativas (QTLs) próximos às regiões mais significativas. Foram utilizadas 522 fêmeas da raça Nelore, nascidas entre os anos de 2010 e 2011, genotipadas em painel Illumina BovineSNP50 v2. Foram avaliadas as características de peso ao nascimento (PN), peso a desmama (PD) e peso ao sobreano (PS) destes animais. Os genótipos foram imputados para Illumina BovineHD com o software *FImpute* v.2.2, utilizando algoritmo de base populacional e referência de 2273 animais Nelore. A análise de desequilíbrio de ligação entre marcadores foi realizada utilizando bloco de 5 marcadores com janelas deslizantes a cada um SNP no software *Plink* v.1.9. Para inferência de fase dos genótipos, foi utilizado o software *SHAPEIT* v. 2.r837. Os blocos haplotípicos foram construídos com pacote *GHap* v.1.2.1 do *R*. A análise de associação baseou-se em modelo linear misto utilizando o programa *GCTA* v.1.24.4. Anotações de genes (*BioMart* v.85) e QTLs (*Cattle QTLdb* v.29) nas regiões genômicas próximas aos haplótipos mais significativos foram investigadas. Para as diferentes características de peso foram encontrados 160 genes, sendo 74 para PN, 48 para PD e 38 para PS. Entre os genes, se destacam: *SEPT9*, *IKZF2*, *FKBP10* e *CNP* por estarem associados com redução de massa muscular, defeito no desenvolvimento ósseo, baixa estatura, absorção intestinal e transporte de eletrólitos. Também foram encontrados genes com influência na diferenciação e manutenção do tecido adiposo, metabolismo de gordura e homeostase da glicose. Desta forma, alguns dos genes encontrados podem interferir no desenvolvimento e ganho de peso do animal. Foram identificados 261 QTLs próximos às regiões mais significativas, dentre eles, alguns relacionados às características de peso corporal ao nascimento, desmama e sobreano e ganho de peso, reforçando os resultados dos genes encontrados no GWAS.

Apoio: UFGD, FUNDECT e CAPES.

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal-SP, bolsista CAPES, andrevn16@gmail.com;

² Doutorando do curso de Medicina Veterinária, UNESP/Jaboticabal-SP, bolsista FAPESP;

³ Pós-doutorando na Faculdade de Medicina Veterinária de Araçatuba, UNESP/Araçatuba-SP;

⁴ Mestranda do curso de Biologia Geral/Bioprospecção, UFGD/Dourados-MS, bolsista CAPES;

⁵ Professor Adjunto da Faculdade de Medicina Veterinária, UNESP/Araçatuba-SP;

⁶ Professora Adjunta da Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais, UFGD/Dourados-MS.

Estudo de efeitos ambientais sobre características lineares de tipo em bubalinos da raça murreh

Jessica Lorena Gonzales Guzman¹; Naudin Alejandro Hurtado- Lugo²; Daniel Jordan Abreu dos Santos²; Willian Bruno Fernandes de Andrade⁴; Diercles Francisco Cardoso⁴; Humberto Tonhati⁵

Entende-se como classificação linear a metodologia utilizada nas avaliações visuais ou de tipo com finalidade de identificar padrões fenotípicos que permitem caracterizar um indivíduo dentro de um determinado grupo racial, facilitando o processo de seleção de animais para características produtivas e funcionais. Neste sentido, existe a necessidade de realizar estudos sobre características de tipo e a influência dos efeitos ambientais sobre as mesmas. Este trabalho teve por objetivo identificar e quantificar os fatores ambientais que tem influência nestas características de tipo. Neste estudo foram utilizadas as características ALTC (altura na cernelha), COMPC (comprimento do corpo), COMPG (comprimento da garupa), LDL (largura dorso lombo) e ALTG (altura na garupa). Para este estudo foram utilizados 322 bubalinos de raça murreh com 674 dados fenotípicos onde após a consistência dos dados, foram encluídos na análises 542 observações, o modelo utilizado para as características lineares incluiu como efeitos fixos: idade da vaca na avaliação por fase categorica e se o animal estava gestante o não. Foi utilizado o método dos quadrados mínimos, para a análises de variância, foi utilizando o procedimento *PROC GLM* do pacote estatístico SAS. Os resultados mostram que efeito de idade da vaca por fase categórica teve influência sobre todas as características avaliadas (ALTC, COMPC, COMPG, LDL e ALTG) $p < 0.01$, já o efeito de gestação foi significativo para as características (ALTC, COMPC, COMPG e LDL), mostrando que estas características são influenciadas pelos efeitos de ambiente. Deste modo, conclui-se que os efeitos de ambiente tem influência relevante sobre as características tipo, mostrando que estes tem efeito significativo sobre estas características avaliadas, indicando a necessidade de um ajuste previo para cada um dos efeitos de ambiente. Deste modo, pode-se obter parâmetros que poderão servir de referência para a implementação de avaliação genética e seleção de características de tipo em rebanhos bubalinos.

Apoio: Capes, CNPq(152067/2016-7) e Fapesp (2014/25309-7)

Área de concentração: Melhoramento de animais

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp, bolsista CNPq, jeslore2303@gmail.com

² Pós-doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

⁴ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

⁵ Professor Titular do Departamento de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

Estudo dos polimorfismos do gene *tlr4* e suas associações com porcentagem de proteína em búfalas leiteiras

Valentina Roldan Montes¹; Alejandro Hurtado- Lugo²; Diercles Francisco Cardoso³; Ana Cristina Herrera⁴; Humberto Tonhati⁵.

Nas últimas décadas, a produção de leite por lactação em búfalos no Brasil aumentou significativamente, a composição físico-química do leite de búfala permite obter sub-produtos lácteos com qualidade excepcional devido aos altos teores de proteína, gordura e minerais. Os toll-like receptors (TLR) são uma família de moléculas da superfície celular de sinalização que desempenham um papel fundamental de resposta no sistema imunológico para reconhecer estes agentes patogênicos que se ligam. Considerando a importância econômica que tem a produção de leite de búfalo e seus constituintes, o presente estudo foi realizado para sequenciar o gene *TLR4* e identificar SNPs e sua associação com porcentagem de proteína em búfalas leiteiras. No presente estudo foram usadas búfalas da raça Murrah pertencentes à Fazenda Tapuio, na cidade de Taipú – RN, foram coletadas amostras de pelo da vassoura da cauda de 160 búfalas da raça Murrah. As amostras foram colocadas em envelopes, identificadas e armazenadas a 4°C até a extração de DNA. Após esses procedimentos os produtos de PCR foram submetidos à purificação e foram sequenciados a partir de ambos iniciadores (direto e reverso) por meio da técnica de terminação de cadeia por dideoxinucleotídeos (ddNTPs). Foram estimadas as frequências alélicas para as variantes do gene *TLR4*, Hardy-Weinberg, e Análises de associação entre os polimorfismos e porcentagem de proteína (%P). Foram identificados dez polimorfismos do tipo SNP para a região sequenciada do éxon 3 do gene *TLR4* (g8338>A/C, g8341>A/G, g8342>T/G, g8343>G/A, g8345>A/G, g8413>A/G, g8428>G/A, g8438>A/C, g8578>G/T, g8582>A/C) sendo que todos encontram-se em região codificante. A maioria das frequências alélicas possuem valores maiores que 0,10 o que é favorável à realização das análises de associação, já que estas não serão prejudicadas pela discrepância acentuada da distribuição das frequências. Associação da característica de %P foi testada pelo teste de Bonferroni. O polimorfismo g8438>A/C apresentou associação significativa com %P, ao nível de 5%. O genótipo AA (4,38%) foi o que apresentou maior meia para essa característica, seguido pelos genótipos CA (4,22%) e CC (4,19%) respectivamente. (Meredith et. al.) em 2012 usando um modelo de regressão, reportou associação significativa com porcentagem de proteína de 204 SNPs em regiões QTL de diferentes cromossomas, onde a associação mais significativa foi reportada no cromossoma 8 com valor de ($q = 9.94 \times 10^{-4}$). Sugere-se que os Snp do éxon de 3 do gene *TLR4* podem ser utilizados como marcadores moleculares para características de importância econômica em búfalos, já que foram verificadas suas associações com porcentagem de proteína.

Apoio: Capes, CNPq (152067/2016-7) e Fapesp (2014/25309-7)

Área de concentração: Melhoramento animal

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp, bolsista Capes, valentiniya@hotmail.com

² Pós-doutorando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

³ Doutorandos do curso de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

⁴ Professor Titular do Departamento de Genética e Melhoramento Animal, Fcav/Jaboticabal-Sp.

Estudos de imputação utilizando painéis de alta densidade combinados para bovinos Nelore

Priscila Arrigucci Bernardes¹; Marcos Eli Buzanskas²; Luciana Correia de Almeida Regitano³; Luiz Lehmann Coutinho⁴; Ricardo Vieira Ventura⁵; Danísio Prado Munari⁶

A imputação é amplamente estudada para determinar marcadores não genotipados com a finalidade de reduzir custos da aplicação de seleção genômica. Esta também pode combinar dados de diferentes painéis, fornecendo maior densidade de SNPs com alto desequilíbrio de ligação (DL), conseqüentemente contribuindo para melhor identificação dos blocos de haplótipos e maior acurácia nos resultados de metodologias que explorem o DL. Atualmente, há dois painéis de alta densidade disponíveis comercialmente para bovinos: o BovineHD BeadChip (Illumina) e o Axion Genome-Wide BOS 1 Array Plate (Affymetrix), nos quais os SNPs componentes foram selecionados por diferentes critérios. Dessa maneira, o objetivo deste trabalho foi realizar estudos de imputação utilizando painéis de alta densidade (Illumina e Affymetrix) em uma população de bovinos da raça Nelore. Dados de 814 animais da raça Nelore foram genotipados em Illumina, sendo que destes, 93 animais (23 touros e 70 progênes) também foram genotipados com o painel Affymetrix. O controle de qualidade foi feito excluindo SNPs localizados em regiões não autossômicas, com posições desconhecidas, com desvios significativos ($p < 0,00001$) do equilíbrio de Hardy-Weinberg, com taxa de leitura (*call rate*) menor que 0,98 e animais que apresentaram *call rate* menor que 0,90. Após o controle de qualidade restaram 809 animais com 509.107 SNPs para o painel da Illumina e 93 animais com 427.875 SNPs para o painel da Affymetrix, em que destes, 56.646 SNPs eram comuns para ambos os painéis. Para imputação, formou-se um superpainel contendo 880.336 SNPs para os 23 touros, os quais foram inseridos na população referência e os demais animais genotipados com o painel Illumina (786 progênes) foram inseridos na população a ser imputada, sendo omitidos os SNPs que estavam apenas no painel Affymetrix de 70 progênes. A imputação foi realizada utilizando o programa FImpute v.2.2b. A acurácia de imputação foi verificada apenas para os animais que foram genotipados com o painel da Affymetrix (70 progênes), calculando a taxa de concordância (TC) por meio da proporção dos genótipos imputados corretamente e calculando o R^2 alélico, o qual pode ser prejudicado com o pequeno número de animais utilizados para o cálculo, no entanto, devido à estrutura populacional destes dados, pode ser considerado para este estudo. A TC foi de 84,11% e o R^2 foi igual a 0,84. A acurácia de imputação pode ser influenciada por diversos fatores, como tamanho da população referência, relação entre a população referência e população de imputação e densidade dos painéis. A alta densidade dos painéis utilizados para imputação e o elevado relacionamento entre os animais da população referência (touros) e a população imputação (progênes) determinou um valor satisfatório de acurácia. Portanto, a imputação foi eficiente para a obtenção de painéis com densidade maior do que a oferecida comercialmente, o que pode ser importante para melhores resultados em estudos genômicos.

Apoio: FAPESP (processos 2015/25096-6 e 2012/23638-8) e EMBRAPA
Área de concentração: Melhoramento animal

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal, bolsista FAPESP, p.arrigucci@yahoo.com.br

² Pós-doutorando do Departamento de Ciências Exatas, UNESP/Jaboticabal, SP, Brasil, bolsista CAPES/EMBRAPA

³ Pesquisadora da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, bolsista PQ CNPq

⁴ Professor Titular da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP/Piracicaba, SP, Brasil

⁵ Pesquisador da BIO, Elora, ON, Canadá

⁶ Professor Adjunto do Departamento de Ciências Exatas, UNESP/Jaboticabal, SP, Brasil

Evaluation of cDNA synthesis efficiency through reverse transcription from mammary gland tissues of lactating sows

Débora Muratori Holanda¹; Camila Schultz Marcolla²; Alessandra Alves da Silva³; Soraia Viana Ferreira⁴; Simone Eliza Facioni Guimarães⁵; Alysson Saraiva⁶

The mRNA extracted from cells can be converted to cDNA by reverse transcription, enabling gene expression through real time quantification (qRT). The optimization of polymerase chain reaction (PCR) -based cDNA synthesis and amplification is a strategy which provides better quantitative analysis of transcripts assays through qRT-PCR methods. The objective of this study was to evaluate the efficiency of reverse transcription methodology for cDNA synthesis considering RNA concentration and quality from mammary gland tissues of lactating sows. Sixteen samples of RNA were used to yield cDNA by reverse transcription. The parameters of RNA samples were assessed in NanoVue Plus (GE Healthcare Life Sciences®) and used for preparing the solution to cDNA synthesis. The solutions were ordered and divided between two groups according to RNA concentration. Group 1 had the highest RNA concentrations, the mean values and standard deviations for the RNA concentrations and the A260/A280 and A260/A230 ratios were $1,136.78 \pm 33.35$ ng/ μ L, 0.54 ± 0.03 and 0.58 ± 0.03 , respectively. Group 2 had the lower RNA concentrations, the mean values of the RNA concentrations and the A260/A280 and A260/A230 ratios respectively were $1,012.01 \pm 63.6$ ng/ μ L, 0.6 ± 0.08 and 0.61 ± 0.07 . cDNA synthesis was performed with a thermocycler (Applied Biosystems Veriti® 96-Well Thermal Cycler) using the Goscript Reverse Transcription System (Promega®) kit and following the protocol recommended by the kit manufacturer. The cDNA solution obtained was analyzed in NanoVue Plus (GE Healthcare Life Sciences®), resulting in mean values and standard deviations for the cDNA concentrations and the A260/A280 and A260/A230 ratios of 848.31 ± 8.64 ng/ μ L, 1.59 ± 0.02 and 1.79 ± 0.03 , respectively for group 1. For the second group, the cDNA concentrations and the A260/A280 and A260/A230 ratios were 971.85 ± 220.68 ng/ μ L, 1.6 ± 0.01 and 1.78 ± 0.02 , respectively. Even though group 2 had lower initial RNA concentrations, its slightly better values for A260/A280 and A260/A230 ratios resulted in higher cDNA concentrations than group 1 and similar ratios of A260/A280 and A260/A23 as group 1. In conclusion, these outcomes support that not only the RNA concentration, but also the A260/A280 and A260/A230 ratios influence the concentration and quality of the cDNA solution obtained after reverse transcription, enabling samples to be analysed by qRT-PCR.

Área de concentração: Melhoria animal.

¹ MSc. Student in Animal Science, UFV/Viçosa - MG (CNPq), debora.holanda@ufv.br

² MSc. Student in Animal Science, UFV/Viçosa - MG (CNPq)

³ PhD. Student in Animal Science, UFV/Viçosa - MG (CNPq)

⁴ MSc. in Animal Science Department, UFV/Viçosa - MG

⁵ Associate Professor of the Animal Science Department, UFV/Viçosa - MG

⁶ Adjunct Professor of the Animal Science Department, UFV/Viçosa - MG

Expressão gênica da cadeia pesada da miosina (MYH) de grupos de animais Nelore com características contrastantes de maciez

Cruz Elena Enríquez-Valencia¹; Jessica Moraes Malheiros²; Luiz Eduardo Cruz dos Santos Correia³; Maeli Dal Pai Silva⁴; Henrique Nunes de Oliveira⁵; Luis Artur Loyola Chardulo⁶

Dentre as proteínas miofibrilares do músculo, a cadeia pesada da miosina (MyHC) é considerada uma das mais abundantes compreendendo aproximadamente 35 % do “pool” de proteínas. A MyHC é conhecida como a proteína motor molecular, capaz de converter energia química em energia mecânica por meio de alterações estruturais. Cada gene (MYH) da família da miosina codifica para uma isoforma específica. No músculo esquelético de bovinos adultos, tem-se encontrado principalmente as isoformas MyHC-I, IIa, e IIx codificadas pelos genes MYH7, MYH2 e MYH1, respectivamente. Deste modo, a característica de composição das fibras musculares é de importância no estudo de qualidade da carne, principalmente na maciez. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a expressão gênica dos genes da cadeia pesada da miosina (MYH) de grupos de animais Nelore com características contrastantes de maciez. Foi utilizada uma população de 90 animais contemporâneos, machos inteiros da raça Nelore provenientes de uma única fazenda de sistema de pastejo contínuo (peso médio 390 ± 37 kg, idade média 24 meses) e terminados em confinamento por um período de 95 dias. Os animais foram abatidos com peso vivo e idade média de 550 kg e 27 meses, respectivamente. No momento de preparação das carcaças para o resfriamento foram colhidas amostras do músculo *Longissimos thoracis* (LT) para os ensaios de expressão dos genes MYH7, MYH2 e MYH1. Após a colheita das amostras para os ensaios de expressão gênica, as carcaças foram resfriadas por 24 horas. Em seguida foram colhidas amostras do músculo *Longissimus thoracis* (LT) de aproximadamente 2,54 cm de espessura entre a 12^a e 13^a costelas da meia carcaça esquerda de cada animal para a realização de força de cisalhamento (FC). Foram selecionados 24 indivíduos divididos em dois grupos experimentais contrastantes (12 animais/grupo). O grupo de animais de carne macia (M) incluiu valores de FC entre 2,33 e 4,38 kg e o grupo de carne dura (D) incluiu valores de FC entre 6,30 e 9,93 kg. A expressão gênica foi avaliada por reação em cadeia da polimerase em Tempo Real após transcrição reversa (RT-qPCR). O valor meio da FC do grupo M correspondeu a $3,88 \pm 0,57$ e do grupo D a $7,95 \pm 1,04$. A expressão dos genes MYH7, MYH2 e MYH1 não foi significativamente diferente ($P > 0,05$) entre animais de carne macia e animais de carne dura. Conclui-se que na raça Nelore, a expressão dos genes da cadeia pesada da miosina no músculo LT não é diferente entre animais contrastantes para maciez.

Apoio: Capes e Fapesp

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Professora do Departamento de Ciências Pecuárias, Universidad Francisco de Paula Santander (UFPSO), Ocaña/Colombia, Grupo de Pesquisa GI@DS.

² Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento Animal, Unesp/Jaboticabal - SP, bolsista Capes, jessicamalheiros@yahoo.com.br

³ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento Animal, Unesp/Jaboticabal - SP, bolsista Capes,

⁴ Professora do Departamento de Morfologia, Unesp/Botucatu – SP

⁵ Professor do Departamento de Zootecnia, Unesp/Jaboticabal – SP

⁶ Professor do Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, Unesp/Botucatu – SP

Modelos de regressão aleatória para *stayability* em partos consecutivos na raça Nelore

Diogo Osmar Silva¹, Mário Luiz Santana Júnior², Denise Rocha Ayres², Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes³, Luiz Otavio Campos da Silva³, Rodrigo Junqueira Pereira²

Vacas que permanecem produzindo por mais tempo no rebanho permitem o incremento da produtividade do mesmo por meio do decréscimo na necessidade e custo de reposição de fêmeas e maior quantidade de bezerros para a venda. A característica *stayability* (STAY) mede a habilidade de permanência da vaca no rebanho. Este estudo foi realizado com a finalidade de comparar diferentes modelos lineares de regressão aleatória para o ajuste da STAY em partos consecutivos de vacas da raça Nelore. Foram utilizadas informações provenientes do Arquivo Zootécnico Nacional de Gado de Corte, gerenciado pela Embrapa Gado de Corte. A característica estudada foi a STAY em partos consecutivos, dado que a vaca pariu pela primeira vez até os 60 meses de idade. Os fenótipos foram gerados observando se a fêmea teve oportunidade de permanecer no rebanho até determinado parto, sendo que cada vaca poderia ter até sete observações repetidas (permanência ou não do segundo ao oitavo parto). Estabeleceu-se o valor fenotípico 1 (sucesso) para fêmeas que tiveram o respectivo parto e 0 (fracasso) para aquelas que tiveram a oportunidade e, no entanto, não pariram. Após as consistências, utilizaram-se 897.750 registros de STAY em partos consecutivos de 153.709 vacas da raça Nelore. As análises foram realizadas por Inferência Bayesiana. Foram comparados modelos cujos efeitos aleatórios de grupo contemporâneo, genético-aditivo e de ambiente permanente foram modelados por polinômios ortogonais de Legendre com ordens variando entre 1 e 4. Foi considerada uma estrutura de variâncias residuais heterogênea, sendo uma variância para cada parto. As médias para STAY foram 66%, 45%, 30%, 19%, 12%, 7% e 4%, para o segundo, terceiro, quarto, quinto, sexto, sétimo e oitavo parto, respectivamente. Os valores de correlação entre os fenótipos preditos com o respectivo modelo e os fenótipos observados e média dos valores absolutos dos resíduos melhoraram com o incremento da ordem dos polinômios. No entanto, o modelo que apresentava quatro coeficientes de regressão (cúbico) para cada efeito aleatório mostrou-se o mais adequado de acordo com o Critério de Informação da Deviance. Para este modelo, as herdabilidades foram baixas, variando entre 0,03 e 0,08, apresentando um comportamento linear crescente conforme o aumento do número do parto. As correlações genético-aditivas para STAY entre o segundo e os demais partos variaram entre 0,58 e 0,94, sendo decrescentes conforme o distanciamento entre os partos. A metodologia de regressão aleatória pode ser utilizada para o ajuste e avaliação genética da STAY em partos consecutivos para a raça Nelore, sendo o modelo que utiliza polinômios ortogonais de Legendre cúbicos para cada efeito aleatório o mais adequado.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento animal.

¹ Estudante de graduação em Zootecnia, UFMT/Rondonópolis - MT, bolsista CNPq, diogoosmarsilva@gmail.com;

² Professor do Curso de Zootecnia, UFMT/Rondonópolis – MT;

³ Pesquisador da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande – MS.

Melhoramento de Plantas

Adaptabilidade e estabilidade de arroz irrigado em Minas Gerais utilizando controlador fuzzy

Antônio Carlos da Silva Júnior¹; Vinícius Quintão Carneiro²; Renato Domiciano Silva Rosado³; Daiana Salles Pontes⁴; Plínio César Soares⁵; Cosme Damião Cruz⁶

O estudo sobre a interação genótipo por ambiente, apesar de ser de grande importância, não proporcionam informações pormenorizadas sobre o comportamento de genótipo frente às variações ambientais. Assim, além de estudos desta natureza, trabalhos de adaptabilidade e estabilidade permitem obter informações detalhadas do comportamento dos genótipos, auxiliando desta forma na recomendação de cultivares. Tendo em vista a importância desses estudos, diversas metodologias de adaptabilidade e estabilidade estão propostas na literatura. No entanto, muitas delas possuem interpretações complexas, principalmente aquelas que utilizam grande quantidade de parâmetros. Assim, as análises baseadas em inteligência computacional podem auxiliar na interpretação dessas análises. O objetivo desse trabalho foi avaliar o comportamento de genótipos de arroz em diferentes ambientes utilizando um controlador fuzzy híbrido de duas metodologias de adaptabilidade e estabilidade. Foram avaliadas 21 linhagens elite de arroz do programa de melhoramento de arroz da Epamig quanto à produtividade de grãos (Kg/ha) nas localidades de Lambari, Leopoldina e Nova Porteirinha, nos anos agrícolas 2012/2013, 2013/2014 e 2014/2015. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com três repetições. Foram realizadas análises de variância conjunta dos dados e de adaptabilidade e estabilidade com o auxílio do *software* GENES e *MATLAB*. O controlador fuzzy híbrido utilizado é baseado na associação dos parâmetros relativos ao coeficiente de regressão (β_1) e coeficiente de determinação (R^2) do método de Eberhart e Russell (1966) com as medidas de P_i (desfavorável e favorável) do método modificado de Lin e Binns. A associação desses parâmetros por meio das regras fuzzy fornece como saída valores de pertinência, utilizados para classificar os genótipos em adaptabilidade geral ou específica. Foi definido o limiar de 80% para R^2 , e 50% para os P_i 's para identificar o comportamento dos genótipos. A análise de variância conjunta indicou que houve interação genótipo x ambiente significativa, então foi realizada a análise de adaptabilidade e estabilidade pelos métodos de Eberhart e Russell e de Lin e Binns modificado. Os parâmetros ou medidas obtidos foram submetidos ao controlador *fuzzy híbrido*. Assim, os genótipos 3, 6, 9, 10, 15 e 18 foram classificados como de ampla adaptabilidade para produtividade de grãos. O genótipo 15 (CNAi 9091) foi o que apresentou maior pertinência entre os genótipos de ampla adaptabilidade, sendo que este genótipo tem sobressaído nos últimos 10 anos agrícolas. Para classificação de adaptabilidade desfavorável podemos destacar os genótipos 1, 19 e 20, enquanto que os demais genótipos foram classificados como pouco adaptado. Por considerar um maior número de parâmetros, o controlador fuzzy híbrido é uma alternativa interessante para tomar a decisão na recomendação de cultivares em um programa de melhoramento.

Apoio: Fapemig, CAPES e CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, antonio.c.junior@ufv.br

² Estudante de Doutorado – UFV/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista CAPES

³ Pós-Doutorado- UFV/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista CAPES

⁴ Estudante de Doutorado – UFV/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista FAPEMIG

⁵ Pesquisador – EPAMIG/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista BIPTD FAPEMIG

⁶ Professor Titular- Departamento de Biologia Geral- UFV/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista CNPq

Adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelo método

AMMI no Sudeste de Minas Gerais

*Sirlene Viana Faria¹; Mateus Cupertino Rodrigues²; Fabíola dos Santos Dias³;
Nathan Lamounier Lima⁴; Lauro José Moreira Guimarães⁵; Rodrigo Oliveira
DeLima⁶*

A interação genótipos x ambientes interfere na expressão de caracteres quantitativos e promove significativas diferenças no desempenho dos híbridos quando esses são cultivados em diferentes ambientes. O método AMMI (*Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis*) permite uma avaliação mais detalhada da interação genótipos x ambientes, pois possibilita o estudo da estabilidade fenotípica e do comportamento genotípico dos cultivares, além de permitir fazer inferência do grau de divergência entre os cultivares avaliados. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho pelo método AMMI no Sudeste de Minas Gerais. Para isso, vinte e nove híbridos comerciais de milho foram avaliados para produtividade de grãos em cinco locais do Sudeste de Minas Gerais. Utilizou-se o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m. Houve diferença significativa ($P < 0,01$) entre os híbridos, os locais e para interação híbridos x locais. A acurácia obtida na análise conjunta foi de 0,76, o que indica que houve boa precisão experimental. Os dois primeiros componentes principais explicaram 76,8% da variação devido a interação híbridos x locais. A maioria dos híbridos avaliados apresentou ampla adaptabilidade e boa estabilidade. Os híbridos SHS7920PRO, BM709PRO2, BRS1055, P3862H, AG7098PRO2, BM650PRO2, BG7049Hx, 2B710PW, BM820 e BM207 foram os mais estáveis e apresentaram ampla adaptabilidade. Os híbridos 20A55PW, BM915PRO e 30A16PW se sobressaíram nos ambientes superiores e são indicados para agricultores que adotam elevados padrões tecnológicos de manejo. Os híbridos DKB330PRO e AS1573PRO foram mais adaptados a ambientes desfavoráveis e são recomendados para regiões com o emprego de baixa tecnologia. Conclui-se que os híbridos SHS7920PRO, BM709PRO2, BRS1055, P3862H, AG7098PRO2, BM650PRO2 e BG7049Hx apresentam desempenhos satisfatórios nos vários ambientes de Minas Gerais com alta produtividade de grãos, ampla adaptabilidade e estabilidade.

Apoio: CAPES e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Bolsista CAPES, sirlene.faria@ufv.br

² Estudante de doutorado em Fitotecnia, UFV/Viçosa/MG/Brasil

³ Estudante de doutorado em Fitotecnia, UFV/ Viçosa/MG/Brasil

⁴ Estudante de graduação, UFV/ Viçosa/MG/Brasil

⁵ Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo/Sete Lagoas/MG/Brasil

⁶ Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa/MG/Brasil. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de sorgo biomassa no estado de Minas Gerais

João Igor Fraga Furtado¹; Rafael Augusto da Costa Parrella²; Gabriel Patrocínio Vasconcelos³; Ruane Alice da Silva⁴; Pedro César de Oliveira Ribeiro⁵; José Airton Rodrigues Nunes⁶

A grande demanda por energia no Brasil tornou necessária a busca por fontes alternativas, na tentativa de assegurar um mercado energético sustentável. Nesse contexto, o sorgo biomassa [*Sorghum bicolor* (L) Moench] apresenta-se como ótima opção para produção de biocombustíveis de segunda geração e para cogeração de energia. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi o estudo de adaptabilidade e estabilidade de 25 genótipos de sorgo biomassa em três ambientes, com base nos efeitos da interação genótipo x ambiente visando maior produção de energia. O experimento foi conduzido, no ano agrícola 2015/2016, nas duas unidades experimentais da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG e Nova Porteirinha-MG, e também na cidade de Lavras-MG em unidade experimental da UFLA. Foram avaliados 25 híbridos de sorgo, sendo 24 biomassas e um forrageiro (BRS655). As parcelas foram constituídas por duas fileiras de cinco metros, espaçadas em 0,7 m e ao atingir o ponto de maturação, iniciou-se a colheita das parcelas e a avaliação de produção de massa verde (PMV) com auxílio de balança digital. Em seguida, converteram-se os dados para toneladas por hectare (t/ha) e realizou-se análise de variância individual para cada ambiente e análise conjunta após aceitas as pressuposições. Posteriormente, foi realizado o estudo de adaptabilidade e estabilidade pelo método Annicchiarico. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Genes. Houve diferença significativa entre genótipos e ambientes para PMV, ou seja, os genótipos além de serem geneticamente distintos, variaram suas produções quando submetidos a diferentes condições ambientais. No entanto, a interação genótipos x ambientes não apresentou diferença significativa, revelando que os genótipos apresentaram comportamento coincidente nos ambientes avaliados. Os híbridos B002, B017, B018, B021, B023 e o BRS716 apresentaram-se no grupo de maior média nos diferentes ambientes. Além disso, estes genótipos apresentam média geral superior a 96 t ha⁻¹ e índice (Wi) maior que 112%. O híbrido de sorgo forrageiro apresentou menor potencial produtivo nos três ambientes. Diante dos resultados, foi possível identificar híbridos de sorgo biomassa que associam altos níveis de produção com alta estabilidade, sendo esses genótipos, promissores para produção de bioenergia no estado de Minas Gerais.

Apoio: Embrapa Milho e Sorgo

Área de concentração: Melhoramento de Plantas

¹Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista Embrapa, joaoigor.ff@hotmail.com

²Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG

³Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista FAPED

⁴Estudante de graduação, UFSJ-CSL/Sete lagoas-MG, Bolsista FAPEMIG

⁵Mestrando do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG

⁶ Professor da Universidade Federal de Lavras - UFLA, Lavras-MG

Adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz em Minas Gerais

Ivan de Paiva Barbosa¹; Antônio Carlos da Silva Júnior²; Renato Domiciano Silva Rosado³;
Vinícius Quintão Carneiro⁴; Plínio César Soares⁵ e Cosme Damião Cruz⁶

Minas Gerais é um dos maiores estados produtores de arroz do país. Assim, a EPAMIG em parceria com a Embrapa Arroz Feijão trabalham para desenvolver materiais adaptados visando atender à demanda do orizicultor mineiro. O objetivo desse estudo foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz irrigado no estado de Minas Gerais. Foram avaliadas dezesseis linhagens e cinco testemunhas de arroz irrigado quanto a produtividade de grãos (kg ha^{-1}) nos municípios de Nova Porteira, Lambari e Leopoldina nos anos agrícolas de 2012/2013 a 2014/2015. O delineamento experimental utilizado em todos os ensaios foi em blocos ao acaso, com três repetições, cujas parcelas foram constituídas de cinco fileiras de plantas de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,3 m entre si. Foram realizadas as análises conjunta dos experimentos e de adaptabilidade e estabilidade segundo o método do centróide utilizando o *software* GENES. Foi verificado o efeito significativo para a interação genótipos por ambientes, justificando a necessidade de realizar as análises de adaptabilidade e estabilidade. Observou-se que as linhagens CNAI 9091, BRA 031006 e MGI 0902-8 e a cultivar Predileta apresentaram os maiores valores médios de produtividade, com $4993,33 \text{ kg ha}^{-1}$, $4790,28 \text{ kg ha}^{-1}$, $4719,55 \text{ kg ha}^{-1}$ e $4744,44 \text{ kg ha}^{-1}$, respectivamente. Estas foram classificadas como de adaptabilidade geral. As Linhagens MGI 0607-1, BRA 01330, MGI 0717-18, MGI 0901-5, MGI 0901-5, BRA041099 e BRA 02708 e a cultivar Rio Grande foram classificadas como de adaptabilidade específica a ambientes favoráveis. As linhagens BRA 041230, BRA 041230 e BRA 02691 foram classificadas como de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. As demais linhagens e cultivares foram classificadas como pouco adaptáveis. A análise gráfica permitiu concluir que as linhagens e cultivares apresentam distribuição homogênea para produtividade e que os genótipos apresentam probabilidades semelhantes entre os quatro grupos (adaptabilidade geral, específica a ambientes favoráveis, a ambientes desfavoráveis e pouco adaptadas), sendo os indivíduos de um grupo em sua grande maioria, bem próximos dos indivíduos do outro grupo. As linhagens CNAI 9091 e BRA 02691, que foram classificadas como de ampla adaptabilidade, apresentaram médias superiores às médias da cultivar comercial Predileta, desta forma, podem ser recomendadas como possíveis cultivares para o estado de Minas Gerais.

Apoio: FAPEMIG, CAPES e CNPq
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, ivanbarbosa.agro@gmail.com

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

³ Pós-Doutorado - Genética e Melhoramento UFV/Viçosa-MG/Brasil., Bolsista CNPq

⁴ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁵ Pesquisador – EPAMIG/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista BIPTD FAPEMIG

⁶ Professor Titular- Departamento de Biologia Geral- UFV/Viçosa-MG/Brasil

Ajuste de modelos na análise de crescimento de famílias segregantes de macaúba (*Acrocomia aculeata*)

*Renato Domiciano Silva Rosado*¹; *Vinícius Quintão Carneiro*²; *Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira*³; *Tatiana Barbosa Rosado*⁴; *Bruno Galves Laviola*⁵; *Cosme Damião Cruz*⁶

A produção energética e o desafio de reduzir a poluição ambiental estimulam a inovação no mundo para desenvolvimento de produtos alternativos para produção de biocombustíveis. A macaúba, que ainda está sendo domesticada pode ser uma ótima opção. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desenvolvimento em altura e tamanho da copa na linha dessa cultura durante quatro anos e a possibilidade de seleção de progênies precoces. O experimento, implantado em 2011 na área experimental da Embrapa Cerrados, foi conduzido com 15 famílias de meios-irmãos. O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com cinco repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 5x5m. As características avaliadas nos anos 2012, 2013, 2014 e 2015 foram altura da planta e projeção da copa na linha. Foi realizada análise de variância dos dados para verificar a existência de variabilidade genética entre as progênies e estimar os parâmetros genéticos. Para análises de regressão polinomial, foi estabelecida uma relação funcional entre uma variável dependente (altura e copa) e outra independente (anos de mensuração das progênies). Neste caso, foi considerada que a influência da variável independente ocorreu em vários graus (linear, quadrático, cúbico) e por meio da análise de regressão foi selecionada a estimativa do parâmetro do modelo mais adequado de acordo com os testes de significância para estes parâmetros. Para avaliação da adequação do modelo foi utilizado o coeficiente de determinação (R^2). Após esse processo foi adotada uma regressão polinomial conjunta analisando para cada variável e para um grupo de progênies, permitindo a comparação entre eles. Para caráter de informação foram apresentados os dados médios do primeiro ano de produção (kg/cacho) para cada subconjunto de progênies. Observou-se variabilidade genética somente para a característica altura de plantas. A estimativa de herdabilidade para altura da planta considerando análise conjunta de quatro anos foi de 54,30%. O modelo de regressão linear foi o que melhor se ajustou aos dados, pois, contemplava o maior grau do polinômio significativo. Assim, por meio de teste de identidade de modelo, foi possível ajustar três modelos lineares para a característica altura de plantas. A primeira classe contemplou as progênies: 1, 2, 4, 6 e 7 com o ajuste de modelo: $\beta_0 = -2578$ e $\beta_1 = 1.28$ com $R^2 = 99.63\%$ com produção de 1.22 kg/cacho, a segunda as progênies: 5, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 e 15 com o ajuste de modelo: $\beta_0 = -1838$ e $\beta_1 = 0.91$ com $R^2 = 99.40\%$ com produção de 0.14 kg/cacho e a terceira a progênie 3 com ajuste de modelo $\beta_0 = -3138$ e $\beta_1 = 1.56$ com $R^2 = 99.69\%$ com 0.54 kg/cacho. Já para o caráter projeção da copa na linha foi obtida apenas uma classe para todas as progênies com ajuste de modelo $\beta_0 = -2223$ e $\beta_1 = 1.11$ com $R^2 = 98.92\%$. Progênies com crescimento anual em altura acima de 1.28 m iniciaram a produção de cachos em 2015 e, com as informações até então disponíveis, elas podem ser selecionadas como precoces.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Pos Doc em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista PDJ/CNPq, e-mail: renato.rosado@ufv.br

² Estudante de doutorado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Estudante de doutorado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Professor adjunto UNB/Brasília - DF, bolsista PQ/CNPq

⁵ Pesquisador Embrapa Agroenergia, Embrapa Agroenergia, Brasília/DF

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Análise de componentes principais em batata-doce (*Ipomoea batatas* L.)

Jadson dos Santos Teixeira¹; Jackson da Silva²; Paulo Vanderlei Ferreira³; Moisés Tiodoso da Silva⁴; Felipe dos Santos de Oliveira⁵; Douglas Ferreira dos Santos⁶

A batata-doce pertence à família Convolvulaceae, gênero *Ipomoea* e espécie *Ipomoea batatas* (L.) Lam. O Estado de Alagoas possui uma produtividade de 7,33 t.ha⁻¹, muito abaixo da produtividade nacional que é de 13,09 t.ha⁻¹. O principal motivo do Estado ter essa baixa produtividade é o fato de não possuir cultivares selecionadas para o cultivo na região. Para o melhoramento, é fundamental a seleção de genótipos mais produtivos, sendo para isso são levados em consideração vários caracteres, o que dificulta, encarece e torna a seleção mais demorada. Nesse sentido, a técnica de componentes principais surge como uma alternativa para eliminar as variáveis de menor variação. Diante do exposto, objetivou-se com a presente pesquisa realizar a análise de componentes principais em batata-doce. A pesquisa foi desenvolvida na Área Experimental do Setor de Melhoramento Genético de Plantas do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (SMGP/CECA/UFAL), localizado no Campus Delza Gitai, BR 104 Norte, km 85, Rio Largo – Alagoas, no ano de 2014. Sendo utilizados 44 genótipos de batata-doce, a colheita das plantas da área útil de cada clone de batata-doce foi efetuada aos 120 dias após o plantio das ramas. Os caracteres avaliados foram: Produção de Raízes Tuberosas Não Comerciais (PRTNC), em t.ha⁻¹, raízes tuberosas entre 40 e 80 g; Produção de Raízes Tuberosas Comerciais (PRTC), em t.ha⁻¹, raízes tuberosas com mais de 80 g; Produção Total de Raízes Tuberosas (PTRT), em t.ha⁻¹; Número Total de Raízes Tuberosas (NTRT), em u.ha⁻¹ e Peso Médio de Raízes Tuberosas Comerciais (PMRTC), em kg. Em seguida foi aplicado o método dos componentes principais, através da matriz de correlação com dados padronizados para cada variável. Pôde-se verificar que os dois primeiros componentes principais representaram 57,93 e 30,10 % da variância, respectivamente, tendo o somatório de 88,04 % da variação total. Isto demonstra que os dois caracteres acima mencionados discriminam satisfatoriamente os genótipos de batata-doce. As variáveis PTRT e PRTC foram às de maiores pesos nos primeiros autovalores, sendo essas variáveis consideradas de maiores importâncias. Na análise de componentes principais, a importância (variância) dos componentes principais decresce do primeiro para o último, assim os últimos componentes explicam parte muito pequena da variância total. Assim, podendo-se eliminar a variável de maior coeficiente no componente de menor autovalor, pois será a variável menos discriminante além de já estar correlacionada com outras variáveis. Descartou-se a variável de maior coeficiente em cada componente com autovalor menor que 0,70, associado maior valor absoluto do autovetor, sendo assim possível, em novas avaliações, eliminar as variáveis PRTC, PMRT e PRTNC. Concluindo que as variáveis PTRT e PRTC apresentaram juntas 88,04 % da variação total, podendo as demais serem descartadas em novas avaliações.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando em Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, jadsonteixeira@gmail.com

² Mestrando em Agronomia-Agricultura, FCA/UNESP/Botucatu – SP

³ Professor Titular Dr. do CECA/UFAL/Rio Largo – AL

⁴ Estudante de Graduação, UFAL/Rio Largo – AL

⁵ Mestrando em Agronomia-Agricultura, FCA/UNESP/Botucatu – SP

⁶ Estudante de Graduação, UFAL/Rio Largo – AL

Análise de correlação entre caracteres da fase vegetativa em *Cucurbita Moschata* Dush.

*Cleverson Freitas de Almeida*¹; *Ronaldo Silva Gomes*²; *Ronaldo Machado Júnior*³; *Yovani Cardenas de Aquino*⁴; *Michael Lopes Siqueira*⁵; *Derly José Henriques da Silva*⁶

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) apresenta uma grande importância sócio econômica, por fazer parte da alimentação básica de populações de diversas regiões do Brasil. Sua importância confirma-se ainda na geração de empregos diretos e indiretos, uma vez que demandam grande quantidade de mão de obra em todas as fases ou etapas do sistema de produção. Essa olerícola apresenta caule rastejante, sendo que as plantas possuem entrenós longos e ramos que podem atingir até 15 m, a partir da coroa das plantas, apresentando em geral um hábito de crescimento indeterminado. Este hábito de crescimento impossibilita um maior adensamento de plantio e prejudica certas práticas culturais durante seu cultivo. Alguns genótipos apresentam hábito tipo moita, os quais apresentam entrenós mais curtos, contudo sabe-se pouco sobre a relação entre os caracteres envolvidos na determinação dessa característica. Diante disso, este trabalho teve por objetivo analisar a correlação simples entre características vegetativas em *C. moschata* visando à seleção indireta para menor comprimento de rama. O experimento foi conduzido no Campo Experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade de Viçosa, “Horta Velha”. Primeiramente cruzou-se o acesso BGH 7319 (hábito indeterminado) e Tronco Verde (tipo moita), obtendo-se a geração F₁ que foi autofecundada para obtenção da F₂, foram avaliadas 71 plantas desta geração aos 30 dias após o transplântio. Os caracteres mensurados foram comprimento da rama (CR), comprimento do limbo (CL) e largura do limbo (LL), número, comprimento e diâmetro do entrenó (NE), (CE) e (DE) respectivamente, sendo as avaliações do CR, CL, LL executadas com régua graduada, as de CE e DE por paquímetro digital e NE por contagem. Foram feitas análises de correlação simples de Pearson (r) entre as variáveis citadas acima, sendo que as que apresentaram maiores correlações significativas a 5% de probabilidade pelo teste t com o (CR), foram comprimento do entrenó que apresentou r igual a 0.85, seguido do número de entrenós com valor de r de 0.83. Desta forma, estes caracteres podem ser utilizados em uma seleção indireta na busca de plantas com menor CR, uma vez que selecionando plantas com menores valores dessas variáveis espera-se comportamento similar para comprimento de rama. Conclui-se que estes caracteres podem ser usados como auxiliares na redução do comprimento da rama, conseqüentemente no aumento do adensamento de plantio e obtenção de maiores produtividades.

Apoio: CAPES e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, clever_\nfreitas02@yahoo.com.br

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

³ Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista FAPEMIG

⁴ Estudante de graduação em mobilidade acadêmica, UFV/Viçosa - MG,

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Análise de correlação entre caracteres em fase de plântula em *Cucurbita Moschata* Dush.

*Cleverson Freitas de Almeida*¹; *Ronaldo Machado Junior*²; *Ronaldo Silva Gomes*³; *Yovani Cardenas de Aquino*⁴; *Felipe Oliveira Dias*⁵; *Derly José Henriques da Silva*⁶

As abóboras (*Cucurbita moschata* Duch.) além de fazer parte da alimentação básica das populações de muitas regiões do Brasil e do mundo, também são usadas em diversas outras finalidades como industriais e medicinais, estas são plantas rasteiras, anuais que pertencem à família das Cucurbitáceas, uma característica marcante dessa cultura é seu hábito de crescimento, que é em geral indeterminado, onde as ramas podem atingir até 15m de comprimento o que dificulta certas práticas culturais, além de impedir altas densidades de plantio. Existem materiais genéticos que podem fornecer alelos para redução dessa rama, pois apresentam um porte dito tipo moita que propicia maior densidade de plantio e facilidade de cultivo, porém se conhece pouco sobre a relação entre os caracteres relacionados a esse hábito. Diante disso este trabalho teve por objetivo fazer uma análise de correlação simples entre variáveis da fase de plântula para futuramente verificar a possibilidade de associá-las às variáveis relacionadas ao hábito de crescimento. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, no Campo Experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade de Viçosa, “Horta Velha”. Foi feito primeiramente um cruzamento entre plantas tipo moita (Tronco Verde) e plantas tipo indeterminado (BGH 7319) obtido do banco de Germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, obtendo-se a geração F₁ que foi autofecundada para obtenção da F₂, foram avaliadas 229 plântulas dessa geração F₂ para determinar a correlação entre as variáveis dessa fase, para verificar a possibilidade de usá-las para uma seleção indireta em fases posteriores. As avaliações foram comprimento do cotilédone (CC), largura do cotilédone (LC), comprimento e diâmetro do hipocótilo, (CH) e (DH) respectivamente, as mensurações foram feitas com régua graduada para CC, LC e CH, e com paquímetro digital para DH, todas quando as plântulas apresentavam uma ou duas folhas definitivas. Foi feita uma análise de correlação simples de Pearson entre as variáveis. CC com LC e DH com CC apresentaram maiores valores de correlação significativos a 5% de probabilidade pelo teste t, iguais a 0.65 e 0.52, respectivamente. Alguns trabalhos mostram que DH apresenta uma alta associação de valor negativo com o comprimento entrenó, portanto com o comprimento da rama, uma vez que menor comprimento do entrenó espera-se menor comprimento de rama. Conclui-se que pode ser interessante tentar selecionar de forma indireta utilizando medições do cotilédone para tentar selecionar plântulas de menor DH, uma vez que são medições mais fáceis, com objetivo final de obter plantas de menor comprimento de entrenó, e menor comprimento de rama.

Apoio: CAPES e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, cleveson_freitas02@yahoo.com.br

² Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista FAPEMIG

³ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

⁴ Estudante de graduação em mobilidade acadêmica UFV/Viçosa

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa

⁶ Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Análise de médias de gerações para caracteres agrônômicos em tomate cereja

Mariane Gomes Francisco¹; Roberta Cristina Ribeiro Alencar²; Marilene Hilma dos Santos³; Marinete Bezerra Rodrigues⁴; Mauricio Ballesteiro Pereira⁵

O conhecimento dos efeitos gênicos determinantes na expressão de caracteres agrônômicos constitui uma das primeiras etapas em um programa de melhoramentos de plantas. Esses parâmetros auxiliarão o melhorista no entendimento do tipo de herança que controla os caracteres e na indicação do método adequado para obtenção de ganhos. O objetivo desse trabalho foi estudar o controle genético de caracteres de importância econômica no tomate cereja (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) por meio da análise de médias de gerações. Para tanto dois genótipos de tomate cereja: PAB (P₁) e ENAS1125 (P₂) foram cruzados e sua geração F₁ autofecundada a fim de obter a geração F₂. As sementes das gerações não segregantes (P₁, P₂ e F₁) e da segregante (F₂) foram semeadas em bandeja de isopor (128 células) contendo substrato próprio para a produção de mudas de hortaliças e transplantadas, após 30 dias, para a área experimental (Fitotecnia/IA/UFRRJ) em um delineamento de blocos casualizados com três repetições, 30 plantas das gerações não segregantes e 100 plantas da geração F₂. Os dados foram coletados para duas características: número total de frutos (NTFr) e peso total de frutos (PTFr), para tanto seis colheitas foram realizadas e as mensurações foram feitas logo após as colheitas. Posteriormente, os mesmos foram submetidos à análise de variância, teste de comparação de médias e ao teste de escala conjunto proposto por Mather e Jinks (1984). O teste F foi significativo a 5% de probabilidade para as duas características avaliadas e as médias dos parentais diferiram por meio do teste Tukey (5%). O modelo aditivo dominante utilizado foi suficiente para explicar as estimativas das médias, $\chi^2_{\text{Calc}} = 0.00019$, para o caráter PTFr, enquanto que para o NTFr essa adequação não foi observada, indicativo que as interações epistáticas interferem na expressão dessa característica e são pouco importante para a primeira. Os efeitos gênicos não aditivos foram mais expressivos ($d = 0.0967 \pm 0.0005$ e $a = -0.0441 \pm 0.0002$) para a PTFr. A presença de efeitos não aditivos indica que, para essa característica, a produção de cultivares híbridas de tomate cereja pode ser recomendada.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica – RJ

² Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica – RJ

³ Professora Adjunta do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica – RJ

⁴ Agrônoma e Mestre em Agricultura Orgânica

⁵ Professor Titular do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica – RJ

Análise de trilha de caracteres agronômicas de algodão (*Gossypium hirsutum* L.) em condições de semi árido

Ubieli Alves Araújo Vasconcelos¹; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti²; Francisco José Correia Farias²; Roseane Cavalcanti dos Santos²; Walmir Souza Vasconcelos³

O melhoramento genético da cultura do algodoeiro visa entre outras coisas, principalmente, o aumento da produtividade de grãos. A capacidade produtiva de uma planta de algodão é governada por inúmeros genes e interage com vários outros caracteres. Para buscar o aumento da capacidade produtiva em algodão por meio do melhoramento genético, é necessário o conhecimento sobre as relações de outros caracteres que a compõe, possibilitando assim, a identificação de caracteres que permitam realizar seleção indireta. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo estudar os efeitos diretos e indiretos dos componentes produtivos e vegetativos através de uma análise de trilha sobre a capacidade produtiva (PROD) da planta de algodão. Para a formação da cadeia, foram assumidos os componentes: Altura de planta (ALT), percentagem de fibra (%FIB) e peso de um capulho (PIC). O trabalho foi conduzido em ambiente semiárido, em Barbalha, CE, no ano de 2015 na Estação experimental da Embrapa Algodão, em regime de sequeiro com complementação hídrica. O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso, com 20 tratamentos e três repetições. A variável PIC apresentou o maior coeficiente de correlação linear (0,34) com a variável PROD, sendo esta uma relação de causa de efeito, já que foi encontrado alto efeito direto de PIC sobre PROD (0,41). A variável %FIB, apresentou valor de efeito direto negativo sobre variável PROD (-0,12). Já a variável ALT apresentou valor razoável de efeito direto sobre PROD (0,16). Em vista disto, conclui-se que a seleção de plantas de algodão com alto peso de capulho, favorece a seleção de plantas com boa capacidade produtiva. Assim, as variáveis ALT e PIC podem ser utilizadas simultaneamente na seleção indireta permitindo a aplicação de maiores intensidades de seleção ou de acordo com a facilidade da obtenção de suas medidas.

Apoio: Embrapa Algodão, UEPB e Capes

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, ubieli_araujo@hotmail.com

² Pesquisador da CNPA Embrapa Algodão/ Campina Grande – PB

³ Instrutor SENAI/ Sousa - PB

Análise genética da performance de híbridos experimentais de milho da UFV em Viçosa, MG, na safra 2015/16

Tatiane Freitas Horta Trindade¹; Wemerson Medonça Rezende¹; Mateus André Massensini¹; Fabíola dos Santos Dias²; Lívia Gomes Torres³; Rodrigo Oliveira DeLima⁴

O Brasil é terceiro maior produtor mundial de milho e o segundo maior exportador. Na safra 2015/16, estima-se que foram produzidos 76,2 milhões de toneladas de grãos de milho em uma área de 15,8 milhões de ha. Assim, para atender as necessidades do agricultor, todos os anos novos híbridos de milho são lançados pelas empresas de sementes. É uma etapa muito importante que precede o lançamento de um híbrido é a avaliação dos híbridos experimentais em ensaios com testemunhas. Assim, o objetivo desse trabalho foi analisar a genética da performance de híbridos experimentais de milho da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, MG, na safra 2015/16. Para isso, sessenta e quatro híbridos experimentais de milho desenvolvidos pelo Programa Milho[®], programa de melhoramento de milho da UFV e seis híbridos comerciais usados como testemunhas foram avaliados, na safra 2015/2016, na Estação Experimental da Horta Nova, Departamento de Fitotecnia, UFV, Viçosa, MG. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Cada parcela foi constituída de uma linha de três metros, espaçadas em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), prolificidade (PRL) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Os dados foram submetidos à análise de variância e, posteriormente, as médias daqueles caracteres que apresentaram diferença significativa entre híbridos ($P < 0,05$), foram submetidos ao teste de agrupamento de Scott-Knott. Houve variabilidade genotípica entre os híbridos experimentais para todos os caracteres avaliados e, logo, é possível selecionar híbridos superiores dentre os híbridos avaliados. O coeficiente de variação experimental (CVe) variou de 4,5% e 22,2%, com valores inferiores a 10% para AP e AE, e valores superiores a 15% para PRL e PG. Esses dois caracteres são controlados por muitos genes e muito influenciados pelo ambiente, o que justifica valores de CVe mais altos. Os caracteres AP, AE, PRL, UM e PG foram agrupados em quatro, dois, dois, um e três grupos, respectivamente. A média geral de PG foi de 155 sacos ha⁻¹. Trinta e quatro híbridos apresentaram PG acima de 9075 kg ha⁻¹ e foram agrupados no grupo “a”. Os híbridos 87x116, 67x90, 27x35, 66x117, 101x67, 67x110, 93x102, 106x79, 35x101 e 13x106 produziram mais de 200 sacos ha⁻¹, e o híbrido 13x106 apresentou PG de 18719 kg ha⁻¹ e superou as médias de todos os híbridos comerciais utilizados como testemunhas. E além disso, ele apresentou baixa AP (215cm) e alta PRL (1,61) em comparação com os outros híbridos. Os híbridos com menor produtividade foram 54x60 e 56x50, com 1931 kg ha⁻¹ e 2979,5 kg ha⁻¹, respectivamente. Conclui-se que há variabilidade genotípica entre os híbridos experimentais de milho desenvolvidos pela UFV, esses apresentam alto potencial produtivo comparáveis aos híbridos comerciais de milho e eles podem ser recomendados para plantios que buscam alta produtividade na região da Zona da Mata Mineira.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG. E-mail: tatianefreitastrindade@gmail.com

²Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Análise genética da performance de variedades de polinização aberta de milho, em Coimbra, MG, na safra 2015/16

Maria Eduarda Jardim¹; Diego Gonçalves Caixeta¹; Sirlene Vianda de Faria²; Heluar Helena Lopes do Nascimento¹; Lauro José Moreira Guimarães³; Rodrigo Oliveira DeLima⁴

O milho é um dos cereais mais importantes cultivados em cinco continentes do mundo. Na safra 2015/16, a estimativa de produção brasileira é de 76,2 milhões de toneladas em uma área de 15,7 milhões de hectares. Desses, apenas 2% é cultivado com variedades de polinização aberta (VPA). Entretanto, as VPAs são muito importante para pequenos produtores e para áreas marginais de cultivo, pois requererem menor nível tecnológico, possibilita aos pequenos agricultores a produção de sementes próprias e apresentam maior plasticidade em condições de estresse. Assim, o objetivo deste trabalho foi analisar a genética da performance de 35 VPAs de milho e o híbrido BRS1055 como testemunha em Coimbra, MG, na safra de 2015/16. O experimento foi conduzido na Estação Experimental do Aeroporto, Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, Viçosa, MG, no ano agrícola 2015/2016. O delineamento experimental utilizado foi de látice simples 6x6. Cada parcela foi constituída de duas linhas de 4 metros de comprimento espaçadas em 0,80 m. Todos os tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para cultura do milho na região. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm), prolificidade (PRL, número de espigas por planta) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Os dados foram submetidos à análise de variância e, posteriormente, para aqueles caracteres que manifestaram diferença significativa, as médias das VPAs foram agrupadas pelo procedimento de Scott e Knott. Houve diferença significativa entre as VPAs para todos os caracteres avaliados ($P < 0,05$). O coeficiente de variação variou de 7,12 a 23,86%, o que indica que houve boa precisão experimental. A média geral para AP e AE foi de 222,26 cm e 121,79 cm, respectivamente. As variedades que apresentaram maiores AP e AE foram: BR106, Sint10771, VSLBS42C60 e a Eldorado. E as variedades SintPF7031 e SintPF7008 apresentaram menores AP e AE. A média geral para PRL foi de 1,08 espigas por planta, todas as variedades foram alocadas em um único grupo o que indica que as médias não diferem entre si a 5% de probabilidade pelo teste de agrupamento. A média geral de PG foi de 4732 kg ha⁻¹. De acordo com o teste de Scott e Knott, as médias das VPAs de PG foram agrupadas em três grupos. As variedades mais produtivas foram: HTCMS771, HTCMS707, HTCMS717, MC20, 2E530, SintSuper-Precoce1 e HTCMS699. E as variedades menos produtivas foram a BRSCaimbé e a BRS4103. Conclui-se que as variedades HTCMS771, HTCMS707 se destacaram com produtividades superiores a testemunha e são as mais indicadas para plantio na região de Viçosa.

Apoio: CNPq e FUNARBE

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG - e-mail: jardims.me@gmail.com

²Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

³Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG

⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Análise *in vitro* da fitotoxicidade do agente antimitótico (colchicina) sobre plantas de *Nopalea cochenilifera* L.

*Bruna de Brito Souza*¹; *Mailson Monteiro do Rêgo*²; *Antonia Maiara Marques do Nascimento*³; *Kaline da Silva Nascimento*⁴; *Joelson Germano Crispim*⁵; *Elizanilda Ramalho do Rêgo*⁶

A poliploidia é um fenômeno comum na família *Cactaceae*, geralmente induz o aumento das partes vegetativas das plantas, tais como flores, folhas e frutos, tornando-os mais vigorosos em relação aos diploides correspondentes. Os agentes antimitóticos são substâncias que geralmente induz poliploides, a exemplo da colchicina, embora esta seja altamente fitotóxica às plantas, podendo causar esterilidade e albinismo. Portanto, a primeira etapa, indispensável na indução da poliploida, consiste em determinar a sensibilidade dos explantes, a diferentes concentrações de agentes antimitóticos e tempo de exposição. Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivo, avaliar *in vitro* a fitotoxicidade do agente antimitótico (colchicina) sobre plantas de *Nopalea cochenilifera* L. Para tanto, cladódios jovens de três acessos de palma forrageira cv. Miúda (*Nopalea cochenilifera* L.) foram desinfestados e inoculados em meio MS contendo diferentes concentrações de colchicina (μM): 0, 5, 15 e 30. Cada concentração do agente antimitótico constituiu um tratamento, com 10 repetições e em cada tubo foi inoculado um explante com a presença de uma aureola. Para avaliar a fitotoxicidade do agente antimitótico, utilizou-se como parâmetro fisiológico, a sobrevivência dos explantes tratados, contou-se o número de explantes verdes após 15 dias, os quais foram transferidos para tubos contendo meio sem o agente antimitótico, colchicina. Os dados obtidos foram expressos em porcentagem do número de explantes vivos. O genótipo G5 foi o mais sensível a colchicina, onde ocorreu 100% de morte dos explantes, mesmo quando submetido a menor dose, quando comparado ao controle. De modo contrário, o genótipo G16 foi o mais tolerante dentre os três acessos avaliados, com 80% de sobrevivência dos explantes, mesmo quando submetidos aos tratamentos com colchicina, perdendo apenas para o controle, que apresentou 90% de sobrevivência dos explantes inoculados. O genótipo 11 apresentou comportamento diferenciado, com uma sobrevivência de 50% dos explantes quando submetido a dose de 5 μM de colchicina e de 20% quando submetido as doses de 15 e 30 μM . Após 15 dias, os explantes que não necrosaram e eram oriundos dos genótipos G16 e G11, foram transferidos para um novo meio livre de agente antimitótico, onde produziram brotos jovens. Portanto, conclui-se que é possível obter regenerantes dos genótipos G11 e G16 a partir de 5 μM , 15 μM e 30 μM , de colchicina adicionados ao meio MS. O nível de ploidia dos regenerantes serão determinados quando as plantas forem aclimatadas.

Apoio: UFPB

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Graduada do curso de Ciências Biológicas, UFPB, bruna2506brito@gmail.com

² Professor e Chefe do Departamento de Ciências Biológicas, UFPB

³ Mestranda em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG,

⁴ Doutoranda em Agronomia, UFPB

⁵ Mestrando em Genética e Melhoramento, URFPE

⁶ Professora do Departamento de Ciências Fundamentais e Sociais, UFPB

Anotação gênica de sequências de SNPs ligados a QTLs associados a características morfoagronômicas do feijão

Leonardo Corrêa da Silva¹; Gabriela dos Santos Pereira²; Natália Machado Silva³; Adriel Carlos da Silva³; Felipe Vicentino Salvador³; José Eustáquio de Souza Carneiro⁴

Mapas genéticos são úteis ao melhoramento genético, pois permitem visualizar a detecção da associação entre marcadores moleculares do DNA e genes de interesse e, conseqüentemente, a seleção assistida de locos controladores de características quantitativas (QTLs). A anotação gênica das sequências associadas a estes locos propicia maior compreensão dos processos biológicos que eles desempenham. Vários mapas já foram desenvolvidos para a cultura do feijão a partir de diferentes tipos de populações e utilizando variadas classes de marcadores moleculares. Entretanto, essas populações são de tamanho reduzido, o que compromete a acurácia das estimativas de recombinação entre locos. Neste contexto, o Programa de Melhoramento do Feijoeiro da Universidade Federal de Viçosa desenvolveu uma população de 376 RILs a partir do cruzamento entre as linhagens Rudá (Mesoamericano) e AND 277 (Andino), denominada de RILs RA. Esta população foi genotipada com marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polimorphisms*) e fenotipada quanto às características - número de dias ao florescimento (DF) e à colheita (DC), arquitetura de plantas (ARQ), produtividade de grãos (PDT), grau de achatamento (GAC) e forma da semente (FOR), e massa de cem sementes (MC). No mapeamento genético foram detectados 29 QTLs no mapa genético das RILs RA, identificados de acordo com a sigla da característica relacionada. Assim, o objetivo com este trabalho foi obter uma maior compreensão dos processos biológicos que estas regiões (genes) desempenham. Para isso, as sequências flanqueadoras dos SNPs associados aos 29 QTLs foram anotadas por meio do programa BLAST2GO. Destas 29 sequências, quatro, associadas aos QTLs DC, FOR, ARQ e MC, foram relacionadas a genes já descritos como envolvidos em processos biológicos (nove genes), funções moleculares (três genes) e componentes celulares (seis genes). De maneira geral, os SNPs associados aos QTLs DC, FOR, ARQ e MC foram relacionados a 38.89, 83.33, 38.88 e 16.67% dos 18 genes com ontologia descrita. Foi observado que os SNPs dos QTLs DC, FOR e ARQ estão associados a seis genes em comum envolvidos em processos biológicos, função molecular e componente celular, indicando que estes QTLs compartilham uma mesma ontologia de genes. De forma geral, informações sobre a anotação gênica das sequências contendo os marcadores moleculares ligados aos QTLs são raras na cultura do feijoeiro. Isso porque a sequência do genoma do feijão ainda não havia sido publicada, o que ocorreu apenas em 2014. Desta forma, o presente trabalho representa um esforço pioneiro no que se refere à atribuição de funções gênicas a QTLs associados a características morfoagronômicas em feijão.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, leocalvino@yahoo.com.br

² Estudante do curso de Agronomia, UFV/Viçosa - MG

³ Mestranda(o) do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG

⁴ Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Aplicação de redes neurais artificiais em estudo de predição da resistência à ferrugem em *Coffea arabica*

Gabi Nunes Silva¹; Isabela de Castro Sant'Anna²; Vinícius Quintão Carneiro²; Cosme Damião Cruz³; Moysés Nascimento⁴; Eveline Teixeira Caixeta⁵

O café é uma cultura que pertence ao gênero *Coffea* da família Rubiaceae, e representa uma das principais culturas agrícolas cultivadas no Brasil, colocando o país como maior produtor e exportador mundial de café. Dentre as espécies de maior cultivo destaca-se o *Coffea arabica*, que representa 70% do café comercializado no mundo. A principal doença que afeta a cafeicultura é a ferrugem alaranjada, causada por *Hemileia vastatrix*, sendo a pior em abrangência e danos pois atinge todas as regiões produtoras de café do mundo. Uma maneira de minimizar os prejuízos causados por essa praga consiste em lançar mão do melhoramento genético para a obtenção de variedades resistentes. Neste contexto, o sequenciamento do genoma das plantas e a identificação de marcadores moleculares associados à resistência têm sido utilizados por diversos autores. Para predição e classificação de indivíduos, técnicas de seleção genômica ampla têm sido convencionalmente utilizadas, no entanto, essas técnicas apresentam algumas problemáticas como a suposição de normalidade do fenótipo em estudo. Assim, sua aplicação em variáveis categóricas tais como resistência a ferrugem torna-se inadequada. Visando contornar tais limitações, propôs-se o uso da metodologia de Redes Neurais Artificiais aplicada ao melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi utilizar as Redes Neurais Artificiais na predição da suscetibilidade quanto à resistência a ferrugem em *C. arabica*. Para o estudo, foram utilizados 245 indivíduos provenientes de uma população F2 (H511-1) oriundos da autofecundação do híbrido F1 H511-1, resultante do cruzamento do cultivar suscetível Catuaí Amarelo IAC 64 (UFV 2148-57) e do progenitor resistente híbrido de Timor (UFV 443-03). A rede neural artificial implementada foi a *single hidden layer back-propagation*, utilizando-se 160 indivíduos tomados aleatoriamente para treinamento e os demais 85 indivíduos para validação da rede. Ao classificar os indivíduos como resistentes ou susceptíveis, os resultados obtidos pela rede foram comparados com os resultados da metodologia de Seleção Genômica sob o enfoque bayesiano. O percentual de coincidência entre os resultados obtidos pelas duas metodologias foi de 81.37%, indicando certa similaridade na predição dos indivíduos. Também simulou-se uma estratégia de seleção de marcadores baseada na fenotipagem. As taxas de erros de classificação obtidas pela rede variaram entre 44.90% e 53.47%. Os resultados deste trabalho na área de predição genotípica evidenciam a potencialidade das redes neurais para predição/classificação de observações em classes pré-determinadas, demonstram ainda que as redes neurais se apresentam como uma abordagem promissora para prever a suscetibilidade quanto à resistência à ferrugem em *C. arabica*, visto que a mesma apresentou baixa taxa de erro (1.6%) de predição na população de validação.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Estatística Aplicada e Biometria, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, gabi.nunessilva@yahoo.com.br

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

⁴ Professor Adjunto III do Departamento de Estatística, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/Fapemig

⁵ Pesquisadora da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Café

Associação das dimensões dos elementos de vaso à tolerância à seca de ponteiros em eucalipto

*Nágila Campos Silva¹, Samyra Alves Condé²; Matheus Barbosa Campos Pataro³;
Washington Luiz Pereira⁴; Thais Roseli Corrêa⁵; Edgard Augusto de Toledo Picoli⁶*

Os elementos de vasos (EV) são responsáveis pelo transporte de água e nutrientes no xilema sendo este transporte influenciado pelo diâmetro e a frequência dos vasos. As dimensões dos EV podem ser influenciadas pela espécie, condições de ambiente e posição de amostragem na planta. Em eucalipto, o déficit hídrico contribui para o desenvolvimento de um distúrbio fisiológico conhecido como “seca de ponteiros”. Levantamos a hipótese de que o estresse hídrico pode agir sobre a diferenciação dos EV de modo a manter de forma mais eficiente o fluxo de água e distribuição de nutrientes na planta. O objetivo desse trabalho foi avaliar as dimensões dos EV de clones comerciais de eucaliptos da empresa Suzano Papel e Celulose contrastantes quanto à tolerância à seca de ponteiros. Sete genótipos, com diferentes graus de suscetibilidade a seca de ponteiros e ao déficit hídrico, foram avaliados em três ambientes caracterizados por média e distribuição pluviométrica diferente conforme descrito: ambiente 1) <1.100 mm/ano com distribuição regular em aproximadamente 5-6 meses ao ano; 2) 1.100 - 1.500 mm/ano e concentração das chuvas em um período de 3-4 meses ao ano; e 3) com média pluviométrica >1.500 mm/ano com distribuição regular em aproximadamente 5-6 meses ao ano. Foram amostrados toretes de 50 cm de comprimento à uma altura de 75% da altura comercial, e foram subamostrados em seções transversais do lenho de 5 cm de espessura a partir do qual foram retirados os corpos de prova para preparo das lâminas histológicas e macerados do lenho. O macerado foi obtido pelo Método de Nicholls e Dadswell, onde fragmentos do lenho foram cobertos com ácido acético glacial e peróxido de hidrogênio (1:1), onde foram mantidos a 60°C por três dias, sendo posteriormente lavados em água corrente. O macerado foi corado com azul de Astra, submetido à série alcoólica e xilólica e as lâminas montadas em resina Permout. Posteriormente, as lâminas foram fotografadas e mensuradas o diâmetro, o comprimento e a distribuição por classes de diâmetro e comprimento dos EV de cada combinação de genótipo e ambiente. Os dados obtidos foram submetidos à análise da variância (ANOVA), com o auxílio do programa SAS. Os clones apresentaram dimensões de elemento de vaso semelhantes no ambiente com maior disponibilidade de água, demonstrando que em menor estresse hídrico as dimensões dos EV não foram alteradas. Nos ambientes com menor disponibilidade ou com chuvas mais concentradas, o clone médio tolerante apresentou maior diâmetro dos EV. Observou-se uma diferença na distribuição do diâmetro dos elementos de vaso dos clones tolerantes e médio tolerante, que foram em geral menores e melhor distribuídos pelas classes de diâmetro de EV em relação aos clones suscetíveis. Considerando a relação de eficiência do transporte de água pelo xilema, concluímos que as alterações nas dimensões dos EV podem ser resultado do estresse hídrico, e essas podem contribuir para a característica de tolerância dos clones à seca de ponteiros.

Apoio: Suzano Papel e Celulose, CNPq e FAPEMIG.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista FAPEMIG, nagila.ufv@gmail.com

² Estudante Não-Vinculado de Pós Graduação, UFV/Viçosa-MG

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, bolsista FAPEMIG

⁵ Pós- doutoranda do Departamento de Biologia Vegetal, UFV/Viçosa – MG

⁶ Professor do Departamento de Biologia Vegetal, UFV/Viçosa – MG

Avaliação da capacidade combinatória de cultivares de soja adaptados a região sul do Brasil com cultivares de alto teor de óleo.

João Marcos Soares Ferreira¹; Felipe Lopes da Silva²; Murilo Viotto Del Conte³; Diego Santos Oliveira⁴; Livia Araújo Rohr⁵

O crescente aumento populacional tem gerado forte pressão sobre a demanda de alimentos, sendo o melhoramento genético uma das ferramentas utilizadas para tentar solucionar esse impasse. Melhoristas buscam desenvolver cultivares, híbridos, clones mais precoces e mais produtivos, sendo a soja importante nesse cenário, principalmente no Brasil, uma vez que após a finalizada a safra da cultura, é possível que seja semeada outra, promovendo a sucessão de culturas, proteção do solo, aumento da rentabilidade e maior oferta de alimento. Neste sentido, faz-se interessante a oferta de cultivares de ciclo precoce com alto rendimento de grãos. No presente trabalho objetivou-se por avaliar as capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC) de 7 genitores por meio de um dialelo parcial. O grupo 1 (G1) foi constituído pelas cultivares BMX Apolo RR, NA 5909 RR e Potência RR, as quais são adaptadas à região Sul do Brasil, enquanto o grupo 2 (G2) foi constituído pelas cultivares M 9056 RR, CD 217, P98N71 e Conquista, as quais foram selecionadas devido ao alto teor de óleo na semente desempenhado na caracterização do banco de germoplasma do Programa Soja DFT-UFV. As plantas F1 foram conduzidas em casa de vegetação em delineamento de blocos ao acaso afim de amenizar os efeitos de ambiente. As parcelas foram constituídas de dois vasos com duas plantas por vaso. Foi utilizada iluminação artificial para simular fotoperíodo. As variáveis analisadas foram dias para maturação (DPM) e produção de grãos em gramas por planta (PG). As estimativas de variância, CGC e CEC foram procedidas pela análise dialélica parcial do programa Genes de acordo com a metodologia de Geraldi e Miranda Filho (1984). Foi detectada diferença estatisticamente significativa entre os genitores G1 a CGC em ambas as variáveis, porém G2 apenas para a variável PG. Para as estimativas de CEC, a significância foi observada apenas para a variável DPM. As progênies oriundas dos cruzamentos BMX Apolo RR x P98N71 apresentaram valores de CEC para as variáveis DPM e PG respectivamente de -1,532 e 0,441. Estas combinações poderiam ser recomendadas para dar prosseguimento ou programa e até mesmo para compor uma seleção recorrente com o objetivo de obter cultivares de ciclo precoce e alta produtividade. Para o cruzamento BMX Apolo RR x Conquista os valores de CEC para as variáveis DPM e PG foram respectivamente de -6,353 e 0,373. Com base nestas informações, pode-se concluir que progênies oriundas do G1 cruzadas ao G2, apresentaram variabilidade genética para a variável DPM justificado pela CEC que é função dos desvios de dominância. Portanto progênies oriundas desse dialelo têm forte potencial em um programa de melhoramento genético devido a variabilidade genética apresentada pela mesma, que poderão permitir selecionar futuras linhagens de ciclo precoce e alta produção.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, PIBIC/FAPEMIG, e-mail: jmarcosagro2014@gmail.com;

² Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG;

³ Mestrado do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq;

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG;

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG.

Avaliação da germinação em famílias mutantes M₅ de cevada.

Erika da Costa Fernandes¹; Mayara de Mello Marques²; Maurício Ballesteiro Pereira³

A caracterização e avaliação da germinação em populações de mutantes são importantes para identificação de modificações ocorridas nas plantas e determinação do uso destas no melhoramento vegetal. O objetivo neste trabalho foi a caracterização de famílias mutantes da geração M₅ de cevada quanto a modificações na germinação na fase de plântulas. Este trabalho foi desenvolvido no departamento de Genética Agrária da Università di Bologna – Itália durante o programa de intercâmbio Ciência Sem Fronteiras. Foram avaliadas 160 famílias mutantes de cevada, sendo 40 famílias da cultivar Morex original e 120 famílias M₅, da quinta geração após a indução de mutações pelo agente mutagênico Azida de Sódio (NaN₃). A análise das sementes foi realizada por meio da técnica do rolo de papel, para isso 15 sementes de cada família foram pré-germinadas em placas de petri forradas com papel de filtro por 24h a 30° C. Em seguida 12 sementes que apresentavam o mesmo estágio fenológico foram colocadas em folhas umedecidas de papel filtro (com dimensões 25x50cm) espaçadas 4cm entre sementes e a 2 cm da margem. As sementes foram cobertas com uma segunda folha e enrolada de forma que ficasse apenas 1 semente por volta. Foram alocados 6 rolos de famílias mutantes e 2 rolos da Cultivar Morex por Becker envolto em saco plástico negro e mantido em câmara de crescimento por 7 dias com Fotoperíodo de 16 horas de escuro a 20°C e 8 horas de luz a 24°C, no 8° dia foi realizada a avaliação do número de plantas germinadas por família e realizada a análise de variância no Microsoft Excel©. O teste F para avaliação da característica de germinação entre as famílias da cultivar Morex e as famílias mutantes foi significativo (p=0,002), demonstrando que a indução de mutação com o agente químico Azida de Sódio foi eficiente em gerar modificações, diminuindo a germinação das famílias mutantes. Além disso, a comparação das variâncias dentro das famílias, pelo teste F, foi significativo (p=0,027), mostrando um aumento da variabilidade genética na germinação das sementes mutantes em relação à cultivar Morex original. No entanto, as médias entre as famílias mutantes (11,13) e a cultivar Morex original (11,73) não apresentaram diferença prática. Essa pequena diferença foi significativa devido ao grande número de plantas avaliadas e ao coeficiente de variação baixo (9,39), de forma que as pequenas diferenças puderam ser identificadas como significativas. A variação observada na germinação pode estar ligada a mutações que alteraram a manifestação de genes letais ou alterações em regiões que controlem as características de dormência da semente, sensibilidade à luz ou no estímulo do fitocromo e por isso germinaram menos que a cultivar Morex.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, Erikac.fernands@gmail.com

² Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica – RJ.

³ Professor do Departamento de Genética, UFRRJ/ Seropédica - RJ.

Avaliação de cultivares de feijão (*Phaseolus Vulgaris* L.) “preto” recomendadas no Brasil quanto à resistência à murcha-de-fusário

Andréia da Silva Caetano¹; José Eutásquio de Souza Carneiro²; Micheli Thaise Della Flora Possobom³; Naine Martins do Vale⁴; Gabriela Santos Pereira¹; Ana Laura Carneiro¹

A cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) apresenta grande importância alimentar, sócio-econômica e cultural no Brasil. O melhoramento genético do feijoeiro tem buscado constantemente o desenvolvimento de cultivares mais resistentes e adaptadas ao cultivo. O feijão comum é hospedeiro de vários patógenos, causadores de doenças que remetem a perdas significativas na produção de grãos. Uma das doenças mais agressivas no feijão, principalmente em áreas de cultivo sucessivo e sob irrigação por pivô central, é a murcha-de-fusário, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f.sp. *phaseoli* (Fop). Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar as cultivares de feijão “preto” recomendadas no Brasil quanto à resistência à murcha-de-fusário e inferir sobre a produtividade de grãos destas cultivares. Foram conduzidos dois experimentos com 40 cultivares de feijão preto, um em casa-de-vegetação, visando avaliar a resistência à murcha-de-fusário, e outro no campo, para avaliar a produtividade de grãos. Em campo, utilizou-se o delineamento blocos casualizados com três repetições e com parcelas constituídas de quatro linhas de dois metros. Já para a avaliação de doença, os experimentos foram conduzidos em blocos casualizados com duas repetições mais o controle, sendo cada repetição formada por três plantas por vaso. Como testemunha utilizou-se a cultivar Meia Noite, suscetível à murcha-de-fusário. Aos 11 dias após a semeadura realizou-se a inoculação com o isolado UFV-FOP-1, conforme a metodologia do palito. Para isso, os palitos foram espetados nas plantas de feijão no centro do hipocótilo, a cerca de 1 cm abaixo do nó cotiledonar. As plantas controle passaram pelo mesmo processo de inoculação, porém com ausência do fungo no palito. A avaliação foi realizada aos 21 dias após a inoculação, por escala de notas de 1 a 9, de acordo com a escala proposta por Pastor-Corrales e Abawi (1987), considerando, também, o escurecimento vascular das plantas. Os dados de produtividade e de notas foram submetidos à análise de variância individual e teste de comparação de médias. De acordo com as análises de variância individuais, houve diferença significativa entre os genótipos avaliados para a produtividade de grãos e murcha-de-fusário. A média para a produtividade de grãos foi de aproximadamente 2.895 kg/ha. Para a murcha-de-fusário, a maioria das cultivares apresentaram médias intermediárias (notas de 3,1 a 6,0). As cultivares IPR Tiziu, BRS Valente, BRS Uirapurú e BRS Expedito obtiveram alta produtividade de grãos, superior a 3.000kg/ha, e foram classificadas como resistentes à murcha-de-fusário (notas ≤ 3). De forma geral, a maior parte das cultivares de feijão preto recomendadas no Brasil tem apresentado boa produtividade de grãos com um nível intermediário de resistência à murcha-de-fusário.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação em Agronomia, UFV/Viçosa-MG, (andréia.caetano@ufv.br)

²Professor, Departamento de Fitotecnia UFV/Viçosa-MG

³Doutoranda em Fitotecnia UFV/Viçosa-MG

⁴Pós- Doutoranda em Genética e Melhoramento UFV/Viçosa-MG

Avaliação de genitores masculinos de maracujazeiro azedo quanto à porcentagem de germinação de sementes

Priscila Maria Dias Miranda¹; Gabriel Martins Falcão de Souza¹; João Paulo Gava Cremasco²; Antônio Gustavo de Luna Souto²; Maria Helena Menezes Cordeiro²; Carlos Eduardo Magalhães dos Santos³

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) é uma planta frutífera pertencente a família Passifloraceae que possui diversas formas de propagação, sendo realizada via vegetativa e principalmente por via seminífera, ou seja, a partir da utilização de sementes, tal fato, predispõe a ocorrência de germinação irregular e desenvolvimento desuniforme das mudas, devido a fatores físicos, bioquímicos e genéticos, sendo que a constituição genética é em decorrência dos genótipos utilizados no cruzamento. Objetivou-se verificar a influência genética de genitores masculinos na expressão do potencial germinativo de sementes de maracujazeiro azedo, e selecionar os que contribuíram com maiores ganhos de seleção. Foram realizadas hibridações controladas entre genótipos do programa de melhoramento de maracujazeiro azedo da Universidade Federal de Viçosa (UFV) e híbridos comerciais da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) segundo o Delineamento I. Utilizaram-se 6 plantas doadoras de pólen (genitores masculinos) e 20 plantas receptoras (genitores femininos), formando 18 híbridos. Os frutos foram colhidos aproximadamente entre 60-90 dias após a polinização, sendo as sementes extraídas por abertura feita em corte transversal do fruto, e posteriormente friccionando a polpa contendo o suco e as sementes em uma peneira de malha fina com cal virgem, e lavando em água abundante. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado (DIC), com 18 tratamentos e 4 repetições (50 sementes) em bandejas contendo areia lavada e inerte, em casa de vegetação. Foi realizada diariamente a contagem do número de sementes germinadas para o cálculo da porcentagem de germinação. Procedeu-se a análise de variância pelo Modelo Hierárquico do Delineamento I, e a seleção combinada para estimação dos ganhos genéticos, utilizando o programa estatístico GENES. Houve diferença significativa entre genitores masculinos para germinação. Os genitores masculinos 5 e 6 foram superiores quanto à porcentagem de germinação.

Apoio: CAPES, CNPq, Fapemig e Funarbe

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, priscilamdmiranda@gmail.com

² Doutorando(a) do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Professor do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Avaliação de linhagens de tomate industrial em dois locais

*André Gabriel¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; Welton Luiz Zaluski³; André Ricardo Zeist⁴;
Diego Fernando de Marck⁵; Talita Kroetz⁶*

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de linhagens de tomateiro industrial em dois locais, quanto a produtividade de frutos comerciais por hectare, visando a utilização em programas de melhoramento para à produção de híbridos superiores de tomate. O local 1, foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, *campus* CEDETEG, enquanto que o local 2 foi conduzido na Fazenda Experimental FAZESC ambos se localizam no município de Guarapuava, PR. Foram avaliados 13 tratamentos, sendo 12 linhagens de tomateiro, obtidos a partir de híbridos comerciais, mais uma testemunha (TY2006). O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. As mudas de tomate industrial foram transplantadas no dia 24/10/2015 e 19/12/2015 nos locais 1 e 2 respectivamente, com espaçamento entre linhas de 1,2m e 0,35m entre plantas, cada parcela foi constituída de duas linhas com 1,75m de comprimento, a unidade amostral composta por 10 plantas. A característica avaliada foi a produtividade de frutos comerciais (PFC kg ha⁻¹). Foram realizadas seis e quatro colheitas durante o ciclo da cultura nos ambientes 1 e 2 respectivamente. Com os valores médios obtidos de cada tratamento foi realizada a análise de variância e conjunta, e as médias agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade com o auxílio do programa estatístico GENES. Houve diferença significativa para as fontes de variação genótipos, ambiente e interação genótipos x ambiente evidenciando a variabilidade genética das linhagens e possibilidade de seleção de linhagens superiores de tomate. No ambiente 1 os genótipos de tomate obtiveram melhor desempenho para PFC kg ha⁻¹ quando comparado com o ambiente 2, esse fato pode ser explicado devido ao menor quantidade de colheita realizado no ambiente 2 e a maior incidência de doenças foliares de final de ciclo da cultura do tomateiro que ocasionou a redução do período de colheita. A média do PFC ha⁻¹ e coeficiente de variação foram de 23.241 PFC kg ha⁻¹, 17.823 PFC kg ha⁻¹, 19,27% e 18,0% para os ambientes 1 e 2 respectivamente. No ambiente 1 ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos para PFC kg ha⁻¹ e as médias tiveram amplitude de 14.170 kg ha⁻¹ (Linhagem 14) a 33.879 kg ha⁻¹ (Linhagem 9), para o ambiente 2 ocorreu a formação de quatro grupos distintos de genótipos para PFC kg ha⁻¹ e as médias oscilaram de 8.907 kg ha⁻¹ (Linhagem 22) a 31.446 kg ha⁻¹ (Linhagem 2), comprovando a variabilidade genética das linhagens de tomate. Quanto a interação genótipo x ambiente as linhagens 5, 6, 9 e 11 tiveram desempenho inferior no ambiente 2, enquanto as linhagens 3, 4, 13, 14, 15, 19 e 22 e a testemunha TY2006 foram estáveis para os dois ambientes. Há linhagens de tomate industrial com elevado produtividade de frutos comerciais que podem ser recomendadas para transplântio nos dois ambientes.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de doutorado, Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CAPES, andre.gb85@hotmail.com

² Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

³ Estudante de doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁴ Estudante de doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁵ Estudante de mestrado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁶ Graduada em Biologia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

Avaliação de linhagens de tomate rasteiro em dois ambientes

Matheus Hermann dos Santos¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; André Gabriel³; Josué Clock Marodin⁴; Marcos Ventura Faria⁵; Cristhiano Kopanski Camargo⁶

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho da produtividade total de frutos de linhagens de tomateiro rasteiro em dois ambientes, visando a utilização em programas de melhoramento para à produção de híbridos superiores. O ambiente 1, foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, *campus* CEDETEG, enquanto que o ambiente 2 foi conduzido na Fazenda Experimental FAZESC ambos no município de Guarapuava, PR. Foram avaliados 13 tratamentos, sendo 12 linhagens de tomateiro, obtidos a partir de híbridos comerciais, e uma testemunha (TY2006). O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. As mudas de tomate foram transplantadas no dia 24/10/2015 e 19/12/2015 no ambiente 1 e 2 respectivamente, com espaçamento entre linhas de 1,2m e 0,35m entre plantas, cada parcela foi constituída de duas linhas com 1,75m de comprimento, a unidade amostral composta por 10 plantas. A característica avaliada foi a produtividade total de frutos (PTF kg⁻¹). Foram realizadas seis e quatro colheitas durante o ciclo da cultura nos ambientes 1 e 2 respectivamente. Com os valores médios obtidos de cada tratamento foi realizada a análise de variância individual e conjunta, e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade com o auxílio do programa estatístico GENES. Houve diferença significativa para as fontes de variação genótipos, ambiente e interação genótipos x ambiente evidenciando a variabilidade genética das linhagens e possibilidade de seleção de linhagens superiores de tomate rasteiro. No ambiente 1 os genótipos de tomate obtiveram desempenho superior para PTF kg ha⁻¹ quando comparado com o ambiente 2, esse fato pode ser explicado devido ao menor quantidade de colheita realizado no ambiente 2 e a maior incidência de doenças foliares de final de ciclo da cultura do tomateiro que ocasionaram a redução do período de colheita. A média do PTF kg ha⁻¹ e coeficiente de variação foram de 31.575 kg ha⁻¹, 24.377 kg ha⁻¹, 16,40% e 21,52% para os ambientes 1 e 2 respectivamente. No ambiente 1 ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos para PTF kg ha⁻¹ e as médias tiveram amplitude de 23.367 PTF kg ha⁻¹ (Linhagem 2) a 42.281 PTF kg ha⁻¹ (Linhagem 16), para o ambiente 2 ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos para PTF kg ha⁻¹ e as médias oscilaram de 16.405 (Linhagem 5) a 37.944 (Linhagem 2), comprovando a variabilidade genética das linhagens de tomate. Quanto a interação genótipo x ambiente as linhagens 5, 6, 9, 11, 15 e 22 tiveram menor desempenho no ambiente 2. A linhagem 2 foi alocada no primeiro grupo de linhagens no ambiente no ambiente 2 no entanto no ambiente 1 foi alocada no ultimo grupo de genótipos isso pode ser explicado pela constituição genética desta linhagem que não se adaptou para esse ambiente. Enquanto as linhagens 3, 4, 13, 14 e 19 e a testemunha TY 2006 foram mais estáveis para os dois ambientes. Há linhagens de tomate rasteiro com elevado produção de frutos promissores para realizar gerar novos híbridos de tomate rasteiro.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de Graduação, Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR, matheushermann1995@hotmail.com

² Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

³ Estudante de Doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁴ Estudante de Pós Doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁵ Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁶ Estudante de pós doutorado, Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR

Avaliação do nível de homozigose de linhagem de feijão vagem por meio de marcadores moleculares

Letícia de Faria Silva¹; Emilly Ruas Alkimim²; Tiago Vieira Sousa³; Eveline Teixeira Caixeira⁴; Iedo Valentim Carrijo⁵

O feijão é um produto tradicional na alimentação brasileira, devido a seu alto teor nutricional e energético, a cultura do feijão se faz de grande importância em ações governamentais que promovem o seu consumo especialmente para populações de baixa renda. O feijoeiro, por ser uma planta autógama necessita que em programas de melhoramento a homozigose seja restaurada. Assim, a utilização de linhas puras é a estratégia mais utilizada nesses programas. Objetivou-se verificar o nível de homozigose de dois conjuntos de progênies da linhagem SCV 3111 de feijão vagem a ser lançada pela Empresa Cultivare Sementes, por meio do uso de marcadores moleculares microssatélites. Cada conjunto de progênies, 503-1 e 503-3, foi constituído por 23 plantas. As plantas das progênies foram comparadas com plantas de cultivares comerciais, Paulista e Zigane, que apresentam características morfoagronômicas semelhantes às progênies avaliadas. Folhas jovens, totalmente expandidas e saudáveis de 48 plantas foram enviadas pela Empresa Cultivare Sementes para o laboratório de biotecnologia na Universidade Federal de Viçosa para extração do DNA genômico. Foram selecionados quatro marcadores microssatélites para o feijão comum, distribuídos em diferentes grupos de ligação do mapa consenso do feijão. Os produtos resultantes da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata. Dos quatro pares de *primers* testados, dois amplificaram bandas nítidas. Com os *primers* PV-ctt001 e X74919 foi possível verificar que os dois conjuntos de progênies da linhagem SCV 3111 apresentaram padrão de bandas distintos aos apresentados pelas cultivares comerciais Paulista e Zigane. Verificou-se também que as progênies apresentaram altos níveis de homozigose. Esse resultado era esperado pelo fato dessa espécie se reproduzir por autofecundação. Foi observado polimorfismo em apenas duas plantas, sendo uma na progênie 503-1 e a outra na progênie 503-3. Ao comparar os dados moleculares com os fenotípicos foi verificado que, exatamente as duas plantas polimórficas apresentavam fenótipo contrastante às demais em relação ao porte. O porte alto é o mais comum para esses feijoeiros, mas essas duas plantas apresentam porte baixo. Utilizando-se os marcadores moleculares, foi possível distinguir as progênies estudadas das cultivares comerciais. Também foi possível avaliar com precisão e segurança o nível de homozigose das progênies.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, leticia.f.faria@ufv.br

² Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq

⁴ Pesquisadora Embrapa Café; Bioagro; Laboratório BioCafé; Viçosa – MG, Brasil

⁵ Cultivare Sementes, Belo Horizonte, MG, Brasil

Avaliação do potencial germinativo de híbridos de maracujazeiro azedo

Natalia Rosa de Oliveira¹; Luis Gustavo Tosi Costa¹; Mariana Quintas Maitan²; João Paulo Gava Cremasco³; Valtânia Xavier Nunes³; Carlos Eduardo Magalhães dos Santos⁴

A fruticultura vem aumentando sua importância no cenário agrícola brasileiro, sendo o Brasil o maior produtor de maracujá a nível mundial, porém faz-se necessário levar em consideração fatores que levam a estagnação da expansão da cultura do maracujazeiro, tais como: quantidade reduzida de genótipos produtivos e a heterogeneidade dos pomares comerciais. Nesse sentido o desenvolvimento de pesquisas relacionada a escolha dos genitores é importante para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético de maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims), dado que as características de germinação e vigor, podem ser influenciadas pelos genitores. A capacidade específica de combinação também pode vir a influenciar na expressão dessas características. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial germinativo de sementes de híbridos de maracujazeiro azedo provenientes do programa de melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV), visando a ampliação do conhecimento para o desenvolvimento de novos híbridos comerciais. Foram realizadas hibridações controladas estruturadas em híbridos e recíprocos, entre genótipos do programa de melhoramento de maracujazeiro azedo da UFV, híbridos comerciais da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) e do Viveiro Flora Brasil (FB). Foram formadas 10 progênies, cruzando-se 10 plantas, que ora foram doadoras de pólen (genitor masculino) e ora receptoras (genitor feminino), gerando por cruzamento, um híbrido e um recíproco. Os frutos foram colhidos aproximadamente entre 60-90 dias após a polinização, sendo as sementes extraídas por abertura feita em corte transversal do fruto, e posteriormente friccionando a polpa contendo o suco e as sementes em uma peneira de malha fina com cal virgem, e por fim lavando em água abundante. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com 10 tratamentos e 4 repetições com 50 sementes, em bandejas com areia inerte em câmara de germinação do tipo BOD. Realizou-se diariamente a contagem do número de sementes germinadas para o cálculo da porcentagem de germinação. Os dados foram submetidos a análise de variância pelo teste F. Posteriormente, procedeu-se o teste de médias de Tukey ao nível de 5% de probabilidade, sendo as análises realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES. Os híbridos 1, 2, 3, 4, 7, 8, 9 e 10 apresentaram porcentagem de germinação superior aos demais. Quanto ao IVE os híbridos 1, 2, 3 e 4 foram os que apresentaram os maiores valores. Portanto, a capacidade específica de combinação entre genitores pode influenciar no poder germinativo de sementes de maracujazeiro azedo.

Apoio: CAPES, CNPq, Fapemig e Funarbe.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, natalia.r.oliveira@ufv.br

² Mestrando (a) do curso de Produção Vegetal, UENF/Campos dos Goytacazes-RJ, bolsista capes

³ Doutorando (a) do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Professor do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Capacidade combinatória entre genótipos de algodão (*Gossypium hirsutum* L.) em condições de semi árido

Ubieli Alves Araújo Vasconcelos¹; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti²; Francisco José Correia Farias²; Roseane Cavalcanti dos Santos²; Walmir Souza Vasconcelos³

Entre as metodologias para o estudo de germoplasma, os cruzamentos dialélicos permitem inferir sobre o potencial tanto dos genitores, quanto das combinações oriundas do cruzamento dos mesmos. A análise dialélica consiste no cruzamento entre genitores, resultando na geração de diferentes combinações híbridas, fornecendo valores da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), gerando informações genéticas de grande importância para a condução de um programa de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi estimar a CGC e CEC de populações F₂ oriundas de um dialelo deliado para melhoramento para algodoeiro tolerante ao estresse hídrico. O trabalho foi conduzido em ambiente semiárido, em Barbalha, CE, no ano de 2015 na Estação experimental da Embrapa Algodão, em regime de sequeiro com complementação hídrica. Após o surgimento dos primeiros botões florais, as plantas foram submetidas a 23 dias de supressão hídrica, sendo restabelecidas as regas após esse período. O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso, com 20 tratamentos e três repetições. As variáveis avaliadas foram: Altura de planta, Altura do primeiro ramo frutífero, Produtividade, Percentagem de fibras, Peso de um capulho, Surgimento da primeira flor e Surgimento da primeira maçã. As análises estatísticas foram realizadas pelo programa GENES. As análises das capacidades combinatórias foram realizadas de acordo com o modelo adaptado por Griffing (1956), que estima os efeitos da CGC de cada parental e os efeitos da CEC das respectivas combinações. Verificou-se ampla variabilidade entre os genitores para as variáveis analisadas. Os genitores que apresentaram as melhores estimativas de CGC e com maior número de alelos favoráveis para as principais características estudadas foram FM 966, BRS 286, FMT 701 e CNPA 5M, enquanto que para CEC, os híbridos FM966 x CNPA 5M e BRS 286 x CNPA 5M destacaram-se por demonstrar melhores estimativas de CEC e complementaridade para Produtividade, Percentagem de fibra e Peso de um capulho em condições de estresse hídrico. As estimativas de CGC e CEC ofereceram contribuições valiosas no processo de seleção no melhoramento genético, tanto de genitores como de combinações híbridas.

Apoio: Embrapa Algodão, UEPB e Capes
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, ubieli_araujo@hotmail.com

² Pesquisador da CNPA Embrapa Algodão/ Campina Grande – PB

³ Instrutor SENAI/ Sousa - PB

Capacidade de combinação de genitores de feijoeiro em diferentes gerações

Lisandra Magna Moura¹; Gabriela dos Santos Pereira²; Beatriz Fernandes de Seia Gonçalves³; Andréia Caetano³; Adriel Carlos da Silva⁴; Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁵

A escolha acertada de genitores constitui-se etapa crucial em um programa de melhoramento, pois dela dependerá o sucesso das posteriores. Informações sobre a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) de genitores via análise dialélica, são fundamentais nesta escolha. Para caracteres como produtividade de grãos na cultura do feijoeiro, que sofre grande influência do ambiente, presume-se que o dialelo deva ser avaliado em diferentes condições ambientais. Para tal, tem-se sugerido a utilização da geração F₂, para contornar o inconveniente do número reduzido de sementes obtidas na geração F₁. Entretanto, são raros os trabalhos visando quantificar a consistência das estimativas de parâmetros genéticos do dialelo em função de gerações. Assim, este trabalho objetivou quantificar o efeito de geração nas estimativas de CGC e CEC quanto à produtividade de grãos em feijoeiro. Para tal, 12 genitores foram dispostos em dois grupos para compor um dialelo parcial 5 x 7 e foram obtidas as gerações F₁ e F₂. Os 35 híbridos F₁'s (geração F₁) e as 35 populações segregantes (geração F₂), juntamente com os 12 genitores (47 tratamentos em cada geração), foram avaliados na safra da seca de 2013, em Coimbra-MG, em dois experimentos distintos. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados em ambos os experimentos. Os dados foram analisados conforme modelo de Geraldi e Miranda Filho. Pela análise dialélica conjunta de gerações observou-se efeito significativo para CEC x Gerações e efeitos não significativos de CGC₁ x Gerações e CGC₂ x Gerações. As estimativas da capacidade geral de combinação (CGC₁ e CGC₂) e capacidade específica de combinação (CEC) foram significativas tanto na geração F₁ quanto na F₂. O genitor Diamante Negro se destacou em ambas as gerações avaliadas quanto às maiores estimativas significativas de CGC₁. Quanto às estimativas de CGC₂, observou-se destaque para os genitores CNFC 1070 e VC16. Em relação às estimativas de CEC que apresentaram interação com geração, a combinação híbrida TB 9401/VC16 destacou-se na geração F₁ com a maior estimativa significativa de CEC, com pelo menos um genitor de alta CGC. As estimativas de CGC foram consistentes nas gerações F₁ e F₂, enquanto que as estimativas de CEC apresentaram inconsistência com o avanço de geração. Como a CEC é função dos desvios de dominância, que são reduzidos à metade a cada geração de autofecundação estes resultados eram esperados. No entanto, no dialelo parcial a magnitude da capacidade geral de combinação, além de informar a frequência de alelos favoráveis, é indicativa da diversidade genética entre o genitor de um grupo e aqueles do grupo oposto. Assim, conclui-se que a utilização da geração F₂ na análise dialélica quanto à produtividade de grãos em feijoeiro é indicada.

Apoio: FAPEMIG, CAPES e CNPq.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento - UFV, lisandrammoura@yahoo.com.br

² Estudante de graduação - UFV, Bolsista do CNPq

³ Estudante de graduação - UFV

⁴ Estudante de mestrado em Genética e Melhoramento - UFV

⁵ Professor do Departamento de Biologia Geral - UFV

Capacidade de combinação de genitores de feijoeiro em diferentes locais

Ana Laura Nicomedes Carneiro¹; Lisandra Magna Moura²; Gabriela dos Santos Pereira¹; Beatriz Seia Gonçalves³; Andréia Caetano³; Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁴

Ênfase tem sido dada ao melhoramento do feijoeiro por hibridação, cujo sucesso depende da eficiência na escolha dos genitores. Nesse sentido, destacam-se os cruzamentos dialélicos que fornecem informações sobre o tipo de ação gênica predominante e provêm estimativas da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) dos genitores. Na cultura do feijão, a utilização da análise dialélica é limitada pela pequena quantidade de sementes disponível na geração F₁, em razão da dificuldade na realização dos cruzamentos e do número limitado de sementes híbridas obtidas por polinização. Uma alternativa é a avaliação do dialelo na geração F₂, onde a quantidade de sementes é superior, o que permite avaliar o dialelo em diferentes condições ambientais e quantificar os efeitos da interação genótipo x ambiente em suas estimativas de parâmetros genéticos. Assim, este trabalho objetivou quantificar o efeito de local nas estimativas de CGC e CEC quanto à produtividade de grãos em feijoeiro. Para tal, 12 genitores foram dispostos em dois grupos para compor um dialelo parcial 5 x 7. O grupo 1 foi composto por genitores de grãos pretos e arquitetura ereta de planta enquanto o grupo 2 por genitores de grãos carioca. A geração F₂, oriunda da autofecundação dos híbridos F₁'s, juntamente com os 12 genitores (47 tratamentos), foi avaliada na safra da seca de 2013, em dois locais, Coimbra e Viçosa-MG. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros. Os dados foram analisados conforme modelo de Geraldi e Miranda Filho. Pela análise dialélica conjunta observou-se que os efeitos envolvendo a interação CGC₁ x Locais e CGC₂ x Locais foram significativos, indicando que as estimativas de CGC₁ e CGC₂ são influenciadas de forma diferenciada pelo efeito de local. Assim, a escolha de genitores, considerando a produtividade de grãos, deve ser realizada em cada local. Os efeitos de CGC₁, CGC₂ e CEC foram significativos em ambos os locais de avaliação, o que indica diferença na concentração de alelos favoráveis entre os genitores do mesmo grupo e divergência genética entre os genitores de grupos diferentes. Em Coimbra-MG houve predominância de efeitos aditivos, enquanto que em Viçosa-MG houve equivalência entre os efeitos aditivos e os de dominância. Em Coimbra-MG destacaram-se os genitores Diamante Negro, do grupo 1, e os genitores CNFC 10720 e VC 16, do grupo 2, com as maiores estimativas significativas de CGC. Já em Viçosa-MG se destacaram os genitores Diamante Negro, do grupo 1, e os genitores BRS Estilo, do grupo 2, quanto à frequência de alelos favoráveis envolvidos no controle genético de produtividade de grãos. A combinação híbrida Diamante Negro/BRS Estilo se destacou em ambos os locais. Assim, em função do efeito diferencial de locais nas estimativas de CGC conclui-se que para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais confiáveis a avaliação do dialelo deve ser realizada em mais de um local.

Apoio: CNPq, CAPES e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/ Viçosa-MG, bolsista CNPq

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁴ Professor do Departamento de Biologia Geral, UFV/ Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Capacidade de combinação para caracteres agronômicos em tomate cereja

Roberta Cristina Ribeiro Alencar¹; Mariane Gomes Francisco²; Marilene Hilma dos Santos³; Maurício Ballesteiro Pereira⁴

O tomate cereja (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) é uma variedade rica em antioxidantes como Vitaminas C e A, tocoferóis, fenóis totais e carotenóides, e seu uso é de muita popularidade no mundo. Dessa maneira, para continuar a expansão do segmento de tomate cereja, diversificar os sistemas produtivos e aumentar a opção de cultivares para os produtores e consumidores, é essencial a implementação de atividades de programas de melhoramento. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi analisar a capacidade de combinação de cinco acessos de tomate por meio de um esquema de dialelo parcial. A obtenção dos híbridos foi feita a partir dos cruzamentos dos seguintes genótipos em um esquema de dialelo parcial 2x3: grupo I (ENAS1198 e ENAS1020) e grupo II (ENAS1014, IC e SS). As sementes dos híbridos e dos parentais foram semeadas em bandejas de 128 células contendo substrato próprio para hortaliças, em casa de vegetação. O transplântio foi feito 30 dias após a semeadura e o experimento foi conduzido em campo na área experimental da Fitotecnia, no Instituto de Agronomia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, seguindo o delineamento de blocos ao acaso com três repetições e seis plantas por parcela. Duas características agronômicas foram avaliadas: dias para a emergência (DPE) e dias para o florescimento (DPF). Os dados foram submetidos à análise de variância e posteriormente ao modelo de Griffing (1956) adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988) por meio do programa GENES. O resultado do Teste F (5%) para a variável DPE foi significativo, mas para DPF não houve significância. Por meio desses resultados, pode-se afirmar a existência de variabilidade entre os genótipos avaliados para DPE. Enquanto que o valor da herdabilidade (92,99%) aponta que a variância fenotípica encontrada para essa característica é de causa predominantemente genética. A capacidade geral de combinação, bem como a específica foram significativas indicando ação gênica aditiva e não aditiva, respectivamente. O híbrido em destaque foi ENAS1020 x ENAS1014, apresentando efeito (S_{ij}) negativo, e este poderá ser utilizado em um programa de melhoramento que visem a obtenção de linhas precoces.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica – RJ, rcralencar@gmail.com

² Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica – RJ

³ Professora Adjunta do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica – RJ

⁴ Professor Titular do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica – RJ

Caracteres bromatológicos em programa de melhoramento genético de goiaba no Estado do Espírito Santo

Mylena Gonçalves Raymundo¹; Jéssika Santos de Oliveira²; Sara Maria Andrade Pereira³; Jaqueline Rodrigues Cindra de Lima Souza⁴; Tércio da Silva Souza⁵; Adésio Ferreira⁶

A goiabeira (*Psidium guajava*, L.) pertence à família Myrtaceae que compreende cerca de 100 gêneros e aproximadamente 3.000 espécies. A goiaba ocupa posição de destaque entre as frutas tropicais e subtropicais, por apresentar teores consideráveis de vitaminas A, C e do complexo B. Os elevados teores de fibra, proteínas, açúcares totais e minerais, fazem dela uma das mais completas e equilibradas frutas no que diz respeito ao valor nutritivo. Este trabalho tem como objetivo a caracterização bromatológica dos frutos de 22 genótipos de goiabeira em fase final de melhoramento visando caracteres descritores. Os frutos foram coletados na safra 2014/2015 em pomar comercial da FRUCAFE – Linhares-ES e submetidos às seguintes análises bromatológicas: Acidez Total Titulável (ATT); pH; Sólidos Solúveis Totais (SST); Fibra Bruta (FB); Vitamina C; Pectina (PEC); Proteína Total (PBT); Açúcares Redutores (AR) e Açúcares Totais (AT). Para análise preliminar dos dados foi construído um gráfico do tipo rede no qual foram observadas as características consideradas importantes para indústria de cada genótipo no que se refere à qualidade do fruto, sendo essas os teores de vitamina C, SST, AT, ATT, pH, pectina e lipídeo. Dentre os 22 genótipos avaliados o de cortibel-IV (C4) destacou-se nos caracteres AT (9,83%) e SST (8,80%), estando também, entre os melhores no que se refere aos teores de vitamina C (80,85 mg/100g), pectina (4,20%), lipídeo (6,58%) e ATT (0,50%). Outro destaque foi o genótipo cortibel-XVI (C16) com teor de vitamina C (93,41 mg/100g) e ATT (0,58%). O alto teor de Vitamina C, o sabor agradável, a coloração vermelha intensa para a polpa, elevada acidez e teor de SST são consideradas as melhores características para o consumo *in natura* e para a industrialização. De acordo com o IN nº 12, de 04 de setembro de 2003 do MAPA para polpa de goiaba, os teores aceitáveis de ATT \geq 0,3%, SST \geq 6,03% e Vitamina C \geq 30,0 mg/100g. Sendo assim os genótipos C4 e C16 são os que se apresentaram mais adequados aos parâmetros apreciados para consumo.

Apoio: FAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, IFES/Alegre-ES, bolsista FAPES, mylenagr@hotmail.com

² Estudante de graduação, IFES/Alegre-ES, voluntária PIC

³ Estudante de doutorado, UFES/Alegre-ES, Bolsista FAPES

⁴ Técnico Laboratório, IFES/Alegre-ES

⁵ Professor IFES/Alegre-ES

⁶ Professor UFES/Alegre-ES

Caracterização de acessos de *Cucurbita moschata* (Duch.) do BGH-UFV quanto à dias para floração

Ronaldo Machado Junior¹; Ronaldo Silva Gomes²; Cleverton Freitas de Almeida³; Rafaela Araújo Oliveira Mangini⁴; Lucas Rodrigues Vieira⁵; Derly José Henriques da Silvas⁶

A abóbora (*C. moschata* Duch.), é uma hortaliça-fruto usada em diversos fins entre eles: industrial, alimentício e medicinal. Essa olerícula possui hábito de florescimento monoico, apresentando predominância de flores masculinas sobre as femininas, na maioria das cultivares. Suas flores são de coloração amarela, grandes e vistosas, sendo que as femininas possuem ovário ínfero bem destacado e com o formato que prenuncia aquele do futuro fruto. A biologia floral dessa espécie tem sido fundamental na manutenção e ampliação de sua base genética, permitindo a recombinação gênica entre os indivíduos aparentados e até mesmo os cruzamentos interespecíficos. Do ponto de vista agrônomo, a sincronização no surgimento das flores femininas e masculinas é indispensável à polinização adequada, ao pegamento de frutos e obtenção de maiores produtividades. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi identificar a existência de variação na data de emissão das flores femininas e masculinas em acessos de abóbora pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV). O experimento foi conduzido em condições de campo na Estação Experimental Horta Velha – Pertencente ao Departamento de Fitotecnia da UFV. Foram avaliados 112 acessos e 3 testemunhas comuns (Jabras, Jacarezinho e Maranhão), distribuídos em delineamento de blocos aumentado com 5 blocos com parcelas de 5 cinco plantas, sendo úteis as 3 plantas centrais. Foi realizado inspeções diárias com intuito de identificar a emissão das primeiras flores femininas e masculinas após o transplântio. Os dados obtidos foram submetidos ao teste F na análise de variância que apresentou valor significativo entre os acessos apenas para emissão da primeira flor masculina. Pelo teste de Tukey a 5%, foi possível observar a formação de dois grupos (precoce e tardio) e os acessos que pertencem aos dois grupos simultaneamente podem ser classificados como medianos. A média geral para emissão da primeira flor masculina foi de 46 DAT, média das testemunhas de 43 DAT e média dos acessos de 47DAT. A média geral para emissão da primeira flor feminina foi de 47 DAT, média das testemunhas de 46 DAT e média dos acessos de 47DAT. Conclui-se que há variação quanto à data de emissão de flores masculinas entre os acessos de abóbora pertencentes ao BGH-UFV. A variação quanto a data de floração dos acessos favorece a ampliação da diversidade genética através da troca de gametas masculinos entre as plantas e permite a seleção de genitores com florescimento mais precoce.

Apoio: Capes, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, Ronaldo.junior@ufv.br

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG

³ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Adjunto Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Caracterização fenotípica de híbridos tropicais e temperados de milho-pipoca quanto a produtividade de grãos e caracteres relacionados à absorção e remobilização de nitrogênio após antese

Cleiton Paula da Silva¹; Aloísio Fernando Silva Ribeiro²; Henrique Morais de Oliveira³; Leonardo Alves Rizzo⁴; Vinícius Costa Almeida⁵; José Marcelo Soriano Viana⁶

O milho-pipoca é uma cultura típica do continente americano, bastante apreciado no Brasil. Atualmente, os campos de produção de milho-pipoca vêm aumentando gradativamente no país. No entanto, as condições dos solos brasileiros representam um empecilho ao seu desenvolvimento. O nitrogênio (N) é um nutriente limitante da produção agrícola nos solos tropicais, devido à dinâmica desse elemento no solo. Diante disso o objetivo desse trabalho foi caracterizar híbridos de milho-pipoca quanto a produtividade (PG, Kg/ha), absorção após antese (PosN, kg/ha) e remobilização (RemN, kg/ha) de N. Para isso foram avaliados 4 híbridos tropicais (IAC125, ZELIA, JADE, VxBF) e 4 temperados (P625, P802, AP251, AP4502). Sendo realizado o experimento em delineamento de blocos casualizados com 3 repetições em esquema de parcela subdividida, sendo a parcela constituída por duas doses de N (30 e 180 Kg/ha) e a subparcela constituída pelos 8 híbridos avaliados. A unidade experimental foi composta por duas fileiras de 4 metros com 40 plantas. Os seguintes caracteres foram mensurados: PG, PosN, RemN, nitrogênio no florescimento (NF, kg/ha), nitrogênio na maturação fisiológica (NMF, kg/ha), matéria seca acumulada após antese (PosMs, kg/ha), matéria seca no florescimento (MsF, kg/ha), matéria seca na maturação fisiológica (MsMF, kg/ha), relação PosMs/MsTotal (%). O coeficiente de variação (CV) variou de 13,12 para PG a 33,33 para PosN, evidenciando boa precisão experimental. Não foi verificada diferença significativa para a interação (híbrido x dose de N). Esses resultados evidenciam que níveis de N não influenciam no desempenho médio dos genótipos. Por outro lado, foi observada diferença significativa entre os híbridos para PG, NMF, PosN, PosMs e MsMF. A maior produtividade foi obtida para o híbrido JADE (7497 Kg/ha) e a menor produtividade foi obtida para o híbrido P802 (3746 Kg/ha). Em relação aos caracteres NMF, PosN, MsMF e PosMs, o genótipo VxBF apresentou os maiores valores, 64, 89, 6071, 11043 Kg/ha, respectivamente. De maneira geral os híbridos tropicais apresentaram maiores valores para PosN e PosMs em relação aos híbridos temperados. Estes resultados sugerem que os materiais tropicais continuam o processo de absorção N na fase reprodutiva, portanto podem alcançar maiores produtividades. Conclui-se que os materiais tropicais avaliados são mais adaptados as condições de alta e baixa disponibilidade de N. Possibilitando o uso desses híbridos para obtenção de populações melhoradas em relação a absorção de N após antese.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq, cleiton.paula@ufv.br;

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG,

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG,

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG,

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG,

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Caracterização morfológica de isolados de *Colletotrichum* spp. coletados em *Capsicum* spp.

Ingrid Gaspar da Costa Geronimo¹, Grazielle da Silva Fiuza², Cláudia Pombo Sudré³, Cintia dos Santos Bento⁴, Samy Pimenta⁴, Rosana Rodrigues⁵

Fungos do gênero *Colletotrichum* são cosmopolitas e são relatados como patógenos de vários hospedeiros, dentre eles as plantas do gênero *Capsicum*, no qual causam a doença conhecida como antracnose. Tradicionalmente a identificação destes patógenos é realizada a partir de características culturais e morfológicas. Dessa forma foram caracterizados morfológicamente e culturalmente 31 isolados de *Colletotrichum* coletados nos estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo e São Paulo. As características avaliadas foram formato e tamanho dos conídios e velocidade de crescimento micelial em meio BDA por sete dias a $25^{\circ}\text{C} \pm 1$ sob luz fluorescente contínua. As variáveis comprimento e largura dos conídios; a relação entre essas medidas; o índice de velocidade do crescimento micelial; e o formato dos conídios foram analisadas utilizando estatística descritiva e análise multivariada, na qual obteve-se a matriz conjunta pelo algoritmo de Gower e a divergência genética por meio do método UPGMA. O formato do conídio predominante encontrado foi reto, cilíndrico, de ápices arredondados seguido de conídios retos, cilíndricos com pelo menos uma extremidade afilada. Esses formatos correspondem a *C. gloeosporioides*. A velocidade de crescimento da colônia variou entre 4,77 a 10,76 mm/dia, com média de 7,5 mm/dia. Já o isolado #29 teve o maior crescimento micelial, 73,81 mm, e o 1804 foi o que menos cresceu com 38,50 mm. O tamanho médio das colônias ao final de sete dias foi de 52,19 mm de diâmetro. Pode ser observado a formação de quatro grupos, onde os isolados #29, #45 e #73 foram separados dos demais, cada um formando um grupo único, provavelmente devido ao seu formato e medidas dos conídios. O grupo IV foi composto pelos demais isolados que foram alocados em um grande grupo, o qual foi subdividido em sete subgrupos para melhor interpretação dos resultados. Esses isolados tiveram o formato predominante reto, oblongo, com ápices arredondados, característico de *C. gloeosporioides*. O isolado #8.1, que já era previamente identificado como esta espécie, ficou próximo a todos os isolados do grupo IV a cerca de 0,8, demonstrando a similaridade entre eles. Dessa forma, pode-se concluir que de acordo com os formatos dos conídios e com o agrupamento morfológico observados há possibilidade dos isolados #29, #45 e #73 não pertencerem à espécie *C. gloeosporioides*, sendo esta a espécie predominante encontrada.

Apoio: FAPERJ

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UENF/Campos dos Goytacazes- RJ, bolsista FAPERJ, igcgeronimo@gmail.com

² Estudante de graduação, UENF/Campos dos Goytacazes- RJ, Bolsista UENF

³ Técnica de Nível Superior do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, UENF/Campos dos Goytacazes- RJ

⁴ Pós Doutorando do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, UENF/Campos dos Goytacazes- RJ

⁵ Professora Associada do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, UENF/Campos dos Goytacazes- RJ

Compatibilidade de cruzamentos intra e interespecíficos em tomateiro

André Ricardo Zeis¹; André Gabriel¹; Ricardo Antônio Zeist²; Julio José Nonato¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende³; Marcos Ventura Faria³

Para realização dos cruzamentos artificiais em tomateiro é necessário compreender as características de reprodução de cada espécie e avaliar a compatibilidade intra e interespecífica. O objetivo com este trabalho foi avaliar a compatibilidade de cruzamentos artificiais intra e interespecífico em tomateiro. Foram utilizados nove genitores, sendo sete silvestres: *Solanum pimpinellifolium* acesso “AF 26970”; *Solanum galapagense* acesso “LA-1401”; *Solanum peruvianum* acesso “AF 19684”; *Solanum chilense* acesso “LA-1967”; *Solanum habrochaites* Var. *Hirsutum* acesso “PI-127826”; *Solanum habrochaites* Var. *Glabratum* acesso “PI-134417”; e *Solanum pennellii* acesso “LA-716”, e duas linhagens *Solanum lycopersicum*: Redenção; e M8. Foram realizados todos os cruzamentos e seus recíprocos em esquema dialélico, gerando 72 combinações híbridas. Além dos cruzamentos, realizou-se a autopolinização dos genitores. A partir do início do florescimento, foram realizados 50 cruzamentos artificiais para cada combinação híbrida e 50 autopolinizações manuais para cada genitor, totalizando 4.050 polinizações. A emasculação dos botões florais foi realizada no período da manhã, antes da antese. Após a emasculação, as flores foram polinizadas manualmente, por meio do procedimento de encostar o estigma em um recipiente contendo pólen coletado de flores recém-abertas. Após a polinização, as flores foram devidamente identificadas. O índice de pegamento de cruzamento artificiais (IP) foi determinado por meio da contagem dos frutos formados, expresso em porcentagem. Foi possível observar que quando utilizadas as espécies silvestres *S. chilense*, *S. habrochaites* Var. *Hirsutum*, *S. habrochaites* Var. *Hirsutum* e *S. pennellii* como genitores femininos em cruzamentos interespecíficos, não houve compatibilidade com o pólen de *S. habrochaites* Var. *Hirsutum*, “Redenção” e “M8”; *S. pimpinellifolium*, *S. galapagense*, *S. pennellii*, “Redenção” e “M8”; linhagem M8; e *S. pimpinellifolium*, *S. galapagense*, *S. chilense* e *S. habrochaites* Var. *Glabratum*, respectivamente. Por sua vez, quando realizado o recíproco destes cruzamentos, ocorreu a formação de frutos. As espécies que apresentaram melhor comportamento como genitores femininos foram *S. pimpinellifolium*, *S. galapagense*, *S. peruvianum* e as linhagens Redenção e M8 (*S. lycopersicum*), ocorrendo IP > 26% com o pólen de todos os genitores masculinos. Em relação às autofecundações, a espécie *S. chilense*, foi à única que apresentou 0% de IP. Quando realizados cruzamentos intraespecíficos entre as linhagens *S. lycopersicum*, “Redenção” e “M”, verificou-se IP > 84%. Por sua vez, quando cruzadas as variedades *S. habrochaites* e *S. Glabratum* pertence à espécie *S. habrochaites*, houve formação de frutos apenas quando utilizada *Glabratum* como genitor feminino, com IP de 92%. De modo geral, o IP demonstrou a existência de uma diversidade de comportamentos reprodutivos entre os tomateiros avaliados no presente trabalho.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Acadêmico de doutorado Unicentro/Guarapuava- PR, Bolsista CAPES. andre.zeist@bol.com.br

²Acadêmico de Graduação IDEAU/Getúlio Vargas-RS,

³Docente do Departamento de Agronomia, Unicentro/Guarapuava- PR.

Comportamento agronômico de híbridos experimentais desenvolvidos na UFV, em Coimbra, MG, na safra 2015/16

Mateus Cupertino Rodrigues¹; Wemerson Mendonça Rezende²; Tatiane Freitas Horta Trindade²; Fagner Souto Dias³; Fabíola dos Santos Dias¹; Rodrigo Oliveira DeLima⁴

A avaliação de caracteres agronômicos em híbridos experimentais de milho é importante, pois faz parte de uma etapa crucial do programa de melhoramento. É necessário que se avalie os híbridos, pois o desempenho *per se* das linhagens não se correlaciona com o desempenho do híbrido, principalmente para aqueles caracteres que o desvio de dominância é diferente de zero, como produtividade de grãos. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento agrônomo de 64 híbridos experimentais de milho. Foram avaliados 64 híbridos experimentais de milho, desenvolvidos pelo Programa Milho®, programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa (UFV) juntamente com 3 híbridos comerciais (BM812PROPRO2, SHS7920PRO e BM207) amplamente plantados na região, que foram utilizados como testemunhas. O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Coimbra, pertencente ao Departamento de Fitotecnia, UFV. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela foi constituída de uma linha de três metros de comprimento, espaçadas em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) corrigido para 14,5% de umidade. Os dados foram submetidos à análise de variância e, posteriormente, para aqueles caracteres que apresentaram diferenças significativas entre médias de híbridos ($P < 0,05$), foi realizado um teste de agrupamento de médias de Scott-Knott. Houve efeito significativo ($P < 0,05$) para a fonte de variação híbridos para todos os caracteres, ou seja, há pelo menos um contraste entre médias de híbridos que difere de zero. O coeficiente de variação experimental foi de 18,7%, 9,6%, e 8,9% para PG, AP e AE, respectivamente, o que indica boa precisão experimental para os caracteres avaliados. A média geral para PG, AP e AE foi de 9275 kg ha⁻¹, 203 cm e 108 cm, respectivamente. Os caracteres PG, AP e AE foram agrupados em cinco, um e um grupos, respectivamente, pelo teste de agrupamento de médias. Treze híbridos apresentaram PG acima de 12271 kg ha⁻¹ e foram agrupados no grupo “a”. Os híbridos experimentais 73x92, 16x06, 104x72, 73x17, 63x82, 76x93, 108x66, 67x112, 104x70 e 99x68 produziram mais de 12000 kg ha⁻¹ (200 sacos ha⁻¹). O híbrido 76x93 apresentou PG de 15394 kg ha⁻¹ e essa produtividade foi maior que a produtividade média de todos os híbridos comerciais. Conclui-se que há híbridos experimentais de milho altamente produtivos, com destaque para o 76x93, que podem ser recomendados para região da Zona da Mata de Minas Gerais.

Apoio: CNPq, Capes, Funarbe e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de doutorado, bolsista Fapemig, UFV/Viçosa – MG. E-mail: mateusagroufv1987@gmail.com

²Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG.

³Estudante de mestrado, bolsista Capes, UFV/Viçosa-MG.

⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Comportamento agrônômico de progênies de cafeeiros arábica resistentes à ferrugem no município de Turmalina-MG

Pedro Henrique Silva Ferreira¹; Antonio Carlos Baião de Oliveira²; Antonio Alves Pereira³; André Fraga Sudário⁴; Diondevon Rocha de Oliveira⁵; Vanessa Vitoriano Pereira⁶

Na avaliação e seleção de progênies em programas de melhoramento genético do cafeeiro inúmeras características são analisadas, como a produtividade, o vigor das plantas, a resistência a pragas e doenças e a tolerância a estresses abióticos. Além desses parâmetros, os melhoristas têm buscado cafeeiros com melhor qualidade de grãos, com foco principal na uniformidade de maturação dos frutos. Dessa forma, objetivou-se avaliar a produtividade e maturação de frutos de 23 progênies de cafeeiros arábica resistentes à ferrugem e de uma testemunha suscetível à doença, a cultivar Catuaí Vermelho IAC 99. O experimento foi instalado na Fazenda Turmalina, no município de Turmalina-MG, com 24 genótipos, três repetições e seis plantas por parcela, em espaçamento de 4,0 x 1,0 m entre fileiras e plantas, respectivamente. O delineamento estatístico foi o de blocos ao acaso. As características avaliadas na colheita de 2008 foram: produtividade, em sacas de 60 kg de café beneficiado por hectare (sc/ha); porcentagem de frutos nos estádios cereja, verde, passa e seco; e a porcentagem de frutos chochos. Foram realizadas análises individuais de variância e as médias foram agrupadas pelo critério de Scott-Knott, a 5 % de probabilidade. Foram observadas diferenças significativas entre as progênies para todas as características avaliadas, exceto para a porcentagem de frutos secos. Considerando os frutos cereja, aqueles que apresentam completa maturação fisiológica, as progênies foram divididas em dois grupos. O primeiro grupo foi composto por 14 progênies que apresentaram médias acima de 68,1%. Em contrapartida, a progênie H 419-6-3-6-3-1 apresentou a menor média com 39,2% de frutos cereja. Com relação aos frutos verdes, o grupo com menor média foi constituído por 14 progênies, apresentando valores inferiores a 27,3%. A progênie H 419-6-3-6-3-1 apresentou, em média, 51,8% dos frutos verdes, o que significa que esse genótipo pode ter uma maturação tardia. Para a característica frutos passa, observou-se que a cultivar testemunha, juntamente com quatro progênies, apresentaram os maiores valores, com amplitude de 8,5 a 13,9%. O grupo com as menores médias apresentou variação de 1,4 a 6,1%. Em relação aos frutos secos, as médias variaram de 0,7 a 11,6%, com média geral de 3,2%. Com relação aos frutos chochos, as progênies foram divididas em dois grupos. A cultivar testemunha e 11 progênies formaram o grupo com as menores médias, apresentando valores inferiores a 3,7%. As maiores produtividades foram observadas em 11 progênies, com médias superiores a 16,9 sc/ha, sendo que a maior produtividade foi registrada pela progênie H 518-3-6-11-1 com 27,3 sc/ha. A cultivar testemunha apresentou média de 11,7 sc/ha e a menor produtividade foi de 3,9 sc/ha, atribuída à progênie H 419-10-4-3-12-1. Pode-se concluir que existe variabilidade genética entre as progênies avaliadas para a maioria das características analisadas, com destaque para as progênies H 419-3-3-7-16-11 e H 518-3-6-11-1.

Apoio: FAPEMIG, Consórcio Pesquisa Café e CNPq
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG, pedrohsferreira29@gmail.com

² Pesquisador Embrapa Café, EPAMIG/Viçosa-MG

³ Pesquisador EPAMIG Sudeste, EPAMIG/Viçosa-MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG

Comportamento meiótico e viabilidade polínica em erva-cidreira brasileira, quimiótipo citral

Tatiana de Oliveira Pinto¹; Amanda Rodrigues Paes Leme de Mello²; Pedro Corrêa Damasceno Junior³

As propriedades terapêuticas das plantas medicinais estão relacionadas com a atividade biológica dos compostos sintetizados por estas, dentre os quais, os óleos essenciais que são empregados nas indústrias farmacêutica, alimentícia e cosmética e na aromaterapia. Dentre as plantas com potencial para exploração comercial de seus óleos essenciais a erva-cidreira brasileira (*Lippia alba*) apresenta uma grande variação fitoquímica qualitativa e quantitativa, separando-a em diferentes quimiótipos. Porém, esta variação representa um fator limitante ao seu cultivo comercial, havendo a necessidade de desenvolvimento de genótipos que sejam produtivos, estáveis e mantenham a uniformidade química exigida pela indústria. Não há genótipos de erva cidreira brasileira disponíveis para o plantio comercial quando se pretende explorar a produção do óleo essencial e dos princípios ativos presentes. Programas de melhoramento genético de erva-cidreira brasileira devem priorizar os ganhos de seleção no decorrer dos anos, neste sentido a aplicação de métodos de hibridação na cultura são de grande importância. Para a viabilidade desta aplicação, conhecer a estabilidade reprodutiva ou meiótica na cultura é essencial. Desta forma, o objetivo desta pesquisa foi analisar, através de estudos meióticos, a formação dos gametas masculinos, importantes na obtenção de progênes. Para isso foram utilizados acessos de *L. alba* conservados na coleção de germoplasma da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, em Seropédica, RJ. Foram utilizados botões florais do quimiótipo citral em diferentes estágios de desenvolvimento, coletados a partir de plantas adultas, pertencentes ao mesmo genótipo, fixados em solução de etanol e ácido acético (3:1) e armazenados em freezer. Os botões florais foram dissecados, tendo todas as anteras do botão retiradas e esmagadas em 1% de carmim acético. Lâminas foram montadas e observadas em microscópio óptico. Para análise da viabilidade polínica dez botões florais em antese foram dissecados, tendo suas anteras maceradas para liberação dos grãos de pólen, que foram corados com Solução Tripla de Alexander. As lâminas foram observadas em microscópio óptico. Foram contados 500 grãos de pólen por lâmina, sendo classificados em viáveis e não viáveis de acordo com sua coloração. Todas as imagens foram obtidas em câmera digital de alta resolução. Foram observados 15 bivalentes em células em diacinese, confirmando que a espécie é diploide, com $2n=2x=30$ cromossomos. Nas células em divisão foi observada a presença de citomixia. Produtos meióticos irregulares como díades, tríades e políades também foram registrados, sendo de 1,07%, 8,45% e 2,46% respectivamente. O índice meiótico foi estimado em 90,07% e a média da viabilidade polínica em 97%. Conclui-se que o genótipo analisado apresenta estabilidade meiótica bastante satisfatória. Diante dos resultados, recomenda-se a inserção do genótipo no programa de melhoramento genético da erva-cidreira conduzido na UFRRJ.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Doutoranda do Programa de pós-graduação em Fitotecnia, UFRRJ/ Seropédica - RJ, bolsista CAPES, tatianaoliveira91@hotmail.com

²Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica-RJ

³ Professor Adjunto IV, Departamento de Fitotecnia, Instituto de Agronomia, UFRRJ/Seropédica-RJ

Comportamento produtivo de híbridos comerciais de milho em Viçosa, MG, na safra 2015/16

Ramon Ribeiro Badaró¹; Mateus André Massensini¹; Ana Izabella Freire²; Fagner Souto Dias³; Mateus Cupertino Rodrigues²; Rodrigo Oliveira DeLima²

O desempenho produtivo de híbridos de milho em regiões específicas sempre foi um fator muito importante a ser considerado na hora do produtor fazer a escolha do melhor híbrido a ser cultivado em sua propriedade. Quanto mais adaptado o híbrido for para a região maior será a produtividade e, conseqüentemente, maior será a lucratividade da cultura. Com isso, o objetivo desse trabalho foi avaliar o comportamento de 66 híbridos comerciais de milho, a fim de identificar quais os mais produtivos na região de Viçosa, MG, na safra 2015/16. Os 66 híbridos foram avaliados para produtividade de grãos (PG, kg⁻¹) na Estação Experimental da Horta Nova, localizado em Viçosa, MG, e pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, na safra 2015/16. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Cada parcela foi constituída por duas fileiras de quatro metros, espaçadas em 0,80 m. Foram feitas adubações de plantio e cobertura e todos os demais tratos culturais de acordo com recomendações técnicas para a cultura do milho na região. Os dados foram submetidos a análise de variância e aqueles que foram significativos tiveram suas médias comparadas pelo teste DMS – t a 5% de probabilidade. Os híbridos comerciais testados apresentaram diferença significativa ($P < 0,05$) para os três caracteres avaliados. Assim, há pelo menos um contraste de média entre os contrastes testados que difere de zero. O coeficiente de variação do experimento variou de 3,68% a 11,23%, ou seja, o experimento apresentou boa precisão experimental. Para PG, a média geral dos híbridos foi de 11279 kg ha⁻¹, com variação de 7330 kg ha⁻¹ a 13787 kg ha⁻¹. Não houve uma boa discriminação dos híbridos pelo teste de médias, pois o DMS-t para PG foi alto. Entretanto, oito híbridos apresentaram médias superiores a 13000 kg ha⁻¹, quais foram, em ordem decrescente de PG, BM709PRO2, P3456H, DKB390PRO2, BG7049, AS1656PRO3, AS1633PRO2, DKB177PRO e P3844H. E seis híbridos, 30A37PW, 2A401PW, XB9003BT, 2B633PW, XB8018 e GNZ2005YG, apresentaram médias inferiores à 150 sacos ha⁻¹. Houve uma tendência de os híbridos de tipos simples e precoces apresentarem médias maiores relação aos duplos, triplos e superprecoces. Conclui-se que há uma enorme variação entre os híbridos comerciais de milho para produtividade de grãos e os híbridos BM709PRO2 (13787 kg ha⁻¹) e P3456H (13734 kg ha⁻¹) se destacam com mais indicados e produtivos na região de Viçosa e os híbridos GNZ2005YG (7330 kg ha⁻¹) e XB8018 (8499 kg ha⁻¹) de destacam como menos produtivos e menos indicados para região.

Apoio financeiro: Ao CNPq, CAPES, FAPEMIG e FUNARBE.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG. E-mail: ramon.badaro@ufv.br

²Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Comportamento produtivo de híbridos experimentais de milho desenvolvidos pela Embrapa, em Coimbra, MG, na safra 2015/2016

Ramon Ribeiro Badaró¹; Mateus André Massensini¹; Maria Eduarda Jardim¹; Mateus Cupertino Rodrigues²; Lauro José Moreira Guimarães³; Rodrigo Oliveira DeLima⁴

O Brasil tem destaque juntamente com os Estados Unidos, China e Argentina na produção milho no mundo. Na safra 2015/16 foram plantados mais de 170 milhões de hectares e estima-se um produção de mais de 1 bilhão de toneladas de grãos de milho. O Brasil ocupa a posição de terceiro maior produtor e segundo maior exportador desse cereal. E isso só é possível devido ao desenvolvimento de novos híbridos de milho pelas empresas de sementes. Uma etapa muito importante no desenvolvimento de híbridos de milho é a fase de avaliações de cultivares em fase final de avaliação em ensaios de competição. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar o comportamento produtivo de 31 híbridos experimentais de milho desenvolvidos pela Embrapa Milho e Sorgo juntamente com cinco testemunhas comerciais. O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Coimbra, Coimbra, MG, na safra 2015/16. O delineamento experimental utilizado foi látice 6x6. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros espaçadas 0,8 m entre si, constituindo uma área útil de 6,4 m². As adubações de plantio, de cobertura e os demais tratos culturais foram feitos de acordo com recomendações técnicas para a cultura do milho na região. Os caracteres avaliados foram altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), prolificidade (PRL, número de espigas por planta) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Foi realizada uma análise de variância. Não houve diferença significativa ($P < 0,05$) para os caracteres avaliados. Os coeficientes de variação experimental variaram de 6,03 a 20,67%, com 10,34% para o caractere PG, o que indica uma boa precisão experimental. A produtividade média dos híbridos foi de 11788 kg ha⁻¹, aproximadamente 196 sacos ha⁻¹, com variação de 94200 a 13272 kg ha⁻¹. Quinze híbridos experimentais tiveram PG superior ao híbrido AG8080PROX, um híbrido simples precoce usado como testemunha. Dentre esses, destacam-se os híbridos 1M1731 e 1N1975 que produziram mais que a melhor testemunha (DKB 390 PRO). A média para AP e AE foram 247 cm, 120 cm, respectivamente. A PRL variou de 0,915 a 1,7, com média de 1,31 espigas por planta. Conclui-se que, embora os híbridos experimentais de milho não diferenciaram entre si, é possível identificar híbridos de milho com alto potencial produtivo para região de Coimbra, MG, com destaque para os híbridos experimentais 1M1731 e 1N1975.

Apoio: CNPq e Fapemig e Funarbe

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG. E-mail: ramon.badaro@ufv.br

²Estudante de doutorado, UFV/Viçosa-MG, Bolsista Fapemig

³Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo/Sete Lagoas-MG

⁴Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Controle genético da precocidade de feijão

Naine Martins do vale¹; Leiri Daiane Barili²; Lisandra Magna Moura³; Gabriela dos Santos Pereira⁴; Laércio Resende Junior⁵; Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁶

A precocidade em feijão pode ser vantajosa em algumas situações. No cultivo do outono-inverno em sucessão a outras culturas, uma vez que a gleba fica disponível por período mais curto. Também no cultivo da seca genótipos precoces podem produzir mais que os de ciclo normal, ocasião em que as chuvas se concentram mais na fase inicial da cultura e na safra das águas cultivares precoces minimizam os riscos de coincidir sua floração com o período de altas temperaturas. O conhecimento do controle genético dos caracteres de interesse são de suma importância para a condução eficiente de um programa de melhoramento, possibilitando ao melhorista escolher o procedimento mais adequado a ser empregado na seleção, bem como os métodos de melhoramento mais eficientes a serem utilizados para condução das populações segregantes. No entanto, há poucos relatos a respeito da herança da precocidade em feijoeiro. Assim, o objetivo com esse trabalho foi determinar o controle genético da precocidade, com base na análise dialélica parcial. Desta forma, nove linhagens de feijão foram cruzadas em esquema de dialelo parcial (4x5), em que o grupo I foi composto por cinco linhagens elites, de ciclo normal, com alto potencial produtivo e grãos tipo carioca (RP1, VC15, VC33, BRSMG Madrepérola e BRS Estilo) e o grupo II por quatro linhagens (Goiano Precoce; Xan112; Carioca1070; Rosinha Precoce) de ciclo precoce. Os F₂ e os genitores foram avaliados a campo na safra de inverno de 2013 em delineamento de blocos casualizados com três repetições e parcelas de duas linhas de 1,0 m de comprimento, espaçadas de 0,50 m. Foram avaliados o ciclo e a produtividade de grãos (PROD) em kg ha⁻¹. A avaliação do ciclo das plantas foi feita pelo número de dias decorridos entre a emergência e o florescimento (DEF). Para a análise dialélica foi utilizado o modelo de dialelo parcial proposto por Viana adaptado do modelo de Hayman. Os coeficientes de regressão de W_r em função de V_r e de W_s em função de V_s foram não significativos, indicando que o modelo aditivo-dominante foi suficiente para o estudo do controle genético dos caracteres DEF e PROD. O grau médio de dominância para DEF foi positivo e superior a unidade tanto para o grupo I (6,01), quanto para o grupo II (3,51), indicando efeito de sobredominância no controle genético desses caracteres. Os alelos favoráveis envolvidos no controle dos caracteres DEF e PROD estão distribuídos de forma assimétrica entre os genitores dos dois grupos. Os genitores com a maior concentração de alelos favoráveis (dominantes) foram no grupo I BRS Estilo e do grupo II Goiano precoce não-fixados nas linhagens do grupo II, sendo, portanto, de maior potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento visando a redução do ciclo em feijoeiro. A variação de natureza aditiva contribuiu para o controle gênico, havendo sobredominância para DEF.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Pós-doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, nainemartinsdovale@hotmail.com

² Pós-doutoranda do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Estudante de doutorado do curso em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq

⁴ Estudante de graduação do curso Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁵ Estudante de doutorado do curso em Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁶ Professor do departamento de Biologia, UFV/Viçosa - MG

Correlação fenotípica em genótipos de arroz em condições de manejo irrigado por inundação

Gabriel da Rocha¹; Bruna Rafaela da Silva Menezes²; Luiz Beja Moreira³; Maurício Ballesteiro Pereira⁴; Higino Marcos Lopes³; Rafael Hydalgo Passeri Lima⁵

O arroz (*Oryza sativa* L.) representa 30% da produção mundial de cereais. É o segundo em produção e área cultivada, perdendo apenas para o trigo. O Estado do Rio Grande do Sul apresenta a maior produção nacional, sendo o que mais produz arroz irrigado no Brasil. O arroz vermelho é considerado praga em muitas lavouras de arroz branco, mas devido a algumas características, principalmente nutricionais, vem sendo obtivo de alguns programas de melhoramento de plantas. A associação entre caracteres é importante no melhoramento, principalmente quando a característica é de difícil mensuração ou de baixa herdabilidade. Nesse caso, recomenda-se a seleção indireta com base em características de fácil mensuração e de herdabilidade alta. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a correlação fenotípica entre oito características morfoagronômicas em quatro genótipos de arroz em condições de manejo irrigado por inundação. O experimento foi conduzido no campus da UFRRJ, Departamento de Fitotecnia, Seropédica-RJ na safra de 2009/2010. Os genótipos avaliados foram dois de arroz vermelho ('Vermelho Pequeno' e 'Vermelho Virgínia') e dois do arroz branco ('TIO TAKA' e 'EPAGRI109'). As características avaliadas foram: ângulo da folha bandeira (ANG); altura da planta em cm (ALT); perfilho por metro linear (PERF.M); número de espiguetas por panícula (N°ESP.PAN.); massa seca da planta em gramas (MASECPLANT); peso de mil sementes em gramas (PESO1000); índice de colheita; e produtividade em kg.ha⁻¹ (PROD). O delineamento experimental utilizado foi o em blocos ao acaso, com cinco repetições. Foi realizada a análise de correlação fenotípica e a significância foi avaliada por meio do teste t (P<0,05). Foi verificada correlação fenotípica negativa e significativa entre a PROD e as características ALT e ANG com valores de -0,7173 e -0,9345, respectivamente. Isso significa que genótipos de arquitetura moderna, com menor ALT e ANG possuem a tendência de serem mais produtivos. Já em relação às características PERF.M e IC foram observadas correlações fenotípicas positivas e significativas com a PROD. Esses resultados indicam que ao selecionar genótipos de arroz que apresentem maior PERF.M seleciona-se indiretamente genótipos mais produtivos.

Apoio: CAPES e CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Graduando em Engenharia Agrônoma, UFRRJ/Seropédica-RJ, bolsista PROIC, gabriel195c@gmail.com

² Professor Adjunto do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica-RJ

³ Professor Titular do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica-RJ

⁴ Professor Titular do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica-RJ

⁵ Estudante de doutorado em Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica-RJ, Bolsista CAPES

Correlação fenotípica em genótipos de arroz em condições de sequeiro

Gabriel da Rocha¹; Bruna Rafaela da Silva Menezes²; Luiz Beja Moreira³; Maurício Ballesteiro Pereira⁴; Higino Marcos Lopes³; Rafael Hydalgo Passeri Lima⁵

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais consumidos, sendo o Brasil o nono produtor mundial. Alguns genótipos de arroz possuem o pericarpo avermelhado devido ao acúmulo de antocianina ou tanino. Para atender a demanda crescente da população faz-se necessário a melhoria no potencial produtivo das cultivares existentes. Portanto, o aumento da produtividade em genótipos continua a ser o principal objetivo em programas de melhoramento de arroz. As correlações medem o grau de associação entre duas variáveis, podendo se selecionar uma característica com base em outra de herança menos complexa e de fácil mensuração. Com isso, o objetivo deste trabalho foi estimar a correlação fenotípica entre oito características morfoagronômicas em quatro genótipos de arroz em condições de sequeiro. O experimento foi conduzido no campus da UFRRJ, Departamento de Fitotecnia, Seropédica-RJ na safra de 2009/2010. Os genótipos avaliados foram dois de arroz vermelho ('Vermelho Pequeno' e 'Vermelho Virgínia') e dois do arroz branco ('Caiapó' e 'BRS Primavera'). As características avaliadas foram: ângulo da folha bandeira (ANG); altura da planta em cm (ALT); perfilho por metro linear (PERF.M); número de espiguetas por panícula (N°ESP.PAN.); massa seca da planta em gramas (MASECPLANT); peso de mil sementes em gramas (PESO1000); índice de colheita; e produtividade em kg.ha⁻¹ (PROD). O delineamento experimental utilizado foi o em blocos ao acaso, com cinco repetições. Foi realizada a análise de correlação fenotípica e a significância foi avaliada por meio do teste t (P<0,05). Houve correlação negativa e significativa entre as características ANG x PERF.M (-0,6325); PERF.M x N°ESP.PAN. (-0,9332); PERF.M x IC (-0,9726). Ou seja, com o aumento do PERF.M ocorre diminuição do ANG, N°ESP.PAN. e do IC em condições de cultivo de sequeiro nos genótipos de arroz avaliados. Já em relação às características ANG x IC, ALT x PROD, N°ESP.PAN x IC, MASECPLANT x PESO1000, PESO1000 x PROD houve correlação fenotípica positiva e significativa de 0,7944; 0,8642; 0,9547; 0,9647; 0,7233, respectivamente. A correlação entre PESO1000 x PROD foi elevada e positiva, indicando possibilidade de seleção indireta para estas variáveis.

Apoio: CAPES e CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Graduando em Engenharia Agrônoma, UFRRJ/Seropédica-RJ, bolsista PROIC, gabriel195c@gmail.com

² Professor Adjunto do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica-RJ

³ Professor Titular do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica-RJ

⁴ Professor Titular do Departamento de Genética, UFRRJ/Seropédica-RJ

⁵ Estudante de doutorado em Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica-RJ, Bolsista CAPES

Correlação fenotípica para tamanho e forma de grãos de café arábica

Diondevon Rocha¹; Antonio Carlos Baião²; Antonio Alves Pereira³; Ivan de Paiva Barbosa⁴; Pedro Henrique Silva Ferreira⁵; André Fraga Sudário⁶

O café é uma importante cultura para o Brasil, sob o ponto de vista econômico e social, pois gera, anualmente, grande soma de divisas e milhares de postos de trabalho, no setor de produção e comercialização. O melhoramento genético do cafeeiro vem buscando o incremento de características desejáveis para a cultura, como resistência à ferrugem, aumento em produtividade, ganho no vigor vegetativo e também uma maior padronização no tamanho e formato dos grãos. Essas duas últimas características são de extrema importância no momento da comercialização do café. Dessa forma, esse trabalho teve como objetivo estimar os coeficientes de correlação fenotípica entre o tamanho e o formato dos grãos de café produzidos por cultivares e progênies elites de cafeeiros resistentes à ferrugem. Os dados foram oriundos de um ensaio instalado no Campo Experimental da Epamig de Patrocínio, na região do alto Paranaíba de Minas Gerais. O delineamento estatístico adotado foi o de blocos ao acaso, com 32 tratamentos, quatro repetições e parcelas de seis plantas. O espaçamento foi de 3,5 x 0,80m. Os dados foram avaliados pelo teste t a 1% de probabilidade. Na colheita de 2013, foram avaliados o tamanho e o formato dos grãos. A classificação por tamanho foi realizada por meio de peneiras, alocadas de maneira sobrepostas, de modo que uma amostra de grãos de café do tipo chato, de 100g foi passada pelo conjunto de quatro peneiras de orifícios circulares de 14/64, 15/64, 16/64 e 17/64 polegadas. O formato dos grãos foi avaliado, também, pela utilização de uma amostra de 100g de grãos de café beneficiado, que foi separada, manualmente, nos tipos chato e moça. Essas proporções foram pesadas em balança eletrônica com precisão de duas casas decimais e determinada as respectivas porcentagens de cada tipo de grão. De forma geral, as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica foram de baixas magnitudes, com a presença de sinais positivos e negativos. As porcentagens de grãos tipo moça e chato apresentaram alta correlação negativa (-0,9459). A associação entre a porcentagem de grãos chatos e daqueles retidos na peneira 15/64” também apresentou correlação negativa (-0,4557). Grãos moça e classificados na peneira 15/64” apresentaram correlação positiva (0,5522). Já a correlação entre a porcentagem de grãos do tipo moça e aqueles retidos na peneira 17/64” foi negativa (-0,5096). A correlação entre a porcentagem de grãos classificados nas peneiras 15/64” e 14/64” foi de 0,893. Os coeficientes de correlação fenotípica entre as porcentagens de grãos classificados nas peneiras 17/64” e 15/64” (-0,9665), 17/64” e 14/64” (-0,8496) e 17/16” e 16/64” (-0,8229) foram todos negativos e de magnitudes elevadas. A porcentagem de grãos do tipo chato apresentou correlação positiva de 0,4041 com a porcentagem de grãos retidos na peneira 17/64” e negativa (-0,9459) com relação à porcentagem de grãos tipo moça, que são desejáveis sob os aspectos da qualidade do grão a ser comercializado.

Apoio Fapemig, Consórcio Pesquisa Café.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsistas PIBIC FAPEMIG/EPAMIG, diondevonrocha@gmail.com;

² Pesquisador Embrapa Café, Epamig/Viçosa - MG;

³ Pesquisador EPAMIG/UREZM, Epamig/Viçosa - MG;

⁴ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES;

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsistas PIBIC FAPEMIG/EPAMIG;

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsistas PIBIC FAPEMIG/EPAMIG.

Correlações canônicas entre caracteres morfológicos e componentes de produção em germoplasma de (*Cucurbita moschata* Duch.)

Ronaldo Silva Gomes¹; Ronaldo machado Júnior²; Rafaela Araújo Mangini³; Yovane Cardenas de Aquino⁴; Filipe Cassimiro Magalhães de Paula⁵; Derly José Henriques da Silva⁶

O germoplasma de abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) apresenta uma ampla diversidade genética, especialmente no Brasil. Associado a isto, a análise de correlações canônicas em germoplasma dessa olerícula permite o agrupamento das variáveis de interesse na sua avaliação, estima a associação entre os grupos de variáveis, além de possibilitar a seleção indireta de caracteres. Diante disso, este trabalho teve como objetivo analisar as correlações canônicas entre caracteres morfológicos e componentes de produção em germoplasma de *C. moschata*, com vistas à seleção indireta para os componentes de produção. O experimento foi conduzido na unidade experimental “Horta Velha”, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), no período de janeiro a abril de 2016. Foram avaliados 51 acessos de *C. moschata* do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH- UFV) e três genótipos como testemunhas; o híbrido comercial Tetsukabuto e as cultivares Jacarezinho e Maranhão. O delineamento adotado foi o de blocos aumentados de Federer, com três repetições para as testemunhas. Os genótipos foram avaliados quanto ao número de ramos (NR); comprimento da rama principal aos 21, 28 e 35 dias após o transplantio (CR21), (CR28) e (CR35), respectivamente; prolificidade (P); número de frutos comerciais por planta (NFCP); peso médio de frutos (PMF) e produtividade (Pr). Foram estabelecidos dois grupos canônicos: o grupo de variáveis primárias (P, NFCP, PMF e Pr) e o de variáveis secundárias (NR, CR21, CR28 e CR35). As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes. As correlações entre todos os caracteres variaram entre -0,43 a 0,88. Foi observado um maior grau de associação entre as características (NR) e a (Pr). Ressalta-se que a existência de um coeficiente de correlação negativo ou igual a zero entre duas variáveis não implica na ausência de correlação entre estas duas variáveis, apenas reflete a ausência de uma relação linear entre elas. Das correlações canônicas, apenas a primeira foi significativa à probabilidade de 1% ($p < 0,01$) pelo teste do Qui-quadrado. Os coeficientes do primeiro par canônico evidenciaram que um menor número de ramos e um maior comprimento destas aos 35 dias após o transplantio (grupo 2), são determinantes no decréscimo de produtividade, e no incremento do número de frutos comerciais e peso médio de frutos (grupo 2). Desta forma, a seleção de genótipos com um maior número de ramos e menores comprimentos de ramos aos 35 dias após o transplantio é necessária na seleção de genitores mais produtivos. Conclui-se que a associação intergrupos foi estabelecida principalmente pelas influências do menor número de ramos e maior comprimento de ramos aos 35 dias após o transplantio no decréscimo de produtividade. A seleção indireta de genótipos mais produtivos de *C. moschata* pode dar-se de forma eficiente pela seleção daqueles com maiores números de ramos e menores comprimentos de ramos aos 35 dias após o transplantio.

Apoio: Capes, Fapemig e CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, ronaldo.s.gomes@ufv.br

² Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista FAPEMIG

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG

⁴ Estudante de graduação em mobilidade acadêmica, UFV/Viçosa-MG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG

⁶ Professor Titular do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Correlações parciais entre características morfológicas, produtivas e de qualidade de genótipos de cebola em Guarapuava - PR

Welton Luiz Zaluski¹; André Gabriel²; Carlos Augusto da Silva³; Reginaldo Rodrigues Calixtro⁴; Alessandro Zuanazzi⁵; Marcos Ventura Faria⁶

A correlação parcial é uma medida sobre a relação entre as características, é estimada removendo os efeitos de outras características sobre a associação estudada. O estudo de correlações entre características de interesse agrônomo fornece informações que vêm auxiliar o melhorista no processo de seleção, aumentando a eficiência deste processo pois utiliza de características correlacionadas, eliminando medições demoradas. Utilizando do pressuposto que a obtenção de ganhos genéticos e a classificação dos genótipos superiores são, em muitos casos, obtidas conjuntamente. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a correlação entre características morfológicas, produtivas e de qualidade de genótipos de cebola. Para isso foi realizado um cruzamentos dialélicos utilizado 11 linhagens de cebola, sendo seis linhagens S₃ macho estéreis e cinco linhagens S₂ macho férteis, utilizadas como genitores femininos e masculinos, respectivamente, juntamente com os 30 híbridos experimentais F1 e três testemunhas comerciais (Buccaneer, Soberana e Perfecta), totalizando 44 genótipos. Estes genótipos foram avaliados no campo em delineamento em blocos casualizados, com duas repetições. Foram avaliadas as seguintes características: número de folhas (NF), altura de planta (AP), diâmetro de pseudocaule (DP), ciclo (C), produtividade de bulbos (PB), diâmetro de bulbo (DB), comprimento de bulbo (CB), porcentagem de massa seca (MS), acidez titulável (AT), sólidos solúveis (SS), teor de ácido pirúvico (TAP) e firmeza (F). As médias dos tratamentos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade em seguida estimou-se a correlação parcial utilizando o software GENES (CRUZ; 2013). As correlações entre AP e DP, AP e CB, foram significativas, indicando que plantas mais altas proporcionam bulbos com maior comprimento e com resistência ao acamamento. Foi obtido efeito significativo (1%) na correlação entre PB e DB, indicando que bulbos com maior diâmetros tendem a apresentar maior produtividade. O que pode ser facilmente compreendido já que bulbos com maior diâmetro tendem a ser mais pesados, incrementando assim a produtividade. Foi obtida correlação positiva a 1% de probabilidade entre SS e MS, evidenciando que plantas com maior quantidade de MS dispõem de maior quantidade de SS. Na correlação entre SS e AT foi observado efeito proporcionalmente direto, indicando que genótipos com maior concentração de sólidos solúveis são também maior acidez. Foi obtido efeito significativo a 5% de probabilidade na correlação entre AT e TAP. Estas correlações entre parâmetros de qualidade são compreendidas, pois estão fortemente relacionadas aos parâmetros sensoriais da cebola, fornecendo melhor sabor e durabilidade pós-colheita.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Doutorando do curso de Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CNPq, weltonzaluski@gmail.com

²Doutorando do curso de Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CNPq.

³Mestrando do curso de Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CNPq.

⁴Estudante de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava – PR.

⁵Estudante de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava – PR.

⁶Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista PQ/CNPq.

Depressão endogâmica em Macaúba (*Acrocomia aculeata*) sob estruturação de populações

Guilherme Ferreira Simiqueli¹; Marcos Deon Vilela de Resende^{2,3}; Sérgio Yoshimitsu Motoike⁴

A macaúba é uma espécie promissora na obtenção de óleo para biodiesel. Entretanto, ocorre em pequenas populações acarretando em depressão endogâmica, que limita seu desenvolvimento, reduz o número de frutos e causa efeitos negativos nos caracteres de interesse. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estimar a depressão endogâmica em caracteres vegetativos e produtivos e parâmetros populacionais (índice de fixação e N_{em}), bem como o efeito da estruturação em populações na acurácia da avaliação genética. Os dados foram coletados nos anos de 2013 a 2015 no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (Araponga-MG) e são referentes à 293 indivíduos pertencentes à 44 famílias de meios irmãos, sendo que oito destas possuem pelo menos um indivíduo autofecundado. As famílias foram agrupadas em sete populações conforme a localização geográfica. As estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros populacionais foram feitas no *software* SELEGEN-REML/BLUP. Os valores de acurácia foram obtidos usando o modelo com e sem estruturação de populações. A depressão endogâmica foi calculada considerando a média entre cruzamentos ao acaso e autofecundações, bem como pela relação entre a presença e ausência de indivíduo endogâmico com uso de Análise de covariância. Os caracteres vegetativos analisados foram número de inflorescências, diâmetro a altura do peito, altura de emissão da primeira espata, e os produtivos foram número de frutos, teor de óleo, massa seca da casca, polpa, endocarpo e amêndoa, massa dos frutos e produção de óleo. A depressão foi mais evidente em caracteres produtivos, principalmente, no número de frutos para algumas famílias, indicando dominância alélica para estes caracteres e heterose a ser explorada pelo melhorista. Para caracteres vegetativos, a maioria das famílias apresentaram depressão exogâmica, indicando predominância de efeitos aditivos e podendo ser melhoradas via autofecundações. O índice de fixação (F_{ST}) foi elevado para caracteres vegetativos e baixo para os produtivos, e o N_{em} foi inferior a um para os caracteres vegetativos, o que indica diferenciação por deriva. Estes fatos são um indício da diversidade alélica alta para caracteres produtivos e baixa para os vegetativos. O modelo com estruturação de população, obteve altos valores de acurácia para caracteres com alto F_{ST} , sendo importante para credibilidade na seleção. A depressão endogâmica pode ser considerada como uma das causas da redução do número de frutos, sendo menos acentuada em caracteres com alto F_{ST} e baixo N_{em} e mais acentuada nos caracteres produtivos. Considerando o melhoramento de caracteres vegetativos e produtivos, seria ideal um programa de seleção recorrente recíproca (SRR), uma vez que este melhora tanto os efeitos aditivos quanto a heterose.

Apoio: CNPq, CAPES, Fapemig, Petrobrás e REMAPE.
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, guisimiqueli@gmail.com

² Professor do Departamento de Estatística, UFV/Viçosa - MG

³ Pesquisador Embrapa, Viçosa - MG

⁴ Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Desempenho de genótipos experimentais de cebola na Região Centro Sul do Paraná

Diego Fernando de Marck¹; André Gabriel²; Juliano Tadeu Vilela de Resende³; Ricardo Lima dos Santos⁴; Rômulo Fujito Kobori⁵; Ricardo Antônio Zeist⁶

O melhoramento genético da cebola tem como objetivo selecionar genótipos mais adaptados para cada região de cultivo, com destaque para as características agrônômicas de crescimento vegetativo, arquitetura foliar, resistência a doenças e/ou pragas, excelentes características de pós-colheita e além de alta produtividade de bulbos. O trabalho teve como objetivo quantificar o número de folhas e altura de plantas de genótipos experimentais de cebola da empresa Sakata Seed Sudamerica® no município de Guarapuava-PR. O experimento foi conduzido na Universidade Estadual do Centro-Oeste *Campus* CEDETEG. Foram avaliados 39 genótipos experimentais de cebola em delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. A semeadura foi realizada em sementeira no dia 15/04/2016 e o transplante em 01/07/2016 com população de 600 mil plantas por hectare. As características avaliadas foram o número total de folhas (NF) e altura de plantas (AP) em cm, realizado após 84 dias após a data de transplante, avaliado em 10 plantas de cada unidade amostral. A partir dos dados obtidos, os mesmos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade com o auxílio do programa estatístico Genes. De acordo com a análise de variância houve diferença significativa para genótipos para NF e AP, comprovando a variabilidade genética dos genótipos experimentais de cebola e possibilidade de seleção de genótipos superiores. A média para o NF foi de 6,38 e 41,68 cm para AP, o coeficiente de variação foram de 6,10% e 10,56 % para NF e AP respectivamente. Para NF ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos, com amplitude das médias de 5,0 (5415) a 7,53 (5231), no primeiro grupo de genótipos foram alocados 13 genótipos, no grupo intermediário foram alocados 14 genótipos e no último grupo com menor NF foram alocados 12 genótipos, evidenciando a variabilidade genética destes genótipos experimentais de cebola para a variável NF. Quanto a AP ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos com variação das médias de 29,9 cm (5082-A1) a 55,26 cm (4051-A1), no primeiro grupo foram alocados 18 genótipos experimentais com maior AP, no grupo intermediário foram alocados 15 genótipos experimentais de cebola e no último grupo foram agrupados seis genótipos, evidenciando o comportamento diferenciado entre os genótipos experimentais de cebola. Os genótipos 5226, 5231, 5233, 5241, 5242 e 5277 se destacaram aos demais genótipos experimentais de cebola por serem agrupados com maior AP e NF, no entanto deve ser realizadas as análises de produtividade e de pós colheita, para selecionar genótipos novos de cebola, para serem recomendados sua semeadura em Guarapuava-PR.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de Mestrado, Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, diegofernandodemarck@hotmail.com

² Estudante de doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

³ Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁴ Sakata Seed Sudamerica®

⁵ Sakata Seed Sudamerica®

⁶ Estudante de Agronomia, Instituto de Desenvolvimento do Alto Uruguai- RS

Desempenho de linhagens de tomate industrial em dois locais

André Gabriel¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; Welton Luiz Zaluski³; André Ricardo Zeist⁴; Diego Fernando de Marck⁵; Cristhiano Kopanski Camargo⁶

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de linhagens de tomateiro industrial em dois ambientes, quanto ao número de frutos comercial por hectare, visando a utilização em programas de melhoramento para à produção de híbridos superiores de tomate. O ambiente 1, foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, *campus* CEDETEG, enquanto que o ambiente 2 foi conduzido na Fazenda Experimental FAZESC ambos se localizam no município de Guarapuava, PR. Foram avaliados 13 tratamentos, sendo 12 linhagens de tomateiro, obtidos a partir de híbridos comerciais, mais uma testemunha (TY 2006). O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. As mudas foram transplantadas no dia 24/10/2015 e 19/12/2015 no ambiente 1 e 2 respectivamente, com espaçamento entre linhas de 1,2m e 0,35m entre plantas, cada parcela foi constituída de duas linhas com 1,75m de comprimento, a unidade amostral composta por 10 plantas. A característica avaliada foi o número de frutos comercial (NFC ha⁻¹). Foram realizadas seis e quatro colheitas durante o ciclo da cultura nos ambientes 1 e 2 respectivamente. Com os valores médios obtidos de cada tratamento foi realizada a análise de variância e conjunta, e as médias agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade com o auxílio do programa estatístico GENES. Houve diferença significativa para as fontes de variação genótipos, ambiente e interação genótipos x ambiente evidenciando a variabilidade genética das linhagens e possibilidade de seleção de linhagens superiores de tomate. No ambiente 1 os genótipos de tomate obtiveram melhor desempenho para NFC ha⁻¹ quando comparado com o ambiente 2, esse fato pode ser explicado devido ao menor quantidade de colheita realizado no ambiente 2 e a maior incidência de doenças foliares de final de ciclo da cultura do tomateiro que ocasionou a redução do período de colheita. A média do NFC ha⁻¹ e coeficiente de variação foram de 246.278, 197.283, 16,34% e 17,43% para os ambientes 1 e 2 respectivamente. No ambiente 1 ocorreu a formação de três grupos distintos de genótipos para NFC ha⁻¹ e as médias tiveram amplitude de 167.361 NFC ha⁻¹ (Linhagem 14) a 357.399 NFC ha⁻¹ (Linhagem 9), para o ambiente 2 ocorreu a formação de quatro grupos distintos de genótipos para NFC ha⁻¹ e as médias oscilaram de 101.573 NFC ha⁻¹ (Linhagem 22) a 332.129 NFC ha⁻¹ (Linhagem 2), comprovando a variabilidade genética das linhagens de tomate. Quanto a interação genótipo x ambiente as linhagens 5, 6, 9, 11, 19 e 22 juntamente com o híbrido TY 2006 tiveram desempenho inferior no ambiente 2, enquanto as linhagens 2, 3, 4, 13, 14 e 15 foram estáveis para os dois ambientes. Há linhagens de tomate industrial com potencial para cruzamentos e obtenção de híbridos promissores de tomate industrial.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de doutorado, Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CAPES, andre.gb85@hotmail.com

² Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

³ Estudante de doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁴ Estudante de doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁵ Estudante de mestrado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁶ Estudante de doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

Desempenho de linhagens de tomate rasteiro em dois ambientes

Matheus Hermann dos Santos¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; André Gabriel³; Andrielli Leticia Valentim⁴; Marcos Ventura Faria⁵; Cristhiano Kopanski Camargo⁶

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de linhagens de tomateiro industrial em dois ambientes, quanto ao número de frutos por hectare, visando a utilização em programas de melhoramento para à produção de híbridos superiores de tomate. O ambiente 1, foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Centro-Oeste, *campus* CEDETEG, enquanto que o ambiente 2 foi conduzido na Fazenda Experimental FAZESC ambos se localizam no município de Guarapuava, PR. Foram avaliados 13 tratamentos, sendo 12 linhagens de tomateiro, obtidos a partir de híbridos comerciais, mais uma testemunha (TY 2006). O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. As mudas de tomate foram transplantadas no dia 24/10/2015 e 19/12/2015 no ambiente 1 e 2 respectivamente, com espaçamento entre linhas de 1,2m e 0,35m entre plantas, cada parcela foi constituída de duas linhas com 1,75m de comprimento, a unidade amostral composta por 10 plantas. A característica avaliada foi o número total de frutos (NFT ha⁻¹). Foram realizadas seis e quatro colheitas durante o ciclo da cultura nos ambientes 1 e 2 respectivamente. Com os valores médios obtidos de cada tratamento foi realizada a análise de variância e conjunta, e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade com o auxílio do programa estatístico GENES. Houve diferença significativa para as fontes de variação genótipos, ambiente e interação genótipos x ambiente evidenciando a variabilidade genética das linhagens e possibilidade de seleção de linhagens superiores de tomate. No ambiente 1 os genótipos de tomate obtiveram melhor desempenho para NFT ha⁻¹ quando comparado com o ambiente 2, esse fato pode ser explicado devido ao menor quantidade de colheita realizado no ambiente 2 e a maior incidência de doenças foliares de final de ciclo da cultura do tomateiro que ocasionou a redução do período de colheita. A média do NFT ha⁻¹ e coeficiente de variação foram de 394.885, 315.921, 14,10% e 19,13% para os ambientes 1 e 2 respectivamente. No ambiente 1 ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos para NFT ha⁻¹ e as médias tiveram amplitude de 281.250 NFT ha⁻¹ (Linhagem 14) a 570.833 NFT ha⁻¹ (Linhagem 19), para o ambiente 2 ocorreu a formação de quatro grupos distintos de genótipos para NFT ha⁻¹ e as médias oscilaram de 191.411 NFT ha⁻¹ (Linhagem 5) a 541.014 NFT ha⁻¹ (Linhagem 19), comprovando a variabilidade genética das linhagens de tomate. Quanto a interação genótipo x ambiente as linhagens 5, 6, 9 e 11 tiveram desempenho inferior no ambiente 2, enquanto as linhagens 3, 4, 13, 14, 15, 19 e 22 e a testemunha TY 2006 foram estáveis para os dois ambientes. Há linhagens de tomate rasteiro com elevado produção de frutos para realizar cruzamentos em dialelo para obtenção de híbridos promissores de tomate. rasteiro.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de Graduação, Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR, matheushermann1995@hotmail.com

² Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

³ Estudante de Doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁴ Estudante de Graduação, Ciências Biológicas, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁵ Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR

⁶ Estudante de Doutorado, UNICENTRO/Guarapuava - PR

Desempenho do delineamento em blocos aumentados na caracterização de acessos de abóbora

Ronaldo Machado Junior¹; Ronaldo Silva Gomes²; Cleverson Freitas de Almeida³; Felipe de Oliveira Dias⁴; Michael Lopes Siqueira⁵; Derly José Henriques da Silvas⁶

Em etapas iniciais de programas melhoramento, a avaliação de materiais armazenados em bancos de germoplasma, apresenta grande dificuldade de realizar experimentos com repetições nas gerações iniciais, tendo em vista a pequena disponibilidade de sementes. Pesquisadores têm buscado alternativas que contornem tais situações, como o uso de Delineamentos em Blocos Aumentados (DBA), o qual permite a avaliação de um grande número de materiais, exigindo menor trabalho e área experimental. Este trabalho teve como objetivo caracterizar acessos de abóbora pertencentes ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) quanto aos seus componentes de produção dispostos em Delineamento em Blocos Aumentados. O experimento foi conduzido na unidade experimental “Horta Velha” pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG. Foram avaliados 52 acessos de *C. moschata* provenientes do BGH-UFV, e três genótipos como testemunhas: o híbrido comercial Tetsukabuto e as cultivares Jacarezinho e Maranhão, sob o DBA, com três repetições. Os genótipos foram avaliados quanto aos componentes de produção: produtividade (PROD), número de frutos por planta (NF) e massa média dos frutos por planta (MF). Com auxílio do programa estatístico Genes, os dados obtidos foram submetidos à ANOVA e em seguida estimado os parâmetros genéticos. Foram obtidos os seguintes valores para o teste F = 7.49, 11.39 e 1.81 respectivamente para os componentes de produção PROD, NF e MF. Devido no DBA apresentar alta flexibilidade e na etapa de pré melhoramento exigir menor rigor estatístico, autores indicam que valores de $F \leq 15\%$ podem ser considerados valores significativos. A estimativa dos parâmetros genéticos evidenciaram situação favorável à identificação dos acessos. Dessa forma podemos concluir que existe variabilidade para os componentes de produção entre os acessos avaliados, e permiti classificar os acessos que apresentem maior capacidade de identificar os mais promissores, e o Delineamento em Blocos Aumentados permite avaliar um grande numero de acessos simultaneamente.

Apoio: Capes, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, Ronaldo.junior@ufv.br

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG

³ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Adjunto Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

Desempenho produtivo de progênies de café arábica resistentes à ferrugem na região do Vale do Jequitinhonha, MG

Pedro Henrique Silva Ferreira¹; Antonio Carlos Baião de Oliveira²; Antonio Alves Pereira³; André Fraga Sudário⁴; Diondevon Rocha de Oliveira⁵; Vanessa Vitoriano Pereira⁶

No âmbito de programas de melhoramento genético do cafeeiro a produtividade é um dos critérios mais importantes no processo de obtenção de novos genótipos. Portanto, objetivou-se neste trabalho avaliar o desempenho produtivo de 23 progênies de cafeeiros arábica resistentes à ferrugem. O experimento foi instalado na Fazenda Turmalina, no município de Turmalina-MG, com 24 genótipos, sendo 23 progênies e uma testemunha, a cultivar Catuaí Vermelho IAC 99. O delineamento estatístico foi o de blocos ao acaso, com três repetições, seis plantas por parcelas e espaçamento de 4,0 m entre fileiras x 1,0 m entre plantas. Foram avaliadas as produtividades, em sacas de 60 kg de café beneficiado por hectare (sc/ha), no período de três colheitas (2012 a 2014) e a média das três colheitas. Foram realizadas análises individuais de variância e as médias foram agrupadas pelo critério de Scott-Knott, a 5 % de probabilidade. Houve efeito significativo entre as progênies na colheita de 2012. O grupo de maior produtividade foi constituído por 10 progênies, com valores variando entre 43,1 e 70,9 sc/ha. Notou-se que as progênies H 514-5-4-2-3, H 419-3-4-4-13-27 e H 419-5-2-4-39-1 apresentaram produtividades superiores a 60 sc/ha. A menor produtividade registrada nesta colheita foi da progênie H 516-2-1-1-12-1 com 11,6 sc/ha. A cultivar testemunha apresentou produtividade de 31,5 sc/ha. Não houve diferenças significativas de produtividade entre as progênies, na colheita de 2013. Esta colheita foi marcada por baixas produtividades, com uma variação de 0,9 a 19,2 sc/ha. A cultivar testemunha apresentou produtividade média de 11,8 sc/ha. O baixo desempenho produtivo dos cafeeiros, em 2013, pode ser justificado pela forte estiagem que a região de Turmalina sofreu naquele ano. Apesar da adversidade climática ocorrida, destacou-se, naquele ano, a progênie H 419-5-2-4-18-3, com a maior produtividade, o que significa que esse genótipo pode ser mais tolerante à seca. Observou-se, na colheita de 2014, diferenças significativas entre as progênies para a característica. As maiores produtividades foram obtidas por 11 progênies, com valores entre 30,5 e 49,9 sc/ha, destacando-se as progênies H 518-3-6-11-1, H 419-3-3-2-3-2 e H 518-2-10-14-1, com produtividades acima de 42 sc/ha. A cultivar Catuaí Vermelho IAC 99 obteve produtividade de 28,8 sc/ha. A menor produtividade foi obtida pela progênie H 516-2-1-1-12-1, com 8,3 sc/ha. Com base na média das três colheitas, observaram-se diferenças significativas entre as progênies. O grupo com as maiores produtividades foi constituído por 11 progênies e as médias variaram de 27,1 a 37,4 sc/ha. A menor produtividade foi de 10,5 sc/ha, atribuída à progênie H 516-2-1-1-12-1. A cultivar Catuaí Vermelho IAC 99 apresentou média de 22,7 sc/ha. Existe ampla variabilidade genética entre os genótipos estudados e a progênie H 514-5-4-2-3 pode ser considerada a mais promissora, com relação à capacidade produtiva, nas condições edafoclimáticas avaliadas.

Apoio: FAPEMIG, Consórcio Pesquisa Café e CNPq
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG, pedrohsferreira29@gmail.com

² Pesquisador Embrapa Café, EPAMIG/Viçosa-MG

³ Pesquisador EPAMIG Sudeste, EPAMIG/Viçosa-MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG/EPAMIG

Desenvolvimento de soja com alta proteína e baixa estaquiiose através de retrocruzamento assistido por marcadores

Luiz Cláudio Costa Silva¹; Larissa Martins Mota²; Rafael Delmon Bueno³; Newton Deniz Piovesan⁴; Maximiller Dal-Bianco Lamas Costa⁵

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma leguminosa de grande importância na alimentação humana e animal, e para a indústria de biodiesel. Teor de proteína, teor e composição do óleo e teores de oligossacarídeos são algumas das principais características relacionadas com a qualidade do grão de soja. A presença de oligossacarídeos de rafinose (ORs), que inclui os α -galactosídeos rafinose e estaquiiose, é considerada um fator antinutricional para humanos e animais monogástricos, pois estes não são digeridos em seu trato digestivo, causando disfunções orgânicas, tais como diarreia, náuseas e flatulência. Deste modo, os ORs assumem papel restritivo quanto ao consumo do grão de soja como fonte proteica. Foi caracterizada na PI200508 uma deleção de 3 pares de base no gene que codifica para a enzima galactinol-sacarose galactosiltransferase (responsável pela conversão da sacarose em rafinose), que está associada com baixo teor de ORs. Anteriormente, nós construímos um sistema de diagnóstico para esta mutação a partir da metodologia de *High Resolution Melt* (HRM). O objetivo deste trabalho foi iniciar um programa de retrocruzamento assistido por marcadores para desenvolver soja com alto teor de proteína e baixo teor de oligossacarídeos de rafinose. Uma planta derivada da PI200508 foi utilizada como doador de alelos para baixo teor de ORs. A cultivar UFVTN105AP foi utilizada como genitor recorrente. Esta cultivar foi desenvolvida pelo Programa de Melhoramento da Qualidade da SOJA/BIOAGRO (PMQS) e apresenta alto teor de proteína e ausência das três lipoxigenases, características desejáveis para o grão de soja destinado à alimentação humana. Todo o procedimento de plantio e cruzamento foi realizado em casa de vegetação apropriada. A confirmação da realização dos cruzamentos e a presença dos alelos para baixo teor de ORs em cada geração foi realizada através do método de diagnóstico por HRM desenvolvido anteriormente (*primers* F:GGACTTGAAGGAACAGTTTAGG e R: CGTTACTGACGATCTTATCCAC), utilizando DNA extraído de amostras foliares colhidas em V2. O cruzamento entre os genitores produziu duas sementes F1, que foram utilizadas para iniciar o programa de retrocruzamentos. Foram geradas 11 sementes RC1F1, as quais foram plantadas, selecionando-se três plantas para cruzamento. A realização de RC2 produziu 20 sementes RC2F1, das quais 8 plantas foram selecionadas. A geração RC3 produziu 75 sementes RC3F1. Uma parte destas sementes será utilizada para realização de RC4, e outra parte será utilizada para desenvolvimento de população segregante para estudos genéticos. Após a realização de RC4, sementes RC4F1 serão autofecundadas, e dentre as sementes RC4F2 serão selecionadas aquelas homozigotas para baixo teor de ORs, e levadas para avaliações em campo, visando a obtenção de uma cultivar com alto teor de proteína, baixo teor de ORs e livre de lipoxigenases, destinada ao consumo humano.

Apoio: CNPq, Fapemig e Funarbe

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, luizclaudio.ufv@gmail.com

² Estudante de graduação do curso de Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista Funarbe

³ Pós-doutorando em Genética e Melhoramento, BIOAGRO/UFV/Viçosa – MG, bolsista Funarbe

⁴ Técnico em nível superior, BIOAGRO/UFV/Viçosa – MG

⁵ Professor Associado do Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, UFV/Viçosa - MG

Desenvolvimento de tubos polínicos *in vivo* em flores de erva-cidreira brasileira

Janaína Gonçalves Gomes¹; Pedro Corrêa Damasceno Júnior²

A erva-cidreira brasileira (*Lippia alba*) é uma importante espécie medicinal e aromática. Trabalhos de melhoramento genético na espécie têm sido desenvolvidos no Brasil e para efetivação destes é fundamental o conhecimento do seu sistema de reprodução. Apesar de ser uma informação básica, seu modo de reprodução preferencial não é conhecido. Autores sugerem existir autoincompatibilidade na espécie, entretanto as pesquisas não apresentam metodologias apropriadas que comprovem a barreira reprodutiva citada. Uma das análises utilizadas é a observação da germinação e desenvolvimento de tubos polínicos *in vivo* no estigma, estilete e ovário das flores. Esta metodologia é um passo importante na elucidação da provável autoincompatibilidade. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi observar a presença ou ausência de tubos polínicos no estigma, estilete e ovário de botões florais, flores protegidas e não-protegidas de quatro quimiótipos de erva-cidreira brasileira, afim de inferir sobre o modo de reprodução preferencial na espécie. O material vegetal utilizado foi obtido na coleção de germoplasma de erva-cidreira brasileira da UFRRJ e as análises foram realizadas no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da UFRRJ. Foram utilizados quatro quimiótipos, previamente caracterizados via cromatografia gasosa: citral, carvona, mirceno e β -cariofileno. Para as análises utilizou-se 32 flores de cada quimiótipo coletadas aleatoriamente. Foram colhidos botões florais antes e depois da antese, em inflorescências protegidas por sacolas de papel e em inflorescências livres (de polinização aberta). Após a coleta, estas foram fixadas em FAA (formalina 37%, ácido acético e etanol 30%, na proporção de 5:5:90) por 24 h, sendo então submetidas ao amaciamento com NaOH 0,5 M por 1,5 h, seguido de lavagem em água destilada, com posterior imersão em fluorocromo azul de anilina por quatro horas. Após a coloração, os pistilos foram amassados em uma lâmina para observação em microscópio de fluorescência, onde foi realizada uma análise de presença e ausência de tubos polínicos. Nos botões florais, antes da antese, não foi observada a presença de grãos de pólen no estigma, o que pode indicar a ausência de cleistogamia na espécie. Nas flores protegidas, após a antese, apenas nos quimiótipos β -cariofileno e mirceno observou-se grãos de pólen no estigma, porém somente no quimiótipo mirceno foi possível observar tubos polínicos se desenvolvendo no estilete da flor. Nas flores não protegidas, a germinação dos grãos de pólen com emissão e desenvolvimento do tubo polínico no estigma e estilete foi observada em todas as flores pós-antese. Os resultados obtidos indicam que houve dificuldade na deposição do grão de pólen no estigma das flores protegidas, o que pode limitar a ocorrência da autofecundação naturalmente, corroborando para a alogamia em erva-cidreira brasileira. Estudos posteriores verificarão se a alogamia na espécie é decorrente de uma provável autoincompatibilidade.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de doutorado, UFRRJ/Seropédica-RJ, Bolsista CNPq, gomesjg13@gmail.com

² Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica – RJ

Determinação do sistema reprodutivo de duas espécies de araçá (*Psidium cattleyanum* e *Psidium guineense*) baseado na razão pólen:óvulo

Maria Lorraine Fonseca Oliveira¹; Telma Nair Santana Pereira²; Rodrigo Miranda Barbosa¹; Matheus Henriques Tavares Benvindo³; Alexandre Pio Viana².

O gênero *Psidium* pertence à família das Myrtaceae, e muitas das suas espécies não têm seu modo de reprodução bem definido, sendo consideradas como autógamas por alguns autores e alógamas por outros. Entretanto, sabe-se que o sucesso do melhoramento depende do conhecimento do modo reprodutivo, visto que as metodologias de melhoramento devem ser escolhidas de acordo com as formas de reprodução, ou seja, se ocorre a autofecundação ou fecundação cruzadas. Com isso, o objetivo deste trabalho foi determinar o modo de reprodução preferencial de um acesso de *P. guineense* (araçá-do-campo) e três acessos de *P. cattleyanum* (araçá-coroa, araçá-amarelo e araçá-una), utilizando como metodologia a razão pólen:ovulo (P:O). Para isto, botões florais na antese foram fixados em solução de etanol a 70% e mantidos a 4°C. No preparo da lâmina, uma antera por botão floral foi macerada em uma solução contendo quatro gotas de detergente Triton-X, três gotas de azul de metileno a 0,5% e 900 µl de etanol 70%. Após macerada, a antera foi colocada em um micro-tubo contendo a mesma solução, o qual foi agitado manualmente por um minuto. Amostra de 10 µl da suspensão foi depositada sobre a lâmina e coberta com lamínula, para ser observada em microscópio óptico Olympus BX60. Também foi realizada a contagem das anteras e dos óvulos por botão floral com auxílio do microscópio estereoscópico. Foram utilizados quatro botões florais por acesso e cinco anteras por botão floral, totalizando 20 lâminas por botão floral e 80 lâminas de cada acesso. As variáveis analisadas foram: número de grãos de pólen por botão floral (NGPB), número de grão de pólen por antera (NGPA), número de anteras por botão floral (NAB), número de óvulos por botão floral (NOB) e razão P:O de cada variedade. A razão P:O foi calculada para cada acesso e é expressa como o número médio de grãos de pólen por flor (número médio de grãos de pólen por antera, multiplicado pelo número médio de anteras), dividido pelo número médio de óvulos por flor. O araçá-do-campo teve maior média em metade das características avaliadas, NGPA (3.327,5) e NOB (355,50). Enquanto o araçá-amarelo teve a maior média para NGPB (762.736) e o araçá-coroa se destacou com a maior média de NAB (354). Em relação à razão P:O, todos os acessos de *P. cattleyanum* tiveram valores superiores a 2.108, sendo classificadas como alógamas obrigatórias, enquanto a espécie *P. guineense* foi considerada alógama facultativa, com uma razão P:O de 2.085,75. Assim, conclui-se que as espécies estudadas são alógamas e as metodologias recomendadas para o melhoramento das mesmas são as empregadas em espécies alógamas.

Apoio: FAPERJ e CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorandos do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UENF/Campos dos Goytacazes – RJ, fonsecaloliveira@gmail.com;

² Professores Associados ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF/Campos dos Goytacazes – RJ;

³ Estudante de graduação, UENF/Campos dos Goytacazes – RJ.

Diversidade entre progênies de macaúba com base em aspectos agronômicos avaliados no quinto ano de desenvolvimento das plantas

Renato Domiciano Silva Rosado¹; Francyse Edite de Oliveira Chagas²; Vinícius Quintão Carneiro³; Tatiana Barbosa Rosado⁴; Bruno Galves Laviola⁵; Cosme Damião Cruz⁶

A macaúba é um recurso da biodiversidade brasileira que apresenta grande potencial como fonte alternativa na produção de óleo. Além dessa aplicação, pode-se aproveitar o resíduo da extração (torta), com potencial para produção de farinha ou ração animal, o endocarpo para produção de carvão e o resíduo das folhas senescentes para cogeração de energia. Como essa cultura está passando por processo de domesticação é importante avaliar a diversidade da espécie em diferentes fases de seu desenvolvimento. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade genética em progênies de macaúba com base em aspectos agronômicos no quinto ano de desenvolvimento das palmeiras em condições do cerrado. O experimento, implantado em 2011 na área experimental da Embrapa Cerrados, foi conduzido com 15 famílias de meios-irmãos. O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com cinco repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 5x5m. As características avaliadas no ano de 2015 foram relacionadas a cachos: número de frutos viáveis por planta (NFV), número de frutos não viáveis por planta (NFN), número total de frutos por planta (NTF); produção: peso total de frutos em kg/planta (PTF) e dendrometria: altura de inserção do primeiro cacho em metros (APC), altura da planta em metros (AP), diâmetro do caule (DC), projeção da copa na linha (PCL) e projeção da copa na entre linha (PCE). Como nem todas as progênies haviam iniciado a produção no quinto ano optou-se por realizar análise diversidade a partir da dissimilaridade estimada por meio da distância euclidiana média padronizada com os métodos de agrupamento Tocher e de UPGMA. Os métodos de agrupamento formaram seis (Tocher) e dois (UPGMA) grupos. Através do método de agrupamento de otimização de Tocher as progênies mais dissimilares foram: 13, 15, 14, 12, 4, 8 e 5 formando o primeiro grupo, 10 e 11 o segundo; 1 e 7 o terceiro; 6 e 9 o quarto; 3 o quinto e 2 o sexto e pelo método UPGMA um corte feito à distância 0,5, que correspondeu a 90% do valor da distância no último nível de fusão (0,56) possibilitou estabelecer dois grupos hierárquicos; um deles constituído pelas progênies 2, 3, 7 e 1 e o outro pelos demais. Já ao fazermos o corte no nível de fusão 0,3, que corresponde a 50% do valor da distância no último nível de fusão obtemos seis grupos bem próximos dos formados pelo método Tocher, exceto para as progênies 8 e 5 que se agruparam em um grupo comum juntamente com as progênies 9 e 6. Pelo método UPGMA a correlação cofenética foi de 0.89 com significância a 1% de probabilidade pelo teste de t, distorção de 2,79 e estresse de 16,70. Com estas informações esperamos direcionar genitores adequados à obtenção de cruzamentos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação e recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Pos Doc em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista PDJ/CNPq, e-mail: renato.rosado@ufv.br

² Estudante de Mestrado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

³ Estudante de doutorado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Professor adjunto UNB/Brasília – DF, bolsista PQ/CNPq

⁵ Pesquisador Embrapa Agroenergia, Embrapa Agroenergia, Brasília/DF

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Diversidade genética de mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) em populações de extrativismo

Bruno Antonio Lemos de Freitas ¹; Juliana Lopes Souza ²; Larissa Guarany Ramalho Elias ³; Erica Moraes Santos de Souza ⁴; Sheila Valéria Álvares Carvalho ⁵; Renata Silva-Mann ⁶

Em Sergipe, a mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes), é alvo de inúmeros estudos que objetivam colher informações para sua caracterização, no entanto, é desconhecida ainda a variabilidade genética entre indivíduos de ocorrência natural em populações onde ocorre extrativismo. Com isso, quatro populações naturais de mangaba (111 indivíduos no total: 29 de Baixa Grande, 31 indivíduos de São Sebastião – ambos povoados do município de Pirambu; 21 indivíduos de Riboleirinha, em Estância e 30 indivíduos de Pontal, em Indiaroba), localizadas em áreas de extrativismo realizado pelas catadoras de mangaba, foram estudadas com o objetivo de avaliar a distribuição da diversidade genética por meio de marcadores moleculares ISSR, visando fornecer informações para manejo e conservação da espécie. Para a caracterização da diversidade genética foi utilizado o programa POPGENE (*Population Genetic Analysis*). Foram estimados os parâmetros genéticos populacionais por meio da diversidade gênica de Nei, porcentagem de locos polimórficos, índice de Shannon, número de alelos observados e número efetivo de alelos. Na análise de ISSR, as reações de amplificação dos fragmentos de DNA geraram 74 bandas, sendo 63 polimórficas e 11 monomórficas, o que corresponde a uma porcentagem de polimorfismo de 83%. A população de Baixa Grande foi a que apresentou maior número de alelos observados e alelos efetivos (1,99 e 1,61), assim como maior diversidade genética de Nei (0,36) e índice de Shannon (0,53). O número de locos polimórficos para esta população foi de 71, o que corresponde a 96% de polimorfismo. A variação molecular foi maior dentro das populações (64%) do que entre (36%) populações de mangaba. Indivíduos coletados em populações de Pirambu (Baixa Grande e São Sebastião) são mais próximos geneticamente (0,86). Indivíduos da população de Indiaroba foram o que mais se distanciaram geneticamente. Existe grande diversidade genética no Povoado Baixa Grande, em Pirambu, sendo esta região indicada como prioritária para prospecção e coleta de germoplasma para fins de conservação.

Apoio: Capes

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, bruno.lemos@ufv.br;

² Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, UFS/São Cristóvão - SE;

³ Analista Ambiental da Companhia de Desenvolvimento Econômico de Minas Gerais, Belo Horizonte – MG;

⁴ Doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, UFS/São Cristóvão - SE;

⁵ Bolsista pós-doutorado PNPd/CAPES do Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, UFS/São Cristóvão - SE

⁶ Professora Associada do Departamento de Engenharia Agrônômica, UFS/São Cristóvão – SE;

Diversidade genética quanto à arquitetura de caule em pinhão-manso, acessadas por análise digital de imagens

Leonidas Vidigueira Ferreira Rocha¹; Pedro Corrêa Damasceno Junior²

O pinhão-manso (*Jatropha curcas*) tem porte arbustivo, caducifólia, e arquitetura muito ramificada, contendo várias bifurcações onde se desenvolvem novos ramos. As ramificações são difíceis de serem mensuradas no campo. Objetivou-se no presente trabalho desenvolver um protocolo de análise de imagens que possibilite um estudo da arquitetura de caule na espécie e conhecer as relações genéticas entre os acessos da Coleção de Germoplasma de pinhão-manso da UFRRJ. Utilizou-se 10 famílias de polinização aberta com 2,6 anos de idade pertencentes à referida coleção, a saber: 346, 355, 383, 858, 860, 869, 872, 874, 875 e 002. Estas foram plantadas em delineamento em blocos casualizados com 3 repetições, e 15 plantas por parcela. Ao lado de cada planta, posicionou-se a um ângulo de 90° com o solo, uma escala com marcação conhecida. A captura das imagens foi realizada com uma câmera digital NIKON, modelo COOLPIX P510, no período caducifólio das plantas. No Programa ImageJ foi definida o número de pixels por centímetro, e, mediante aplicação de filtros sequenciais, todas as imagens das plantas foram processadas e binarizadas. Nestas, mensurou-se as seguintes variáveis: altura, altura da ramificação mais baixa; diâmetro do caule na parte basal; diâmetro de copa; somatório do comprimento total dos ramos; número de ramos acima 50 cm de altura; número de ramos abaixo de 50 cm de altura; ângulo de abertura do dossel; número de bifurcações; média da altura das bifurcações e área plana. De posse das variáveis, estimou-se, no Programa R, a distância genética entre famílias via distância de Mahalanobis, e a diversidade genética média e dentro de famílias via algoritmo ANOSIM. A distância de Mahalanobis foi expressa via agrupamento UPGMA. Em seguida, estimou-se a correlação cofenética entre as matrizes de distância e agrupamento. A correlação cofenética foi estimada em 72,86%. Formaram-se quatro grupos de famílias estatisticamente distintos no dendrograma UPGMA, um contendo cinco famílias, e os demais, duas, duas e uma. As famílias mais próximas foram a 858 e 869, e a mais distante, a 875. A diversidade genética entre famílias foi estimada em 0,2. Conforme algoritmo ANOSIM, 60% das famílias (346, 858, 860, 869, 872, 874) alcançaram estimativas de diversidade dentro de progênes superiores à média geral. As progênes 002, 355, 383 e 875, tiveram diversidades dentro de progênie abaixo da média geral. Observou-se baixa diversidade genética entre as famílias de pinhão-manso analisadas. Diversidade genética reduzida dentro de família pode evidenciar maior fixação de alelos para as variáveis que compõem a arquitetura de plantas em pinhão-manso, ou seja, são progênes compostas por genótipos com os maiores níveis de uniformidade para arquitetura de planta. As progênes 002 e 875 merecem destaque quanto à reduzida diversidade genética intra progênie, com valores inferiores a 0,1.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFRRJ/Seropédica- RJ, bolsista CNPq, vidileobr@hotmail.com

² Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, Instituto de Agronomia, UFRRJ/Seropédica – RJ

Efeito de estande e plasticidade fenotípica na cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill).

*João Marcos Soares Ferreira*¹; *Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento*²; *Lucas de Amaral Silva*²;
*Vinícius Oliveira Goulart*²; *Leonardo Volpato*³; *Felipe Lopes da Silva*⁴

A busca pelo aumento de produtividade requer estratégias no campo de produção, uma delas é incrementar um maior número de plantas por área (estande), porém para muitas culturas essa prática tem resposta negativa na produtividade final. O presente trabalho objetivou verificar o efeito de estande na cultura da soja por meio do modelo estatístico com o efeito de covariável, representado pela taxa de sobrevivência de plantas na parcela em comparação com o modelo estatístico sem o efeito da covariável. Para isso três populações F₂'s, oriundas de três híbridos F₁'s resultantes de cruzamentos entre os progenitores TMG 123 RR, M7211 RR, UFVS Citrino RR, UFVS Turqueza RR e M7908 RR, e cada planta F₂ foi colhida originando 204 famílias F_{2:3}. As famílias obtidas, constituíram a geração F_{2:3}, a qual foi avaliada experimentalmente no ano agrícola de 2015/2016, utilizando o delineamento em blocos incompletos com três repetições, e em dois locais (Campo Experimental Diogo Alves de Melo – Vale Da Agronomia e Unidade de Extensão e Pesquisa – Horta Nova), ambos no município de Viçosa (MG). As parcelas foram constituídas de uma linha de 1,5 m de comprimento, espaçadas de 0,6 m, apresentando variação de número de plantas vivas. As características avaliadas foram ângulo médio de acamamento (AC), número de ramificações laterais (NRL), massa de cem sementes (MCS) e produção de grãos em gramas por planta (PROD). As estimativas das variâncias genéticas e a predição dos valores genotípicos, foram procedidas via modelos mistos (REML/BLUP), através dos modelos estatísticos $y = Xr + Zg + Wi + e$, e $y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + Ti + e$, no qual, o último apresenta a matriz de incidência de covariável (taxa de sobrevivência). A partir das análises de deviance para os caracteres avaliados foram observados os efeitos de significância dos efeitos. Os dois modelos apresentaram valores semelhantes para os componentes de variância para todas as variáveis. Para a variável PROD os valores de acurácia nos dois modelos foram de 0,779 e apresentou uma coincidência de 80% entre as 30 melhores progênies selecionadas. A partir dessas observações podemos concluir que o modelo estatístico com o efeito de covariável permitiu corrigir os efeitos ambientais que influenciam diretamente sobre a plasticidade fenotípica da soja.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, PIBIC/FAPEMIG, e-mail: jmarcosagro2014@gmail.com;

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG;

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq;

² Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG;

Eficiência de diferentes corantes na estimativa da viabilidade de grãos de pólen em espécies do gênero *Passiflora* L.

*Kalia Dável Grecco*¹, *Katiuss Ferreira Borges*², *Milene Miranda Praça-Fontes*³

A caracterização da viabilidade polínica é um passo importante para programas de melhoramento e conservação dos recursos genéticos. Os dados de viabilidade dos grãos de pólen podem se correlacionar com anormalidades meióticas, tornando-se uma ferramenta adicional em cruzamentos genéticos, pois obtêm-se a taxa de fertilidade masculina. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar a taxa de viabilidade polínica de quatorze espécies do gênero *Passiflora*: *P. capsularis*, *P. quadrangularis*, *P. caerulea*, *P. alata*, *P. foetida*, *P. miniata*, *P. edulis* (variedade amarelo), *P. edulis* (variedade roxo), *P. nitida*, *P. organensis*, *P. contracta*, *P. mucronata*, *P. amethystina* e *P. megacoriacea*, utilizando os corantes lugol, orceína e solução de Alexander. Botões florais foram coletados e fixados em solução de metanol: ácido acético (3:1) e mantidos sob refrigeração. Para a estimativa da viabilidade polínica, lâminas foram preparadas utilizando a técnica de esmagamento e coloração citoquímica com lugol, orceína acética e solução de Alexander, em três repetições. As lâminas foram analisadas no microscópio óptico, sendo que os grãos de pólen foram classificados como viáveis ou inviáveis por meio da diferenciação de tamanho ou coloração. Foram contabilizados 1000 grãos de pólen por lâmina. *P. organensis* foi a espécie que apresentou os melhores resultados de viabilidade de pólen (99,7%), quando os três corantes foram utilizados. *P. capsularis* e *P. quadrangularis* apresentaram altas taxas de viabilidade na coloração com solução de Alexander. Já *P. capsularis* e *P. amethystina* apresentaram maior viabilidade na coloração com lugol e orceína acética. Os menores valores de viabilidade dos pólenes foram observados para *P. megacoriacea* (85,5%). Todas as espécies analisadas no presente estudo apresentaram alta taxa de pólenes viáveis, acima de 70%. Uma vez que a análise da fertilidade do pólen é uma condição preliminar indispensável ao melhoramento genético clássico, dados sobre a viabilidade de grãos de pólen são fundamentais para os estudos da biologia reprodutiva e para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético destas espécies, pois permitem obter maiores sucessos nos cruzamentos.

Apoio: CNPq e FAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFES/Alegre - ES, Bolsista FAPES, kaliagrecco@hotmail.com

² Mestre em Produção Vegetal, UFES/Alegre - ES

³ Professora do Departamento de Biologia, UFES/Alegre - ES

Ensaio de observação de linhagens de arroz irrigado em Minas Gerais

Raphael de Paula Gonçalves¹; Plínio César Soares²; Gabriel Nascimento Oliveira³; Moizés de Sousa Reis⁴; Aurinelza Batista Teixeira Condé⁴

O arroz, fonte de proteínas, carboidratos, fibras e vitaminas, faz parte da alimentação básica em vários países do mundo, dentre eles, o Brasil. Minas Gerais, já foi um dos maiores estados produtores de arroz até a década de 80, porém, continua sendo um grande mercado consumidor. A Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG), com o seu programa de melhoramento genético de arroz irrigado, há mais de 40 anos vêm contribuindo para a orizicultura mineira com o desenvolvimento de cultivares cada vez mais produtivas e de grande aceitação pelos consumidores. O Ensaio de Observação de Linhagens (EOL), é a primeira etapa de avaliação de linhagens fixadas, dentre outras, do programa de melhoramento genético, onde são testados um grande número de materiais. O EOL foi constituído de 125 entradas, incluindo as testemunhas Seleta, Predileta e Rubelita, que foram testadas em parcelas com uma fileira de plantas de 5 metros de comprimento, espaçada de 30 cm. A semeadura ocorreu em 19 de outubro de 2015, no Campo Experimental de Lambari (CELB). O EOL foi implantado em condições de solos de várzeas com irrigação por inundação contínua. No plantio, foram aplicados 500 kg/ha da formulação 8-28-16+Zn e na adubação de cobertura 200 kg/ha da formulação 20-05-20, em duas parcelas. O controle de plantas daninhas foi feito com aplicação de herbicidas e capinas manuais. As avaliações realizadas foram: produtividade de grãos (kg/ha), altura de plantas (cm), floração (dias), perfilhamento (notas), peso de 100 grãos (gramas), dimensões de grãos (mm) e incidência de doenças por notas (mancha-parda, escaldadura foliar, brusone foliar, brusone-da-panícula e mancha-de-grãos). Dentre as linhagens, apenas 39 obtiveram produtividades satisfatórias (maiores que 4.000 kg/ha), sendo que entre as 39 linhagens, a produtividade média foi de 4.737 kg/ha, variando entre 4.027 kg/ha da menos produtiva (MGI 1519-7) a 6.547 kg/ha da mais produtiva (MGI 1515-16). Vinte e três linhagens superaram a produtividade das testemunhas mais produtivas Rubelita (4.427 kg/ha) e Seleta (4.093 kg/ha). A altura média das plantas foi de 83 cm, variando de 68 a 100 cm. A floração média foi de 110 dias, indicando que as cultivares são de ciclo médio. Todos os genótipos apresentaram um bom perfilhamento. A média dos pesos de 100 grãos foi de 2,67 g, enquanto que as médias de dimensões de grãos: comprimento, largura e espessura foram de 7,35, 2,11 e 1,78 mm, respectivamente. A média da relação comprimento por largura foi 3,48, o que classifica os grãos na categoria longo-finos (agulhinhas). As plantas apresentaram boa resistência à brusone foliar (2) e à brusone-da-panícula (3), comportamento regular à mancha-parda (4) e suscetibilidade à escaldadura foliar (5) e à mancha-de-grãos (5). Com base nos resultados obtidos, serão selecionadas as 32 linhagens mais produtivas para comporem o Ensaio Comparativo Preliminar (ECP) no próximo ano agrícola, com produtividades variando de 4.173 a 6.547 kg/ha.

Apoio: CNPq e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG, raphael.goncalves@ufv.br

²Pesquisador EPAMIG/SUDESTE-Viçosa-MG, bolsista de produtividade em pesquisa da FAPEMIG

³Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG

⁴Pesquisadores EPAMIG/SUL-Lavras-MG

Ensaio de rendimento de famílias de arroz irrigado tropical em Minas Gerais

Gabriel Nascimento Oliveira¹; Plínio César Soares²; Raphael de Paula Gonçalves³; Moisés de Sousa Reis⁴; Aurinelza Batista Teixeira Condé⁴

Com o intuito de promover a orizicultura em Minas Gerais, o Programa de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado em Minas Gerais desenvolve e testa inúmeras linhagens a cada ano. O objetivo do programa é lançar cultivares com alta produtividade e com boa qualidade de grãos para o Estado. Para que essa meta seja alcançada, são necessárias várias modalidades de ensaios que se sucedem e neste trabalho abordou-se o Ensaio de Rendimento de Famílias (ERF). O objetivo do trabalho foi avaliar famílias com potencial genético para dar continuidade nas etapas subsequentes do programa de melhoramento genético de arroz irrigado de Minas Gerais. O ERF do ano agrícola 2015/2016 foi conduzido com 100 genótipos incluindo cinco testemunhas: BRS-Catiana, BRS-Tropical, BRS-Jaçanã, Irga 424 e Irga 417. O ensaio foi implantado em condições de solos de várzeas com irrigação por inundação contínua, no Campo Experimental de Lambari (CELB). A implantação do ensaio ocorreu em outubro de 2015. O delineamento experimental utilizado foi o Látice Quadrado, com única repetição, cujas parcelas foram constituídas de quatro fileiras de plantas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,3m entre si. Como área útil da parcela colheram-se os quatro metros centrais das duas fileiras internas, totalizando 2,40m². A densidade de semeadura foi de 300 sementes/m², sendo que a adubação de plantio e de cobertura foram recomendadas de acordo com a análise do solo e exigência da cultura. As características agrônômicas avaliadas foram: Produtividade de grãos (Kg/ha), floração (dias), altura de plantas (cm), perfilhamento (notas) e aceitabilidade fenotípica (notas). As produtividades das 33 melhores famílias variaram de 4317 a 7358 kg/ha. Com relação às testemunhas destacaram-se: Irga 417 (5867 kg/ha) e BRS-Tropical (4072kg/ha). Quanto a Floração observou-se que a média do ensaio foi de 101 dias, com variação de 91 a 114 dias. No que tange ao porte das plantas, verificou-se uma média do ensaio de 82 cm e sendo que as médias deste parâmetro oscilaram de 70 a 96 cm. No que concerne ao perfilhamento observou-se ótimo comportamento dos genótipos avaliados, com notas variando de 1 a 3. Já para o parâmetro aceitabilidade fenotípica obteve-se média geral do ensaio de 4, com medias variando de 1 a 5. Com base nos caracteres avaliados, mas principalmente em relação à produtividade, foram selecionadas as 33 melhores famílias, com produtividade superior a 4317 kg/ha para comporem o Ensaio Viveiro de Seleção (EVS) no próximo ano agrícola.

Apoio: CNPq e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG, Gabriel.nascimento@ufv.br

²Pesquisador EPAMIG/SUDESTE-Viçosa-MG, bolsista de produtividade em pesquisa da FAPEMIG

³Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, bolsista PIBIC/FAPEMIG/EPAMIG

⁴Pesquisadores EPAMIG/SUL-Lavras-MG

Escolha de populações segregantes de feijoeiro com base em índice de diferenciação genética

Ramon Gonçalves de Paula¹, Gabriela dos Santos Pereira², Isabela Rodrigues Miranda³, Kharenn Vailant Nunes⁴, Rafael Silva Ramos dos Anjos⁵, Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁶

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais importantes no cenário brasileiro, pois está associado ao fato de fornecer nutrientes básicos na alimentação da população. O Brasil é o maior produtor e consumidor de feijão-comum, embora ainda há a necessidade de importação para abastecer o mercado interno. Uma das maiores dificuldades para o plantio em grande escala do feijoeiro é a falta de cultivares adaptados à colheita mecanizada. Nesse sentido, a melhoria da arquitetura de plantas do feijoeiro é fundamental. Alguns autores têm apontado o diâmetro do hipocótilo (DH) como característica auxiliar na seleção indireta para se obter ganhos na arquitetura de plantas. No melhoramento do feijoeiro, a hibridação é uma das estratégias mais utilizadas para reunir alelos favoráveis de diferentes cultivares em uma única linhagem. Contudo, nesse processo são produzidas várias populações segregantes. Assim, a escolha daquelas com maior potencial para a extração de linhagens superiores é etapa crucial, pois maximiza a utilização dos recursos humanos e financeiros em um programa de melhoramento. Uma metodologia que pode ser usada na cultura do feijoeiro para esse fim é dada pelo índice

$I = F_{3_{pop_i}} + 3,09\sqrt{(1 - F_{ST})2\sigma_{a0}^2 Var(Residual_i)/Var(Residual)}$, em que $F_{3_{pop_i}}$ é o BLUP do efeito da população i na geração n de endogamia (F_2 ou F_3), e o termo dentro da raiz é uma medida da magnitude da variabilidade genética dentro da população i . F_{ST} corresponde ao índice de endogamia devido à diferenciação entre populações, que é dado pela variância entre populações em função da variância total ($2\sigma_{a0}^2$) e $Var(Residual_i)$ que refere-se à variabilidade fenotípica dentro da população i . Assim, o valor de I é uma estimativa do valor genético da melhor linhagem a ser selecionada em uma dada população. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi a utilização deste índice na predição do potencial de populações segregantes de feijoeiro, visando melhoria na produtividade de grãos e arquitetura de plantas. Foram avaliadas 35 populações segregantes (geração F_3) oriundas de cruzamentos biparentais a partir de um dialelo parcial 5 x 7. O experimento foi conduzido na área experimental de Coimbra-MG na safra de inverno 2014. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, com três repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros (m), espaçadas de 0,50 m. De uma dessas linhas foram obtidos dados de produção (em gramas) e DH (em centímetros) de plantas individuais, e utilizado o índice I . As cinco populações com maior potencial para a extração de linhagens superiores quanto à produção de grãos foram: BRS Valente/CNFC 10720, Diamante Negro/VC12, TB9401/CNFC 10720, BRS Valente/RP1 e Diamante Negro/RP1. Para DH as cinco populações que mais se destacaram foram: BRS Valente/VC12, TB9401/VC12, BRS Valente/VC20, BRS Valente/RP1 e BRS Valente/VC16. Os genitores BRS Valente, RP1, Diamante Negro, VC12, TB9401 e CNFC 10720 se destacam como genitores no melhoramento do feijão.

Apoio: CNPq e CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, ramon.goncalves@ufv.br

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista CNPq

³ Graduada em Agronomia, UFV/Viçosa-MG

⁴ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁵ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista - CNPq

Estimativa da temperatura base para emissão de folhas em espécies e híbridos interespecíficos de tomateiro

André Ricardo Zeis¹; André Gabriel¹; Ricardo Antônio Zeist²; Julio José Nonato¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende³; Marcos Ventura Faria³

A variabilidade das respostas de acessos silvestres de tomateiro a temperatura do ar pode possibilitar a longo prazo o surgimento de cultivares que se desenvolvam em condições de maior amplitude térmica. Considerando as informações supracitadas, o objetivo do trabalho foi estimar a temperatura base para emissão de folhas em plantas de tomateiro F1 de cruzamentos interespecíficos e nos genitores silvestres e cultivar Redenção. Utilizou-se delineamento de blocos ao acaso, em esquema bifatorial (9 x 3), com três repetições, observando-se o ciclo dos genitores masculinos *Solanum pimpinellifolium* acesso “AF 26970”; *Solanum galapagense* acesso “LA-1401”; *Solanum peruvianum* acesso “AF 19684”; *Solanum habrochaites* Var. *Hirsutum* acesso “PI-127826”; *Solanum habrochaites* Var. *Glabratum* acesso “PI-134417”; e *Solanum pennellii* acesso “LA-716”; do genitor feminino cultivar comercial Redenção (*S. lycopersicum*); e dos híbridos interespecíficos (“Redenção” x “AF 26970”), (“Redenção” x “LA-1401”), (“Redenção” x “AF 19684”), (“Redenção” x “PI-127826”), (“Redenção” x “PI-134417”) e (“Redenção” x “LA-716”); e em três datas de transplântio: 22/12/2015; 12/02/2016; e 06/04/2016. Cada parcela foi constituída por duas plantas. A partir do transplântio, semanalmente, contou-se o número de folhas (NF) visíveis na haste principal (HP) de cada planta durante o ciclo de crescimento e desenvolvimento das folhas. Com os dados do NF da HP foi realizada a estimativa da temperatura base (Tb), utilizando a metodologia do menor quadrado médio do erro (QME) da regressão linear entre o NF e a soma térmica acumulada (STa). Para o cálculo da soma térmica diária (STd), foram testados no modelo matemático, valores de Tb que variaram de 0 a 20°C com intervalo de 0,5°C. As equações de regressão linear simples foram estimadas considerando os valores de NF na HP de cada parcela e a STa calculada com as diferentes Tbs. Foi considerado como valor de Tb, quando se observou o menor QME. Houve variação do QME das equações de regressão dos diferentes valores de temperatura base testados no cálculo de STa nos genitores e híbridos interespecíficos. De modo geral, entre as três datas, houve pouca variação da temperatura base estimada. Os menores valores de Tbs foram verificados para os acessos “PI-127826” e “PI-134417”, com valores variando de 3,5 (06/04/2016) a 6,5°C (22/12/2016); e 3,5 (06/04/2016) a 5,5 (22/12/2016). Foram verificados baixos valores de Tbs também para os híbridos “Redenção” x “PI-127826” e “Redenção” x “PI-134417”, com valores variando de 5,5 (06/04/2016) a 7,0°C (12/02/2016) e 5,5 (12/02/2016) a 7,5°C (06/04/2016), respectivamente. Estes valores demonstram que os referidos híbridos F1 herdaram características relacionadas à temperatura base dos respectivos genitores masculinos “PI-134417” e “PI-127826”. Ao contrário, para os demais genitores e híbridos foram verificados maiores valores de Tb, que variaram de 11 a 15°C.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Acadêmico de doutorado Unicentro/Guarapuava- PR, Bolsista CAPES. andre.zeist@bol.com.br

²Acadêmico de Graduação IDEAU/Getúlio Vargas-RS,

³ Docente do Departamento de Agronomia, Unicentro/Guarapuava- PR.

Estimativa dos parâmetros genéticos e da variabilidade genética em cultivares de feijão comum

Leiri Daiane Barili¹; Naine Martins do Vale²; Micheli Thaise Della Flora Possobom³; Vinicius Lopes de Melo⁴; Lisandra Magna Moura⁵; José Eustáquio de Souza Carneiro⁶

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma cultura que se adapta a diferentes condições edafoclimáticas. Tal fato só é possível devido à grande diversidade de cultivares colocadas à disposição dos produtores pelo melhoramento genético. Assim, para alcançar novos patamares é importante um processo contínuo de melhoramento, onde a obtenção de novos genótipos se inicia com a escolha correta dos genitores. Desta maneira, a estimação de parâmetros genéticos dentro de um pool de genótipos, permite conhecer a variabilidade genética e o grau de expressão do componente genético dos caracteres. Um parâmetro de suma importância é a herdabilidade a qual possibilita a estimação do progresso genético esperado com a seleção, antes mesmo que ela seja realizada e fornece subsídios que auxiliam o melhorista na escolha do método de seleção mais eficiente. Assim o objetivo foi estimar os parâmetros genéticos em caracteres morfológicos de importância para o feijão. O experimento foi realizado nas safras da seca e inverno, em Coimbra/MG e Viçosa/MG no ano de 2013, totalizando 4 ambientes. Foram avaliadas 80 cultivares de feijão, recomendadas entre os anos de 1960 a 2013. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliadas: 'stay green' (SG), arquitetura da planta e aspecto de grãos por meio de escala de notas de 1 a 5, específica para característica e a produtividade de grãos (kg ha⁻¹). As análises foram realizadas utilizando o software Genes. O resultado da análise de variância conjunta revelou efeito significativo da interação genótipo x ambientes para todas as características, indicando que estas comportam-se de maneira diferenciada com a mudança do meio. As estimativas de herdabilidade variaram de 60,58% a 95,41%, sendo para 'stay-green' e produtividade de grão, respectivamente, sendo esses valores elevados, indicando grande correlação entre o fenótipo e genótipo. Essa estimativa é uma das principais ferramentas utilizadas pelo melhorista, sendo importante para a escolha de uma estratégia eficaz de seleção. O coeficiente de variação genotípico variou de 5,00 a 28,73 ('stay-green' e aspecto de grãos, respectivamente). A alta estimativa de CVg para o aspecto de grãos indica grande variabilidade, sendo altamente promissor para a seleção. Estimativas de relação CVg/CVe $\geq 1,0$, indicam possibilidade de sucesso na seleção do caráter, já estimativas abaixo de 1, indicam dificuldades na seleção devido a uma maior interferência do ambiente. Assim, verifica-se que com exceção do 'stay-green' os demais caracteres apresentaram altos valores de CVg/CVe indicando que são passíveis de seleção com sucesso. Assim, as cultivares avaliadas apresentam variabilidade genética e potencial para que as melhores sejam incorporadas à blocos de cruzamento para a obtenção de progênies superiores quanto a produtividade de grãos, aspecto de grãos e arquitetura de planta.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Pós-doutoranda do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, leyrdaiana@hotmail.com

² Pós-doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes

³ Estudante de doutorado do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG, bolsista FAPEMIG

⁴ Estudante de doutorado curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁵ Estudante de doutorado do curso Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq

⁶ Professor do departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Estimativa dos parâmetros genéticos em feijão comum

*Naine Martins do Vale*¹; *Leiri Daiane Barili*²; *Vinicius Lopes de Melo*³; *Ana Laula Nicomedes Carneiro*⁴; *Andréia Caetano*⁵; *José Eustáquio de Souza Carneiro*⁶

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante cultura para o Brasil, sendo o país um dos maiores produtores e consumidores do mundo. A produtividade de grãos tem aumentado ao longo das décadas, sendo que a média nacional em 2015 ficou em torno de 1026 kg ha⁻¹. Grande parte desse incremento se deve ao melhoramento genético. Assim, mensurar a variabilidade genética e conhecer as correlações entre caracteres de interesse para seleção constituem uma das etapas de um programa de melhoramento genético. Desta forma, o objetivo foi avaliar o potencial de cultivares de feijão, estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos e as correlações genéticas, fenotípicas e ambiental entre características agrônômicas de importância para o feijão. O experimento foi conduzido na safra da seca em Coimbra-MG no ano de 2013. Foram avaliadas 80 cultivares de feijão, recomendadas entre os anos de 1960 a 2013. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições. As características avaliadas foram: número de legumes por planta (NLP), número de grãos por legume (NGL), massa de mil grãos (MMG), produtividade de grãos (Prod.) e arquitetura de planta (Arq.), essa avaliada por meio de escala de notas de 1 a 5. As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o software Genes. Houve diferenças significativas entre as cultivares para todas as características avaliadas, evidenciando a variabilidade genética existente entre elas. As estimativas de herdabilidade variaram de 81,92% a 92,58% para número de grãos por legume e massa de mil grãos, respectivamente. As estimativas obtidas foram de valores elevado, a qual permite maximizar os ganhos obtido com a seleção, uma vez que o fenótipo está fortemente associado ao genótipo. Ainda as estimativas do coeficiente de herdabilidade, são importantes para a escolha de uma estratégia eficaz de seleção. O coeficiente de variação genotípico variou de 10,43 a 22,39 (MMG e arq., respectivamente). A alta estimativa de CV_g para massa de mil grãos indica grande variabilidade, sendo esta característica promissora para a seleção. Todas as características apresentaram estimativas de relação CV_g/CV_e ≥ 1,0, indicando a possibilidade de sucesso na seleção. Observa-se que houve boa concordância dos sinais e de magnitude entre as correlações fenotípicas e genotípicas, apresentando em 100% dos casos, a superioridade das correlações genotípicas em relação a fenotípica e ambiental. As mais altas correlações genotípicas positivas e significativas foram entre os pares de caracteres NLP x NGL; NLP x Prod.; NGL x MMG; NGL x Prod.; MMG x Prod., evidenciando, que as características NLP, NGP e MMG são os componentes que mais contribuem para a produtividade de grãos em feijão. Existe variabilidade genética entre as cultivares estudadas, bem como, a seleção indireta nas características, número de legumes por planta, número de grãos por legume e massa de mil grãos pode favorecer a obtenção de cultivares com maior produtividade de grãos.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Pós-doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, nainemartinsdovale@hotmail.com

² Pós-doutoranda do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

³ Estudante de doutorado do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁴ Estudante de graduação do curso Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁵ Estudante de graduação do curso Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista

⁶ Professor do departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

Estimativas de médias, capacidade específica de combinação e heterose de genótipos de cebola

Welton Luiz Zaluski¹; André Gabriel²; Diego Fernando de Marck³; Omar Possatto Junior⁴; Emanuel Gava⁵; Marcos Ventura Faria⁶

No melhoramento de plantas é comum afirmar que os melhores híbridos provém de combinações de genótipos altamente divergentes. Para isso torna-se necessário a realização de cruzamentos dialélicos, que são utilizados por melhoristas para obter informações a respeito do comportamento de genitores e de populações segregantes em combinações híbridas, bem como a ação gênica envolvida na determinação dos caracteres quantitativos envolvidos. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi correlacionar estimativas de média com capacidade geral e específica de combinação em híbridos de cebola. Para os cruzamentos dialélicos foram utilizados 11 linhagens de cebola, sendo seis linhagens S₃ macho estéreis e cinco linhagens S₂ macho férteis, utilizadas como genitores femininos e masculinos, respectivamente, juntamente com os 30 híbridos experimentais F1 e três testemunhas comerciais (Buccaneer, Soberana e Perfecta), totalizando 44 genótipos. Estes genótipos foram avaliados no campo em delineamento em blocos casualizados, com duas repetições. Após a cura, os bulbos de cada parcela foram pesados e extrapolado para produtividade de bulbos (PB) (expressa em t ha⁻¹). As médias dos tratamentos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade em seguida estimou-se a capacidade geral e específica de combinação (CGC e CEC), bem como heterose utilizando o software GENES (CRUZ; 2013). Em relação as médias para PB ocorreu a formação de dois grupos e os valores variaram de 16,80 t ha⁻¹ (L4742) a 49,6 t ha⁻¹ (HB4487). O grupo com as maiores médias foi formado por 28 genótipos, sendo cinco linhagens e 20 híbridos experimentais, juntamente com as três testemunhas. Quanto à CGC para PB, a linhagem L4743, do grupo II, contribuiu para um aumento médio de 7,32 t ha⁻¹ nos cruzamentos em que participou, o que pode ser comprovado pelos valores de PB obtidos pelo híbrido HB4487 que foi em média o mais produtivo, com 49,6 t ha⁻¹. Este híbrido apresentou uma das maiores estimativas de CEC (HB4487 = L4837 x L4743) $\hat{\sigma}_{ij}$ de 13,56 t ha⁻¹ e heterose 31,12%, promovendo um ganho de 11,76 t ha⁻¹ superior das médias de seus genitores. Tais resultados evidenciam que os cruzamentos dialélicos propiciaram a formação de híbridos experimentais superiores às testemunhas comerciais, destacando o híbrido 5x3 (HB4487 = L4837 x L4743), o qual obteve as maiores estimativas de CGC, CEC e heterose.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Doutorando do curso de Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CNPq, weltonzaluski@gmail.com

²Doutorando do curso de Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CNPq.

³Mestrando do curso de Produção Vegetal, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista CNPq.

⁴Doutorando do curso de Melhoramento Genético, UEM/Maringá - PR, bolsista CNPq.

⁵Estudante de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR.

⁶Professor Associado do Departamento de Agronomia, UNICENTRO/Guarapuava - PR, bolsista PQ/CNPq.

Estimativas de parâmetros genéticos de populações naturais de *Schinus terebinthifolius* Raddi (Anacardiaceae)

Sheila Valéria Álvares-Carvalho¹; Itamara Bomfim Góis²; Jaqueline Fidelis Duarte³; Rubens Manuel Santos⁴; Renata Silva-Mann⁵; Dulcinéia de Carvalho⁶

Diante do elevado uso dos frutos de *Schinus terebinthifolius* Raddi, a espécie encontra-se em declínio demográfico em diferentes regiões, o que poderá levar a uma diminuição de seu tamanho efetivo populacional com consequências genéticas. Para analisar a diversidade genética de populações, este trabalho teve como objetivo determinar a estrutura e diversidade genética dentro e entre populações naturais de *S. terebinthifolius* visando identificar populações com potenciais genéticos que possam auxiliar em projetos de conservação, restauração ecológica e implementação de planos de manejo para a espécie. Para isso, folhas de árvores reprodutivas foram coletadas nos estados de Minas Gerais, Espírito Santo e Sergipe, em oito fragmentos florestais, totalizando 223 indivíduos. As reações PCR foram realizadas utilizando um conjunto de oito locos SSR descrito para a espécie, sendo estas amplificadas e visualizadas em géis de agarose de alta resolução (MetaPhor®). O valor médio estimado de f não diferiu de zero, o que mostra não ocorrer endogamia no conjunto das populações, porém, em média, as populações apresentaram nível baixo de diversidade genética ($H_e=0,30$). A análise da variância molecular inferiu que entre regiões a diversidade é zero e a diferenciação genética entre as populações tanto pela estatística R_{ST} (0,35) como para o $\hat{G}_{ST(Hedrick)}$ (0,41) foi significativa. O programa Structure evidenciou que os genótipos estão estruturados em sete agrupamentos ($\Delta K=7$). As populações amostradas de pimenta-rosa não se encontram isoladas pela distância, segundo o teste de Mantel e foi evidenciado pela presença de migrantes entre as populações de LV (Lavras) e NE (Neópolis), porém apresentaram barreiras físicas à ocorrência de fluxo gênico. O terreno planáltico do estado de Minas Gerais favoreceu o rompimento do fluxo gênico entre as populações mineiras. As populações de Sergipe ainda apresentam níveis de diversidade genética que devem ser contemplados para a sua conservação em áreas de intenso extrativismo.

Apoio: CNPq, Fapemig e UFS

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Pós-doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agricultura e Biodiversidade, UFS/Aracaju-SE, bolsista CAPES, sheilalavares@yahoo.com.br

²Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

³Estudante de doutorado, UFLA/Lavras-MG

⁴Professor do departamento de Engenharia Florestal, UFLA/Lavras-MG

⁵Professor do departamento de Engenharia Agrônômica, UFS/Aracaju-SE

⁶Professora do departamento de Engenharia Florestal, UFLA/Lavras-MG

Estratificação quantitativa: Otimização da recomendação de plantio de clones de *Eucalyptus* sp. utilizando sistema de informação geográfica (SIG)

*Rafael Tassinari Resende*¹; *Gustavo Eduardo Marcatti*²; *Helio Garcia Leite*³; *Marcos Deon Vilela de Resende*^{4,5}

O estudo da interação Genótipo × Ambiente (G×A) é uma questão proeminente, e requer cuidados ao se recomendar genótipos superiores melhorados a determinadas áreas. É possível inferir que as variações na recomendação de genótipos devem-se às alterações ambientais e edafoclimáticas ao longo de diferentes latitudes e longitudes; e refinadamente às variações microambientes do próprio local. Diferentes expressões gênicas são ativadas ou suprimidas de acordo com as exigências ambientais, culminando em plasticidade fenotípica aos cultivares. Esse fenômeno é o pivô que governa a interação G×A. Assim, especialmente ao lidarmos com caracteres de baixa herdabilidade como é o caso de dados de produtividade de *Eucalyptus* sp., a interferência do ambiente é ainda mais problemática na expressão do caráter, e requer recomendações severamente detalhadas de acordo com alterações no perfil ambiental. O estudo objetivou realizar a maximização da recomendação de clones de eucalipto em uma área de 6.846,0 km², utilizando informações climáticas e geográficas. Para tanto, utilizou-se 24 materiais genéticos (clones) distribuídos de maneira desuniforme em 988 parcelas pela área e com medições volumétricas em idades de plantio entre 2,5 a 6,5 anos. A variável avaliada foi a produtividade, medida em m³ de madeira por hectare. A área de recomendação tipicamente apresenta variações médias a acentuadas de altitude (0 a 390 m), precipitação (entre 599 a 1749 mm), temperatura (22 a 25°C), e uma série de outras variáveis climáticas. A metodologia utilizada foi a de regressão aleatória (normas de reação) via modelos não-lineares mistos REML/BLUP combinada com modelos de crescimento florestal. Entre o número total de clones, seis clones demonstraram ser os mais indicados para maximizar produtividade volumétrica na área em estudo. Pôde-se verificar alteração na recomendação dos clones entre as idades de 2,5 a 6,5 anos. O presente estudo apresenta uma alternância no conceito de estratificação ambiental, que até o momento é feita de forma categórica avaliando-se um determinado número de locais. Nosso estudo propõe uma maneira de realizar a estratificação de forma quantitativa em toda área de acordo com o gradiente ambiental, sendo facilmente adaptada para aplicação em demais culturas agrícolas e na pecuária.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de Plantas

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, rafael.tassinari@gmail.com

² Doutorando do curso de Ciência Florestal, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, gustavomarcatti@gmail.com

³ Professor Departamento de Engenharia Florestal, UFV/Viçosa

⁴ Professor Departamento de Estatística, UFV/Viçosa

⁵ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Florestas/ Colombo – PR

Estudo biométrico e produtivo de genótipos de milho em dois sistemas de cultivo

Jadson dos Santos Teixeira¹; Islan Diego Espindula de Carvalho²; Jackson da Silva³; Paulo Vanderlei Ferreira⁴; Artur Pereira Vasconcelos de Carvalho⁵; Felipe dos Santos de Oliveira⁶

O milho é um dos cereais mais importantes e o mais cultivado no Brasil, produzindo na safra 2015/2016 um montante acima de 82 milhões de toneladas. Apesar do Brasil ter uma produção alta, alguns Estados Brasileiros contribuem pouco para essa produção, como é caso do Estado de Alagoas, onde a produção é enriquecida, não atendendo a demanda interna. A baixa produção do Estado de Alagoas deve-se a vários fatores, dentre eles, sistema de cultivo adotado, genótipos inapropriados para a região, tecnologia empregadas, etc. Diante disso, esse estudo teve como objetivo avaliar o desempenho biométrico e produtivo de genótipos de milho em dois sistemas de cultivo. O estudo foi realizado no ano de 2014 no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL). O delineamento experimental utilizado foi blocos casualizados no esquema fatorial (4x2), com três repetições. Foram avaliados quatro genótipos de milho, dos quais três desenvolvidos pelo Setor de Melhoramento Genético de Plantas do CECA/UFAL: Alagoano, Viçosense e Nordeste, e uma variedade comercial BRS 5037, em monocultivo e em consorciado com feijão. As parcelas de milho em monocultivo foram constituídas de 4 fileiras de plantas com 5,0 m de comprimento, espaçadas a 1,0 m entre linhas e 0,2 m entre plantas, com uma planta por cova. As parcelas consorciadas tiveram as mesmas dimensões, porém nas entre linhas de milho foram colocadas duas fileiras de feijão com 5,0 m de comprimento, espaçadas a 0,4 m entre linhas e 0,3 m entre plantas, com duas plantas por cova. As avaliações ocorreram aos 80 dias após o plantio, avaliando-se as seguintes variáveis de milho: Altura de Planta (AP); Diâmetro do Colmo (DC); Número de Folhas (NF); Altura da Inserção da Primeira Espiga (AIPE) e Produtividade (PROD). O genótipo Alagoano apresentou maior AP (2,40m), não diferindo dos genótipos Viçosense (2,23m) e Nordeste (2,38m), mas diferindo estatisticamente do genótipo Cruzeta (1,46m). Para a variável DC, o genótipo Alagoano (25,4mm) apresentou maior DC no monocultivo, diferindo dos demais genótipos estudados, já no consórcio o genótipo Nordeste (25,0mm) apresentou maior DC. Para a variável NF, os genótipos não apresentaram diferenças significativas com média de 9,5 folhas por planta. Em relação a variável AIPE os genótipos Nordeste (1,49m), Alagoano (1,41m) e Viçosense (1,24m) apresentaram maiores alturas diferindo do genótipo Cruzeta (0,72m). Para variável PROD. o genótipo Viçosense obteve a maior produtividade (5,49 t.ha⁻¹), mais não diferindo dos genótipos Nordeste (4,23 t.ha⁻¹) e Alagoano (4,19 t.ha⁻¹) os mesmos diferiram do genótipo Cruzeta (1,76 t.ha⁻¹). Os sistemas de cultivos não apresentaram diferenças significativas para as variáveis estudadas. Os genótipos Viçosense, Nordeste e Alagoano apresentaram as maiores produtividades de grãos, com média de 4,64 t.ha⁻¹. Para as variáveis estudadas os mesmos genótipos apresentaram desempenho biométrico superior à cruzeta.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando em Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, jadsonteixeira@gmail.com

² Professor MSc. da UFRPE-Recife- PE

³ Mestrando em Agronomia-Agricultura, FCA/UNESP/Botucatu – SP

⁴ Professor Titular Dr. do CECA/UFAL/Rio Largo – AL

⁵ Estudante de Graduação, UFAL/Rio Largo – AL

⁶ Mestrando em Agronomia-Agricultura, FCA/UNESP/Botucatu – SP

Heterozigosidade do gene de transporte de açúcar por meio de marcadores SNPs em oito tipos de mercado da batata (*Solanum tuberosum*)

Jonas Marcelo Meltzer¹; Kelen Haygert Lencina²; Joane Helena Maggioni³; Dilson Antonio Bisognin⁴

No processo de domesticação e melhoramento genético de plantas, caracteres de interesse agrônomo sofreram pressões a cada ciclo de seleção. Como consequência do processo de seleção, ocorreu uma drástica restrição da base genética. Estratégias que promovam o aumento da heterozigose são muito importantes para o progresso genético para estes caracteres. No caso da batata cultivada (*Solanum tuberosum*), níveis altos de heterozigose são alcançados pela introgressão de alelos de espécies selvagens. Nesse sentido, informações referentes à variabilidade existente se configuram como uma estratégia importante para nortear o melhoramento da batata com vistas no aumento da produtividade e da qualidade. O polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) é um marcador que aponta diferenças nucleotídicas, e pode ser usado para a identificação de variabilidade genética entre os clones, bem como determinar a origem dos indivíduos e seu histórico de melhoramento. Considerando a importância do transporte do açúcar e o seu papel no metabolismo de *S. tuberosum*, objetivou-se analisar a heterozigosidade presente no gene de transporte de açúcar em diferentes cultivares de batata por meio de marcadores SNPs. Isso se deve ao fato de que o tubérculo de batata é o produto final, sendo, portanto, importante conhecer as rotas metabólicas, o armazenamento e a utilização do açúcar na planta. Nos organismos autotróficos, o açúcar é um componente estrutural essencial, bem como importante fonte de energia. O açúcar também age como molécula sinalizadora, recebendo e respondendo sinais através da modulação de expressões gênicas e atividades proteicas para atender às condições metabólicas desencadeadas por essa sinalização. Para acessar a estrutura genética, a divergência e a amplitude da heterozigose foram utilizados dados de Hirsch et al. (2013). Foi analisada a variação nesse gene em 205 clones tetraplóides ($2n = 4x = 48$) e 45 diplóides ($2n = 2x = 24$), representativos da variabilidade genética da batata e distribuídos em oito tipos específicos de mercado. Para as regiões responsáveis pela síntese de transporte de açúcar no genoma da batata foram encontrados quatro marcadores SNPs. Os marcadores estão distribuídos nos cromossomos 1, 5, 6 e 7, que respectivamente estão nas posições de 88,4, 18,7, 49,3 e 15,7 cM. Os valores de heterozigose para esses marcadores variaram de 26,1 a 76,1%. A variação observada entre os marcadores SNPs para os genes de transporte de açúcar ocorrem devido à introgressão de alelos de espécies selvagens e a alta pressão de seleção para produtividade e qualidade de mercado, ambos diretamente associados ao metabolismo do açúcar, necessários em novas cultivares de batata que atendam as necessidades dos produtores e consumidores. O entendimento da variabilidade genética para os genes transportadores de açúcar permitirá a criação de mapas genéticos e evolutivos que servirão de apoio para o melhoramento genético em pontos específicos do genoma.

Apoio: CNPq.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Graduando em Engenharia Florestal pela UFSM/ Santa Maria – RS, Mobilidade acadêmica - Andifes, UFV/Viçosa, jonasmeltzer@gmail.com

² Doutora, UFSM/Santa Maria – RS

³ Mestranda, UFV/Viçosa-MG

⁴ Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFSM/Santa Maria -RS, bolsista PQ/CNPq.

Importância relativa de caracteres de produção em progênies F_{2:3} de soja no estudo da diversidade genética

Júlia de Araújo Rodrigues Nascimento¹; João Marcos Soares Ferreira²; Lucas de Amaral Silva³; Leonardo Volpato⁴; Vinicius Oliveira Goulart⁵; Felipe Lopes da Silva⁶

Em estudos de diversidade genética, é de interesse do melhorista identificar variáveis que menos contribuem para a diferenciação dos genótipos, sendo possível o seu descarte em avaliações futuras. Para isto, o conhecimento sobre componentes principais é de grande interesse no estudo de melhoramento genético, uma vez que, permite a simplificação de um conjunto de variáveis originais, a um conjunto de poucos componentes, com informações que apresentam o máximo de variação originalmente disponível e são independentes entre si. Assim a análise desses componentes ajuda na escolha de caracteres que possam ser descartados por contribuírem pouco para discriminação do material avaliado, reduzindo tempo e custo. Objetivou-se neste trabalho realizar o estudo da diversidade genética por componentes principais em progênies F_{2:3} de soja oriundas de três populações de progenitores divergentes entre si. F_{2:3}. Ao todo, 204 progênies F_{2:3}, os cinco progenitores e quatro testemunhas adicionais foram avaliados em dois locais, utilizando para cada local o delineamento experimental de blocos incompletos desbalanceados, com três repetições. O experimento foi conduzido em condições representativas de campo nas estações experimentais da UFV e as estimativas dos componentes de variância, assim como, a predição dos valores genéticos, foram obtidos via modelos mistos (REML\BLUP) por meio do software Selegen. Os valores genéticos padronizados dos 213 genótipos de soja (progênies mais testemunhas) permitiu obter os componentes principais, avaliados em relação aos caracteres número de dias para floração (NDF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta em cm na floração (APF), número de nós da haste principal no florescimento (NNHPF), diâmetro em cm do hipocótilo (DH), ângulo médio de acamamento (AC), número de ramos laterais (NHL), massa em gramas de cem sementes (MSC) e produtividade em gramas por planta (PROD). Obteve-se a matriz de covariâncias entre os valores padronizados, que corresponde a matriz de correlação dos dados expressos pelas médias originais, a partir da qual se estimou os autovalores e autovetores. Verificou-se serem necessários quatro componentes para explicar um mínimo de 86% da variação originalmente disponível nos dados. A análise dos componentes principais baseada nos valores genotípicos, permitiu o descarte das variáveis redundantes APF, NNHPF e DH por meio das correlações entre as variáveis e os componentes principais. Logo, conclui-se que o estudo da diversidade genética entre os genótipos de soja avaliados, permitiu aumentar a eficiência de avaliação prática no campo, despendendo menos tempo e recurso, por meio da redução do número de caracteres avaliados.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação em Agronomia – UFV/Viçosa-MG julia.arnascimento@yahoo.com.br

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁴ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Adjunto A2 do departamento de Fitotecnia -UFV/Viçosa-MG/Brasil

Importância relativa de caracteres morfoagronômicos de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) da coleção de germoplasma da UFG para estudos de diversidade genética

*Gabriella Queiroz de Almeida*¹; *Lázaro José Chaves*²

O Cerrado constitui o segundo maior bioma do País, atrás apenas da Floresta Amazônica e possui grande biodiversidade, considerada a mais rica dentre as savanas do mundo. A mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) é um exemplo de fruta nativa do Cerrado não endêmica a este bioma, ela pode ser consumida *in natura* ou processada na forma de doces, sorvetes, geléia, licor e polpa, além disso a planta é laticífera e sua borracha tem potencial de uso. Os frutos da mangabeira são aromáticos, delicados, saborosos e nutritivos, com teores de vitaminas e sais minerais superiores aos da maioria das espécies frutíferas. Essas características demonstram o potencial que a mangabeira tem para ser explorada em programas de melhoramento e no mercado de fruteiras no cenário nacional. Objetivou-se com este trabalho o cálculo da contribuição relativa de 26 caracteres morfoagronômicos (ângulo de inserção foliar; altura da planta; altura de ramificação; índice de clorofila A; circunferência do caule; comprimento do entrenó; comprimento da folha, comprimento do fruto; comprimento do pecíolo; comprimento do pedúnculo; comprimento do pedúnculo floral; comprimento do tubo floral; diâmetro da copa; diâmetro da corola; diâmetro do fruto; diâmetro do pecíolo; diâmetro do pedúnculo; diâmetro do pedúnculo floral; diâmetro do tubo floral; largura da folha; massa do fruto; massa das sementes; número de flores; número de frutos; número de ramificações; número de sementes) para o estudo da divergência genética entre os acessos de mangabeira. Estes caracteres foram avaliados da coleção de germoplasma de mangabeira da EA/UFG, que foi implantada em 2005 no município de Goiânia em delineamento experimental de blocos completos casualizados com 192 acessos individuais estruturado em 57 progênies de polinização livre originadas das plantas amostradas, abrangendo 29 populações e quatro variedades botânicas. Esta contribuição foi calculada utilizando o critério proposto por Singh (1981), através do *software* R, pacote “biotools”, a importância relativa dos caracteres foi estimada por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), relativo à matriz de médias dos dados originais de progênies e a matriz de variâncias e covariâncias residuais destes dados. Este critério considera de menor importância os caracteres que apresentam menor variabilidade ou que estão representados por outros, nesse sentido as doze variáveis de maior importância para o estudo da diversidade genética foram: diâmetro do pecíolo, comprimento do pecíolo, diâmetro do pedúnculo floral, diâmetro do fruto, índice de clorofila “a”, altura da planta, diâmetro da corola, circunferência do caule, altura da primeira ramificação, largura da folha, comprimento do pedúnculo do fruto e comprimento do entre nó.

Apoio: Fapeg/CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, gabriellaqueirozalmeida@hotmail.com

² Professor Titular do Setor de Melhoramento de Plantas, EA/UFG/Goiânia – GO, bolsista PQ/CNPq

Incorporação de informações genômicas na avaliação genética em feijão comum

Leiri Daiane Barili¹; Naine Martins do Vale²; Ramon Gonçalves de Paula³; Beatriz Seia Gonçalves⁴; Andréia Caetano⁵; Fabyano Fonseca e Silva⁶

O Brasil se destaca no mercado mundial como um dos maiores produtores e consumidores de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Embora nos últimos anos o melhoramento genético tenha contribuído significativamente para o aumento da produtividade de grãos, outras características, tais como a arquitetura da planta e o aspecto de grãos, ainda precisam ser melhores exploradas em programas de melhoramento. Porém, o sucesso das mesmas nestes programas depende de predições acuradas dos valores genéticos dos indivíduos sob seleção. Neste sentido, visto que a maioria destas características de importância agrônômica apresentam baixa herdabilidade, a utilização da seleção genômica pode auxiliar na identificação acurada de indivíduos geneticamente superiores. Visto que os modelos Bayesianos têm-se mostrado como os mais adequados para implementação da seleção genômica, o objetivo foi comparar tais modelos a fim de identificar qual o melhor para cada uma das características estudadas. Um total de 80 cultivares de feijão, recomendadas entre os anos de 1960 a 2013, foram fenotipadas a campo nas safras da seca e inverno de 2013 nas cidades de Coimbra-MG e Viçosa-MG. O delineamento utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. As características avaliadas foram: 'stay green' (SG), arquitetura da planta e aspecto de grãos, avaliadas por meio de diagrama de notas de 1 a 5 específico para estas características, e produtividade de grãos (kg ha^{-1}). As cultivares foram genotipadas para 384 marcadores SNPs no Laboratório de Biotecnologia na Embrapa Arroz e Feijão utilizando a plataforma Illumina BeadXpress. Foram realizadas as análises estatísticas por meio dos seguintes modelos: Bayes A (BA), Bayes B (BB), Bayes C (BC), LASSO Bayesiano (BL) e Regressão "Ridge" Bayesiana (BRR), todos implementados no pacote BGLR do software R. Os resultados indicaram que a qualidade de predição foi proporcional a complexidade do método Bayesiano considerado, o que corrobora com a maioria dos resultados apresentados na literatura. Verificou-se que para 'stay-green' o método Bayes B, o qual contempla uma variância por marcador e a seleção automática dos marcadores mais relevantes, apresentou uma melhor qualidade de predição em relação aos demais métodos. Por outro lado, para a arquitetura de planta, aspecto de grãos e produtividade de grãos, o método BRR (o qual assume a mesma variância para todos os marcadores e não executa a seleção de marcadores), apresentou as melhores predições, indicando que estas características tendem a se apresentar como poligênicas.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Pós-doutoranda do curso de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, leyridaiana@hotmail.com

² Pós-doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes

³ Estudante de doutorado do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa-MG, bolsista Capes

⁴ Estudante de graduação do curso de Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq

⁵ Estudante de graduação do curso de Agronomia, UFV/Viçosa-MG, bolsista CNPq

⁶ Professor do departamento de Zootecnia, UFV/Viçosa - MG

Influência da densidade de plantio na arquitetura de plantas em híbridos de milho cultivado em espaçamento reduzido

Mateus André Massensini¹; Fagner Souto Dias²; Rafael Silva Ramos dos Anjos³; Leandro Tonello Zuffo⁴; José Ivo Ribeiro Júnior⁵; Rodrigo Oliveira DeLima⁶

O arranjo espacial de plantas corresponde a uma das práticas culturais que mais influencia na produtividade de grãos do milho, pois o milho não apresenta um mecanismo eficiente de compensação de espaços, em virtude de apresentar baixa prolificidade, não perfilhar e possuir limitada capacidade de expansão. Desse modo, a utilização de espaçamento reduzido entre linhas de plantio e elevadas densidades populacionais tem se tornado práticas cada vez mais comum entre os agricultores brasileiros, principalmente com advento de híbridos com arquitetura de plantas mais moderna. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a influência da densidade de plantio na arquitetura de plantas em três híbridos de milho com diferente estrutura genética em espaçamento reduzido. Para isso, os híbridos DKB390PRO2 (híbrido simples), BG7049YH (híbrido triplo) e BR206 (híbrido duplo) foram avaliados para caracteres de arquitetura de planta e teor de clorofila (SPAD) em quatro densidades de plantio (60.000, 70.000, 80.000 e 90.000 plantas ha⁻¹) em espaçamento de 0,45 m entre fileiras. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições, e os tratamentos foram dispostos em parcelas subdivididas, com os híbridos nas parcelas e as populações nas subparcelas. Cada parcela foi constituída de uma área total de 64 m² e as subparcelas de uma área de 16 m². Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para cultivo do milho na região. Os caracteres avaliados foram: altura de plantas (AP, cm) e espiga (AE, cm), diâmetro de colmo (DC, mm), teor de clorofila (SPAD), área foliar (AF, cm²) e número de nós abaixo (NNBE) e acima da espiga (NNAE). Após coletados, todos os dados foram submetidos a análise de variância e, para os caracteres significativos, as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa ($P < 0,05$) entre os híbridos para todos os caracteres avaliados. O coeficiente de variação variou de 1,93% a 4,63%, considerado muito baixo, o que indica que houve alta precisão experimental. Entre as populações, os caracteres DC, SPAD, AE e AF apresentaram diferença significativa ($P < 0,05$). É interessante ressaltar que não houve interação entre híbridos e populações para os caracteres avaliados. A AP, NNAE e NNAB não foram influenciados significativamente pelo aumento da população de plantas. Entretanto, os híbridos apresentaram diferenças nos caracteres avaliados. O híbrido duplo apresentou maior DC e NNBE e menor AF. Os caracteres NNAE e NNBE foram menores no híbrido simples, que obteve maior AF. O híbrido triplo apresentou maior média para AP e menor média para DC, o que demonstra grande suscetibilidade ao estiolamento. Conclui-se que há diferença entre os híbridos para arquitetura de planta e que com aumento da densidade de plantas há mudanças nos caracteres SPAD e AF, a qual pode ser explicada por maior competição das plantas por radiação solar.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG - e-mail: mateus.massensini@ufv.br

²Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CAPES

⁵Professor Associado do Departamento de Estatística, UFV/Viçosa-MG

⁶Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Influência do estresse de nitrogênio na performance de híbridos comerciais de milho avaliados em condições contrastantes de nitrogênio

Diego Gonçalves Caixeta¹; Leandro Tonello Zuffo²; Rafael Bittencourt de Paula¹; Ana Izabella Freire²; Lorena Moreira Lara¹; Rodrigo Oliveira DeLima³

O milho é um dos três cereais mais cultivados no mundo e é a base alimentar e cultural de diversos países, fonte energética nas rações de animais e matéria-prima para produção de inúmeros produtos. Sem dúvida que para maximizar a produtividade é necessário a adoção de novas tecnologias, como a utilização dos híbridos, os quais são utilizados em 98% da área plantada com milho no Brasil. O nitrogênio (N) é o nutriente mais exigido pela cultura do milho, e sua deficiência é considerada fator limitante para produtividade de grãos, pois ele participa de processos fisiológicos da fotossíntese, respiração e absorção iônica. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a influência do estresse de N na performance de híbridos comerciais de milho em condições contrastantes de N. Para isso, oitenta e sete híbridos comerciais de milho, oriundos de diversas empresas de sementes, foram avaliados na Estação Experimental de Coimbra da Universidade Federal de Viçosa, na safra 2015/16. Foram realizados dois experimentos, um com adubação nitrogenada (AN) e outro sem adubação nitrogenada (BN). Os experimentos foram conduzidos no delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída por duas fileiras de quatro metros, espaçadas em 0,80 m. Os demais tratamentos culturais seguiram as recomendações da cultura para a região. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP, cm), teor de clorofila na folha (SPAD), massa hectolitro (PHE, g) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Os dados coletados, em cada experimento, foram submetidos a análise de variância e todos os efeitos foram considerados aleatórios. Os híbridos apresentaram diferença significativa ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados, assim há variabilidade genotípica entre os híbridos comerciais de milho para todos os caracteres avaliados. O coeficiente de variação variou de 2,07 a 7,8% e de 2,3 a 12,57%, em AN e BN, respectivamente, e podem ser classificados como baixos. Em AN, o caractere AP teve um valor médio de 223 cm, enquanto em BN houve decréscimo de 7% (207 cm). Para SPAD houve um decréscimo de 8% em BN (52,3) em relação ao AN (56,85). O PHE foi maior em BN (754 g) do que em AN (751 g), o que pode ser explicado pelo menor tamanho de grão, qual proporciona melhor disposição dentro do cilindro. Para PG, o estresse de N proporcionou uma redução de 15%, com PG média de 9939 kg ha⁻¹ e 8415 kg ha⁻¹ em AN e BA, respectivamente. No entanto, as produtividades máximas alcançadas nos dois níveis de N variaram apenas 8,5%, em AN foi de 13.013 kg ha⁻¹ e em BN foi de 11.893 kg ha⁻¹, obtidas pelo mesmo híbrido (BM709PRO2). Conclui-se que há ampla variabilidade genotípica para produtividade de grãos e caracteres agrônômicos entre os híbridos comerciais de milho disponíveis aos agricultores, e que o estresse de N influencia negativamente o desempenho dos híbridos, a exceção de PHE.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG. E-mail: diegocaixet@gmail.com

²Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Marcadores anatômicos do pecíolo e a tolerância à seca de ponteiros e ao déficit hídrico em genótipos de eucalipto

Samyra Alves Condé¹; João Nepomuceno Condé²; Nágila Campos Silva³; Leonardo Araújo Oliveira³; Thaís Roseli Corrêa⁴; Edgard Augusto de Toledo Picoli⁵

A seca de ponteiros no Eucalipto é um distúrbio fisiológico com etiologia complexa, induzida por fatores bióticos e abióticos. O estresse hídrico é considerado como um dos fatores intensificadores da ocorrência deste distúrbio. A seleção precoce de genótipos de eucalipto tolerantes a restrição hídrica pode fornecer informações relevantes quanto à tolerância à seca de ponteiros. Neste contexto, existem relatos de associação de características anatômicas do pecíolo com a tolerância ao déficit hídrico. O objetivo deste trabalho foi levantar marcadores anatômicos associados a tolerância ao déficit hídrico e à seca de ponteiros para fins de seleção precoce. Genótipos comerciais da empresa Suzano Papel e Celulose, com diferentes graus de suscetibilidade a seca de ponteiros e ao déficit hídrico, foram submetidos a diferentes níveis de estresse hídrico em condições de casa de vegetação. Salvo quando descrito, o manejo das mudas foi realizado de acordo com o procedimento padrão do viveiro. O estresse hídrico foi simulado mediante a manutenção das mudas em tratamento com lâmina de água (5 cm) permanente e a aplicação de 100 mL solução de polietileno glicol 6000 (PEG) a cada 2 dias. Foram conduzidos 4 tratamentos, controle, (manejo padrão do viveiro), Bandeja, (manutenção da lâmina de água permanente), 100 PEG, (aplicação de solução 100 g L⁻¹ PEG) e 300 PEG (aplicação de solução 300 g L⁻¹). A duração do experimento foi de 75 dias. Amostras de pecíolos foram coletadas, fixadas, incluídas em historesina e seccionadas transversalmente com 5 µm de espessura. Após fotografadas, foram avaliadas as características anatômicas do pecíolo: área de seção transversal, área do tecido vascular, área de xilema, área de floema e área do córtex. Os dados foram submetidos à análise da variância (ANOVA), com o auxílio do programa SAS. Para a comparação das médias foi adotado o teste de Tukey (p<0,05). Os resultados mostraram que há redução de todas as variáveis avaliadas com o aumento do déficit hídrico. Entretanto, o genótipo tolerante em condições de maior restrição hídrica apresenta maior área de seção transversal e de tecidos condutores em comparação ao suscetível. A maior proporção destes tecidos sugere que o clone tolerante apresenta condição mais favorável ao transporte de seiva.

Apoio: Suzano Papel e Celulose, CNPq e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas

¹ Estudante Não-Vinculado de Pós Graduação;UFV/Viçosa-MG;samyraconde@yahoo.com.br

² Técnico Agropecuária, Ifet Sudeste MG; Rio Pomba-MG

³ Estudante de Graduação; UFRV/Viçosa-MG

⁴ Pós- doutoranda do Departamento de Biologia Vegetal; UFRV/Viçosa - MG

⁵ Professor do Departamento de Biologia Vegetal; UFRV/Viçosa - MG

Método da rede ambiental aplicado em genótipos de girassol (*Helianthus annuus*)

*Luiza Barbosa da Matta*¹; *Renato Domiciano Silva Rosado*²; *Ivan de Paiva Barbosa*³; *Marciane da Silva Oliveira*⁴; *Cláudio Guilherme Portela de Carvalho*⁵; *Cosme Damião Cruz*⁶

O girassol é uma cultura que se desenvolve bem na maioria dos solos agricultáveis, tornando-se uma das alternativas de plantio durante todo o ano. Além disso, o alto potencial nutritivo das sementes faz com que a cultura venha ganhando crescente interesse por parte dos produtores, que têm feito pesquisas visando melhorias na produtividade, possibilitando lançar cultivares mais adaptados. Para este tipo de pesquisa, muitas vezes o pesquisador necessita de um elevado número de ambientes para possibilitar as análises genotípicas, fator que encarece as pesquisas e, por esse motivo, muitas vezes as impossibilita ou faz com que decisões erradas sejam tomadas a respeito de quais ambientes devam ser descartados, caso isto se faça necessário. O método da rede ambiental vem sendo proposto como uma metodologia que objetiva desagrupar ambientes de acordo com valores de correlações entre a análise inicial e as análises posteriores, feitas quando retiram-se um ou mais ambientes da rede. Para que a interpretação das análises seja possível, deve-se estabelecer um corte *à priori* que indique o valor mínimo de correlação desejado. Foram utilizados 16 genótipos de girassol avaliados em 16 ambientes, sendo os dados de coleta cedidos pela Embrapa Soja, realizados nas safrinhas de 2012 e 2013. As características avaliadas foram o rendimento de óleo e o rendimento de grãos. Ao se aplicar a metodologia da rede ambiental, foi estabelecido um corte de 90% em relação aos valores de correlação do desempenho genotípico em todos ambientes com o desempenho obtido em um subgrupo de ambientes e, constatou-se que ao se avaliar rendimento de grãos, a retirada do par de ambientes 5 e 8 provocou queda acentuada no valor desta, fazendo com que passasse a se encontrar abaixo do valor anteriormente estabelecido, porém, a retirada de somente um ambiente não ocasionou queda no valor de correlação a valores abaixo do valor de corte, podendo então o pesquisador realizar suas análises com 15 ambientes, quaisquer sejam eles, sem prejuízos significativos nos resultados obtidos. Já nas análises relacionadas ao rendimento de óleo, a retirada de somente um ambiente já acarretou queda substancial do valor de correlação, desde que o ambiente retirado seja o 5 ou o 3. A retirada de algum outro ambiente não faz com que haja um declínio significativo no valor de correlação obtido, sendo então as análises podendo ser realizadas com 15 ambientes. Os ambientes 3, 5 e 8 estão localizados, respectivamente nos estados de Minas Gerais, Mato Grosso do Sul e Rondônia, indicando a importância de ter dentro da rede ambiental locais com distância geográfica acentuada. O método da rede ambiental se mostra como algo novo e promissor para auxiliar os produtores a decidir a respeito da possibilidade do descarte de ambientes nas análises, a fim de concentrar gastos e esforços em um número menor de ambientes, mas com a certeza de não se perder em relação à qualidade e confiabilidade dos resultados obtidos.

Apoio: CNPq, FAPEMIG e CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, eululuka@hotmail.com

² Pos Doc em Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista PDJ/CNPq

³ Estudante de Mestrado, Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

⁴ Pos Doc DBG - UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES

⁵ Pesquisador da Embrapa Soja, Londrina-PR

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Modelos mistos na avaliação do potencial de populações segregantes de feijão-comum

Rafael Silva Ramos dos Anjos¹; Felipe Vicentino Salvador²; Ramon Gonçalves de Paula³; Ana Laura Nicomedes Carneiro⁴; José Eustáquio de Souza Carneiro⁵; Pedro Crescêncio Souza Carneiro⁶

O cultivo do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) tem despertado o interesse de grandes produtores. No entanto, a falta de cultivares de grão carioca com arquitetura de plantas mais adequada à colheita mecanizada dificulta o cultivo do feijoeiro em grandes áreas. O diâmetro do hipocótilo (DH) é um indicador efetivo da arquitetura do feijoeiro na avaliação de plantas individuais, em que maiores valores de DH estão associados a plantas de arquitetura mais ereta. A estimação de valores genéticos por metodologias mais refinadas, como modelos mistos (REML/BLUP), permite maior acurácia na seleção de genótipos mais promissores. Assim, o objetivo com este trabalho foi prever os valores genéticos de indivíduos e de populações segregantes para DH e produção de grãos na cultura do feijoeiro. Foram avaliadas 40 populações segregantes (F₄) de um programa de seleção recorrente fenotípica para arquitetura de plantas do feijão carioca baseado na seleção indireta pelo DH. Entre as populações avaliadas, 20 são oriundas do ciclo zero (C₀) e 20 do ciclo um (C₁) deste programa. As populações foram avaliadas em Coimbra, MG, na safra da seca de 2013 em blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas de quatro linhas de 3,0 m, espaçadas em 0,5 m. A colheita foi realizada na maturação fisiológica e, de uma das linhas de cada parcela, foram obtidos dados individuais de DH (mm) e produção de grãos (PROD) (g). Para a predição dos valores genéticos dos indivíduos e das populações, utilizou-se o modelo 176 do programa Selegen-REML/BLUP. Utilizou-se na seleção a intensidade de 10% em nível de indivíduo e de população. Pela análise de deviance, houve efeito significativo ($p < 0,01$) de populações para DH e PROD, indicando variabilidade entre elas. Os indivíduos selecionados para DH são todos oriundos de populações do C₁, enquanto que para PROD 49% são oriundos de populações do C₀ e 51% do C₁, indicando que a seleção fenotípica foi eficiente para DH e não afetou a variabilidade para PROD. Com a seleção em nível de indivíduo, observou-se que as populações 503 (BRS Supremo/L3//CNFC 9466/VC6) e 479 (CNFC 9466/BRSMG Madrepérola) se destacaram quanto ao DH e PROD, apresentando 26% e 25% dos indivíduos selecionados, respectivamente. Já com a seleção em nível de população, a população 503 também se destacou para DH, enquanto que para PROD a população de maior destaque foi a 455 (BRS Valente/BRSMG Madrepérola). Dentre os indivíduos mais promissores para DH e PROD, o destaque foi para a população 514 (A170/VC6//A525/L1) com 22% dos indivíduos selecionados para ambos os caracteres. Além disso, esta população apresentou o segundo maior valor genético para DH e o terceiro para PROD em nível de população. Assim, conclui-se que a população segregante 514 destaca-se quanto ao potencial para extração de linhagens que associem bom desempenho para arquitetura de plantas e produtividade de grãos, simultaneamente.

Apoio: CNPq, CAPES e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa – MG, bolsista CNPq, rsr.anjos@gmail.com;

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa – MG;

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa – MG;

⁴ Graduanda do curso de Agronomia, UFV/Viçosa – MG;

⁵ Professor do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG;

⁶ Professor do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa – MG.

O melhoramento genético de citros como ferramenta promotora de aumento à resistência a doença da pinta preta

Talles de Oliveira Santos¹; Danielle Marques Alvaristo²; Luan Ítalo Rebouças Rocha³

A citricultura brasileira representa um importante segmento na economia, no que diz respeito aos produtos agrícolas obtidos por esse meio de produção. No Brasil, a cadeia produtiva vem ganhando bastante espaço com o aumento do mercado e o aprimoramento da atividade, além dos canais de distribuição que são responsáveis pela distribuição internacional para o mercado europeu, norteamericano e asiático. O país, além de ser maior produtor de laranjas do mundo é, também, o maior exportador do suco da fruta. Com o grande sucesso desse ramo da produção agrícola, o PIB desse setor atingiu a marca de US\$6,5 bilhões em 2009, segundo pesquisas. Por isso, esse trabalho, baseado em revisão de trabalhos acadêmico-científicos, tem por objetivo mostrar a contribuição que possui o melhoramento genético vegetal para as culturas de citros, tendo em vista a grande variabilidade genética disponível nesse grupo o que potencializa a chances de obtenção de novos cultivares por meio de técnicas de melhoramento. Além disso, os citros apresentam grande suscetibilidade ao fungo patógeno causador da doença da pinta preta, que é responsável pela queda precoce de frutos atingidos. Estudos estimam que mais de 60% dos custos de produção de citros no Brasil estejam relacionados ao controle fitossanitários de pragas e doenças. Por possuírem uma diversidade genética bastante expressiva, os citros se mostram de bastante utilidade a estudos de melhoramento para a obtenção de novos cruzamentos que os tornem mais resistentes à doença da pinta preta, que quando instalada em uma cultura pode causar a queda precoce de até 80% dos frutos, inviabilizando então a sua comercialização. Levando isso em consideração, o controle por meio do melhoramento se torna uma estratégia mais viável e duradoura para o controle permanente da praga, uma vez que criados novos cultivares resistentes, pode-se reduzir drasticamente o prejuízo causado aos produtores por conta da perda dos frutos acometidos pela doença. Isso mostra o quanto necessita-se de fomento em pesquisas que estejam relacionadas ao melhoramento dos citros para torna-los resistentes ao patógeno, uma vez que muitos frutos são perdidos, causando assim grande prejuízo à citricultura brasileira.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Graduando do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, IFES/Alegre – ES, tallesdeoliveira@live.com

² Graduando do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, IFES/Alegre – ES

³ Mestre em Entomologia Agrícola pela Universidade Federal Rural do Pernambuco e graduando do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do IFES/Alegre

O melhoramento genético de plantas como alternativa para a redução dos impactos ambientais causados pela produção de alimentos.

Talles de Oliveira Santos¹; Danielle Marques Alvaristo²; Luan Ítalo Rebouças Rocha³

O grande crescimento populacional no Brasil e no mundo exige a todo momento o aumento das cadeias de produção de alimento para que as necessidades da população sejam supridas. Porém, é preciso que esse aumento seja realizado de maneira sustentável, uma vez que a fragmentação da vegetação natural em decorrência da devastação para obtenção de maiores áreas para a agricultura é um problema crescente no Brasil. Estudos acerca do melhoramento de plantas afirmam que o aumento da oferta alimentícia possui dois caminhos principais: aumentar a área explorada pelas cadeias produtivas (agricultura, agropecuária) e aumentar a produtividade das áreas já utilizadas para a produção. Então, considerando a grande devastação sofrida pelos ecossistemas para que houvesse o aumento das áreas de produção de alimento, a primeira opção não seria viável pois isso só acentuaria esse problema. Por isso, o melhoramento genético de plantas seria uma opção capaz de aumentar a produtividade de áreas já exploradas. Logo, é preciso que sejam utilizadas alternativas para uma produção que não explore demasiadamente os recursos naturais. Tendo isso em vista, esse trabalho, baseado em uma revisão de literatura, tem como objetivo destacar a relevância do melhoramento para o Brasil, uma vez que esse campo dos estudos em genética vem crescendo com grande notoriedade no país, considerando ainda o fato de que o Brasil está entre os países que mais produzem e exportam grãos no mundo, setor esse que move boa parte da economia. Tais grãos, em sua grande maioria, obtidos por técnicas de melhoramento genético vegetal. A importância do melhoramento de plantas é apresentada em diversos estudos realizados, uma vez que a mesma é capaz de aumentar a produtividade das áreas já utilizadas para a agricultura sem a necessidade expansão dessas áreas. Outra vantagem significativa encontrada é no setor econômico, considerando que o Brasil é um dos países que mais produz grãos no mundo. Então, pôde-se perceber o quanto é essencial o desenvolvimento do estudo do melhoramento genético de plantas

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Graduando do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, IFES/Alegre – ES, tallesdeoliveira@live.com

² Graduando do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, IFES/Alegre – ES

³ Mestre em Entomologia Agrícola pela Universidade Federal Rural do Pernambuco e graduando do curso de Licenciatura em Ciências Biológicas do IFES/Alegre

Padronização do tempo de liofilização de amostras foliares de *Jatropha curcas* L.

*Erika da Costa Fernandes*¹; *Dandara Rêgo Muniz*²; *Luiz Antônio dos Santos Dias*³

No processo de extração do DNA, a etapa do preparo das amostras é de extrema importância para garantir uma boa qualidade sem que haja degradação. Através da maceração, onde o tecido será pressionado até a obtenção de pó fino, as células serão expostas aos agentes da solução de extração, que atuarão na quebra da parede celular e das membranas. Nessa etapa, o método com nitrogênio líquido é o mais utilizado, pois permite a manutenção da amostra em baixas temperaturas, evitando oxidação do tecido. Entretanto, é uma técnica dispendiosa devido à alta quantidade do azoto utilizada, além de apresentar o risco de ocasionar queimaduras durante o seu manuseio e demandar um maior tempo para a realização do protocolo. Uma alternativa, é a utilização do processo de liofilização. Contudo, o tempo necessário para que se obtenha uma amostra de qualidade ainda é uma incógnita. Neste cenário, nosso estudo teve como meta estimar o tempo necessário para completa liofilização de amostras foliares de *Jatropha curcas* L., visando à maceração para extração de DNA. Amostras foliares foram coletadas do Banco de Germoplasma implantado no Campo Experimental de Araponga – MG. Três espécimes de folhas jovens, completamente expandidas e de coloração verde brilhante, foram acondicionadas em papel alumínio, devidamente identificado, e armazenados em ultrafreezer -80°C. Após 2 dias, as amostras foram acondicionadas nos frascos do liofilizador ModulyoD freeze dryer da Thermo Electron Corporation versão de 16 frascos, mantendo-as a -41°C e 80 mBar. Os tempos de liofilização de 24, 28, 30, 48, 60, 72 e 120 horas foram testados, seguidos de maceração até a obtenção de um pó fino que foi armazenado à temperatura ambiente em eppendorf identificado. Para extração foi utilizado aproximadamente 1g do produto macerado, seguindo o protocolo descrito por Diniz et. al (2005). Com exceção do tempo de 24 horas, no qual foram observadas algumas amostras com pecíolo úmido, todos os demais foram suficientes para a completa liofilização. Uma maior expansão do material quando armazenado, proporcionou um incremento na velocidade de liofilização tecido, provavelmente por permitir uma circulação de ar tecidual mais eficiente. O acondicionamento das amostras no equipamento, reduziu a pressão a níveis bem inferiores, ocasionando uma variação de 20 mBar após 24 h a 45 mBar após 120 h. Esses resultados sugerem que todos os tempos testados foram suficientes para a obtenção de amostras de DNA com boa qualidade e sem degradação. As amostras liofilizadas e maceradas podem ser mantidas em temperatura ambiente por tempo indeterminado sem que haja degradação. Possibilitando estocagem e redução de desperdício e do volume de material necessário para a extração.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, erikac.fernands@gmail.com

² Doutoranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG, bolsista CAPES

³ Professor Associado II do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa – MG

Performance of lines/cultivars selected for partial resistance to white mold in the field

Lucas Rodrigues Vieira de Sousa¹; Wilson de Almeida Orlando Junior³; Ari Flávio Ferreira de Souza²; Pablo Henrique Teixeira²; Rogério Faria Vieira⁴; Trazilbo José de Paulo Júnior⁵

White mold (WM), caused by the fungus *Sclerotinia sclerotiorum*, is a serious disease affecting common bean during the fall-winter season in the State of Minas Gerais, Brazil. Genetic resistance is a key component of the WM management. Common bean elite lines developed by Federal University of Lavras (UFLA), Federal University of Viçosa (UFV), and Embrapa Rice and Beans were evaluated each year at several locations in Minas Gerais through the “Value for Cultivation and Use” (VCU) experiments. From 2008 to 2014 we have screened lines/cultivars from the VCU experiments for their relatively less symptoms of WM and high yield. Our objective was to evaluate under field conditions the lines/cultivars selected from the VCU experiments in comparison with popular cultivars and with international genotypes with partial resistance to WM. Twelve genotypes selected from the VCU experiments for partial resistance to WM and high yield were evaluated in the field. These genotypes were compared to five popular cultivars used in Brazil and to the international WM resistant controls A 195, G 122, and Cornell 605, which are adapted to the Brazilian conditions (Lehner et al., 2015). To evaluate these 20 genotypes, we used two sites with history of WM located in the districts of Viçosa and Oratórios, Zona da Mata region, Minas Gerais State, Brazil. The experiments were conducted during the fall-winter season with sprinkler irrigation. A randomized complete block design with four replications was used. Plots were two 3 m-long rows, spaced 0.50 m apart. Data were subjected to individual and combined ANOVA for the two sites. WM intensity in the experiments was low/moderate (Viçosa) or very low (Oratórios) (Table). In Viçosa, WM scores ranged from 1.8 to 5.8; in Oratórios, from 1.0 to 2.3. The two cultivars (Ouro Vermelho and Ouro Negro) with higher lodging scores exhibited the highest WM scores. Site x genotype interaction was significant for yield. Thus, genotypes performance was presented separately by experiment. Besides WM disease, three genotypes exhibited symptoms of anthracnose, but only VC 17 and Pérola had moderate or moderate/high severity of this disease in the experiments. Probably, anthracnose was the main reason for the relatively low yield of these two genotypes. VC 17, in particular, has shown high yield potential in previous experiments (Lima et al., 2015), especially under high WM pressure. BRS Estilo, which belongs to carioca market class, is widely used in Brazil. The elite lines CNFP 11990, CNFC 10720, VC 27, and CNFC MG11-08 showed yield potential similar to BRS Estilo under very low to low/moderate pressure of WM. The international genotypes with partial resistance to WM (A 195, G 122, and Cornell 605) exhibited lower yield potential than the elite lines, especially G 122 and Cornell 605.

Apoio: CNPq, CAPES e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG, lucasvieiraufv@gmail.com;

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG

³ Bolsista de apoio técnico EPAMIG/FAPEMIG, Viçosa-MG;

⁴ Pesquisador EMBRAPA;

⁵ Pesquisador EPAMIG.

Potencial de genótipos de cana-de-açúcar quanto à eficiência do uso de potássio

Juan Camilo Rey Sandoval¹; Leonardo Duarte Pimentel²; Elisângela Aparecida Milagres Sousa³; Evandro Marcos Biesdorf⁴; Otto Herbert Dietrich⁵; Osdinéia Pereira Lopes⁶

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é cultivada em praticamente em todas as regiões do Brasil, sendo este o maior produtor mundial. Entretanto, cerca de 70% da produção brasileira concentra-se nos estados de São Paulo, Paraná e Minas Gerais, em solos com fertilidade média a alta (latossolo roxo). Nos últimos anos, tem se observado que o setor de produção tem se expandido para regiões de cerrado, cujos solos apresentam fertilidade natural baixa, especialmente em fósforo (P) e potássio (K). Este último é o elemento mais absorvido pela cultura, sendo limitante na produção. No entanto, poucos estudos têm sido direcionados a avaliação dos genótipos quanto à eficiência de uso de potássio. Diante disso, objetivou-se avaliar o potencial de quatro genótipos de cana-de-açúcar quanto à eficiência de uso de potássio. Para isso, o experimento foi conduzido em condições de campo, o delineamento utilizado foi em blocos casualizados, no esquema fatorial 5x4, onde foram avaliadas 5 doses de potássio (0; 92; 188; 284 e 381 kg há⁻¹ K₂O), 4 genótipos de cana-de-açúcar (RB 987935, RB 92579, RB 867515, RB 988082) e 4 repetições. A avaliação foi realizada aos 14 meses após o plantio. Foram avaliadas: matéria fresca (MFPA), matéria seca da parte aérea (MSPA) e toneladas de colmo por hectare (TCH). Houve diferença entre os genótipos avaliados para as variáveis MFPA e MSPA. O genótipo RB 92579 apresentou os maiores ganhos de MFPA e MSPA com produtividades de 113,40 e 38,87 ton ha⁻¹, respectivamente. Por outro lado, o genótipo RB867515 obteve os menores ganhos quanto a estas variáveis, com 90,15 e 30,49 ton ha⁻¹. Os genótipos RB 987935 e RB 988082 mostraram-se como materiais intermediários, sendo as suas produtividades de 102,78 e 97,64 ton ha⁻¹ de matéria fresca e de 36,23 e 33,58 ton ha⁻¹ de matéria seca, respectivamente. Não houve interação significativa entre os genótipos e doses testadas para nenhuma das variáveis. Conclui-se que há um potencial diferenciado na eficiência de uso de potássio entre os genótipos, sendo, o genótipo RB 92579 o que possui o maior potencial, podendo ser utilizado nos programas de melhoramento.

Apoio: CNPq e CECA (PMGCA-UFV).

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV / Viçosa – MG, juan.sandoval@ufv.br

² Professor do Departamento de Fitotecnia, UFV / Viçosa – MG

³ Estudante de mestrado, UFV / Viçosa – MG, bolsista CNPq

⁴ Estudante de mestrado, UFV / Viçosa – MG, bolsista CNPq

⁵ Estudante de mestrado, UFV / Viçosa – MG

⁶ Estudante de pós-doutorado, UFV / Viçosa – MG, bolsista CAPES

Predição de ganhos genéticos de progênies de meios irmãos da população de milho UFVM100 via modelos mistos

Wemerson Mendonça Rezende¹; Tatiane Freitas Horta Trindade¹; Rafael Silva Ramos dos Anjos²; Mateus André Massensini¹; Luiz Silva Luz¹; Rodrigo Oliveira DeLima³

A seleção recorrente é um dos métodos de melhoramento mais aplicados ao melhoramento de milho. E uma das fases mais importante da seleção recorrente é a seleção de progênies superiores para recombinação e formação da população melhorada. Essa fase depende da estratégia de seleção que será adotada, qual só é possível ser escolhida após a predição dos ganhos genéticos. Durante a fase de avaliação, frequentemente acontece desbalanceamento devido a parcelas perdidas por razões diversas, e esse pode aumentar o viés de seleção e, conseqüentemente, reduzir os ganhos genéticos. Entretanto, a metodologia REML/BLUP pode ser usada com eficiência para predição de ganhos genéticos em experimentos desbalanceados. Assim, o objetivo deste trabalho foi usar o método REML/BLUP para estimar os ganhos genéticos para produtividade de grãos na população de milho UFVM100. Para isso, 114 progênies de meios-irmãos da população de milho UFVM100 foram avaliadas, na safra de 2015/2016, em três locais: área experimental da Horta Nova, do Aeroporto (Viçosa-MG) e de Coimbra (Coimbra-MG). Todas as áreas pertencentes ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, espaçadas em 0,80 m. Foram realizados todos os tratos culturais recomendados para cultura do milho na região. Os caracteres avaliados foram: altura de espiga (AE, cm), altura de plantas (AP, cm) e produtividade grãos (PG, kg ha⁻¹). Devido à problemas durante o experimento, os dados estavam desbalanceados. Os dados obtidos foram submetidos à análise de modelos mistos com emprego da metodologia REML/BLUP para os três locais. Houve diferença significativa entre as progênies para todos os caracteres avaliados e, logo, há variabilidade genética para ser explorada com a seleção. Embora, tenha sido detectada presença de interação genótipos x ambientes significativa, foram selecionadas 20 progênies superiores com base na PG com base na média de três locais. Com base na avaliação das progênies, a média da população UFVM100 foi de 128 cm, 231 cm e 9319 kg ha⁻¹, para AE, AP e PG, respectivamente. O coeficiente de variação do experimento variou de 5,03% a 15,07%, considerado baixo. Assim, a metodologia REML/BLUP foi eficiente na análise dos dados mesmo esses estando desbalanceados. As estimativas de herdabilidades foram de 0,65, 0,49 e 0,45, para, AP e AE respectivamente. Os ganhos de seleção para os caracteres AP e AE foram positivos, mas de pequena magnitude (aproximadamente um cm). O ganho de seleção predito para PG foi de 580 kg ha⁻¹, e a recombinação das 20 progênies superiores permitirá obter uma população melhorada com média predita de 10220 kg ha⁻¹. Conclui-se que há variabilidade genética dentro da população UFVM100 e a recombinação das progênies selecionadas, resultará num ganho de aproximadamente 6,37% em produtividade de grãos.

Apoio: Ao CNPq; CAPES; FAPEMIG e FUNARBE.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista FAPEMIG - e-mail: wemerson.rezende@ufv.br

²Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Predição de seleção de acessos de soja através de soma de ranks

*Iara Gonçalves dos Santos*¹; *Alisson Santos Lopes da Silva*²; *Wender Santos Rezende*³; *Renato Domiciano Silva Rosado*⁴; *Felipe Lopes da Silva*⁵; *Cosme Damião Cruz*⁶

A soja [*Glycine max*(L.) Merrill] é a principal oleaginosa do Brasil. Os caracteres de maior importância econômica da cultura são, em sua maioria, muito influenciados pelo ambiente. Para contornar esse problema, pode-se adotar a seleção combinada, por meio de índices que agregam múltiplas informações para seleção. O objetivo desse trabalho foi prever o ganho de seleção de caracteres fenotípicos utilizando o índice baseado em soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978). Foram avaliados 152 (tratamentos regulares) acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Soja do Departamento de Fitotecnia da UFV, em delineamento em blocos aumentados com cinco testemunhas (tratamentos comuns) e sete repetições. As variáveis mensuradas foram: número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturação (NDM), diâmetro do hipocótilo (DH), altura da planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de nós na haste principal (NNHP), número de hastes laterais (NHL), ângulo de acamamento (AC), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por vagem (NSV), teor de óleo (óleo), teor de nitrogênio (N) e proteína (PT). Para o índice, foi considerada a seleção dos 20 melhores genótipos. As características principais foram NVP, óleo e proteína, e para estas, foi atribuído peso um (1), enquanto as características secundárias receberam peso zero (0). Para os caracteres NDF, NDM e AC foram desejados decréscimo nos valores dos ganhos. As análises estatísticas foram realizadas por meio do *software* GENES (Cruz, 2013). Os maiores ganhos obtidos ocorreram para NVT (16,03%) e APM (15,65%), já o menor ganho ocorreu para AC (-0,15%), esses resultados foram inferiores aos encontrados em outros trabalhos, indicando que os acessos utilizados não apresentam uma ampla variabilidade. Dentre os caracteres principais, somente NVT apresentou boa amplitude, resultando em um maior ganho. O ganho obtido para teor de proteína representou somente 0,42%, já que a variância para esse caráter foi muito baixa. A alta variância de alguns caracteres contribuiu para que o ganho total fosse 65,5%. Conclui-se que a seleção com base nos caracteres PT, N, AC e NDF é ineficiente para obter ganhos significativos. Os acessos não apresentam variabilidade genética considerável para a maioria dos caracteres estudados.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq, iara.santos@ufv.br

² Mestre em Fitotecnia, UFV/Viçosa

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁴ Pós-doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁵ Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq - Nível 1

Produção e rendimento de óleo essencial em genótipos de erva cidreira brasileira, quimiótipo citral, avaliados durante o verão na região de Seropédica, RJ

Carlos Henrique Nascimento Soares¹; Pedro Corrêa Damasceno Junior²; Marco André Alves de Souza³

A erva-cidreira brasileira (*Lippia alba*), espécie pertencente à família Verbenaceae, se constitui em uma das mais importantes espécies aromáticas e medicinais brasileiras. Nesta, são encontrados vários quimiotipos, dentre eles, destaca-se o citral, sendo recomendado como calmante pela ANVISA. Cultivares comerciais de erva-cidreira são inexistentes. Portanto, no presente trabalho objetivou-se conhecer o comportamento de genótipos da erva-cidreira (*Lippia alba*), quimiótipo citral, quanto a variáveis ligadas a produção e rendimento de óleo essencial avaliados durante o verão em Seropédica, RJ. Para tal, organizou-se um experimento em blocos ao acaso com três repetições e nove genótipos de erva-cidreira (UFRRJ LA 001, 002, 005, 011, 012, 015, 018, 019 e 020), todos quimiótipo citral. As plantas foram dispostas em espaçamento 1,2 x 1,2 m no campo experimental do Departamento de Fitotecnia da UFRRJ em outubro de 2015. A coleta de dados foi realizada no mês de fevereiro de 2016. As variáveis analisadas foram: altura das plantas, diâmetros de copa, de ramo principal e ramo secundário, número de ramos avaliados na base do caule, a 10 e a 50 cm de altura e comprimento e largura do limbo foliar. Para a estimativa da biomassa fresca, todas as folhas das plantas das parcelas foram pesadas. A biomassa seca foi obtida secando a massa fresca em estufa a 37 °C durante 48 horas. Para extração do óleo essencial, 30g do material seco foram acondicionados em aparelho Clevenger, onde se realizou a hidrodestilação. Após extraído, misturou-se o óleo a solvente, formando fases distintas, o que possibilitou a separação entre óleo e hidrolato. Em seguida, o solvente foi eliminado com o auxílio de gás nitrogênio. O rendimento de óleo foi calculado pela divisão entre peso do óleo extraído pelo peso do material seco usado na extração. Para o cálculo da produção de óleo, o rendimento foi multiplicado pelo peso de massa seca produzida nos respectivos genótipos. Mediante a obtenção dos dados, realizou-se análises de variâncias e testes de médias via Teste “t” a 5% de probabilidade para todas as variáveis. Estimou-se também os coeficientes de determinação (H^2) para tais. Todas as análises estatísticas foram realizadas no Programa GENES. Os acessos foram estatisticamente distintos apenas para o rendimento e produção de óleo e a produtividade. O rendimento foi a variável com maior coeficiente de determinação genotípica ($H^2=94,44\%$), seguido da produção ($H^2=65,31\%$) e biomassa fresca e seca (57,53 e 55,59%). Considerando a produção e a produtividade, os genótipos UFRRJ LA 002, 005, 011, 015, 001 020, 018 e 019 não diferiram estatisticamente pelo Teste “t”, sendo, portanto, os mais produtivos, respectivamente do maior para o menor. Além de se destacar na produção, o genótipo UFRRJ LA 005 também foi o de maior rendimento de óleo essencial. O rendimento aliado à alta produção de biomassa deve ser a prioridade em programas de melhoramento genético de espécies medicinais.

Apoio: CNPq e FAPERJ

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Fitotecnia, UFRRJ/Seropédica - RJ, bolsista FAPERJ, cadivem@hotmail.com

² Professor Associado do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ /Seropédica-RJ

³ Professor Associado do Departamento de Química, UFRRJ/Seropédica – RJ

Receptibilidade do estigma em espécies de tomateiro

Ricardo Antônio Zeist¹; André Ricardo Zeist²; André Gabriel²; Julio José Nonato²; Juliano Tadeu Vilela de Resende³; Marcos Ventura Faria³

O sucesso dos cruzamentos intra e interespecíficos em programas de melhoramento genético é necessário conhecer a biologia reprodutiva e as condições necessárias para maximizar as taxas de pegamento dos cruzamentos. Considerando as informações supracitadas, o objetivo com este trabalho foi avaliar a receptibilidade de estigma em espécies de tomateiro. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, localizado no município de Guarapuava – PR. Para realização da avaliação da receptibilidade de pólen foram utilizados os genótipos silvestres: *Solanum pimpinellifolium* acesso “AF 26970”; *Solanum galapagense* acesso “LA-1401”; *Solanum peruvianum* acesso “AF 19684”; *Solanum chilense* acesso “LA-1967”; *Solanum habrochaites* Var. *Hirsutum* acesso “PI-127826”; *Solanum habrochaites* Var. *Glabratum* acesso “PI-134417”; e *Solanum pennellii* acesso “LA-716”, e duas linhagens *Solanum lycopersicum*: Redenção; e M8. Na data de 11 de fevereiro de 2016, foram transplantadas em casa-de-vegetação, mudas dos nove genótipos e conduzidos em delineamento experimental inteiramente casualizado, com cinco repetições, constituída cada parcela de uma planta. Um conjunto de dez estigmas antes da antese de cada repetição foi testado quanto à presença de desidrogenase, indicadora da receptividade, por meio do reagente peróxido de hidrogênio a 3%. O diagnóstico da receptividade utilizando a técnica do peróxido de hidrogênio consistiu na deposição de algumas gotas do reagente diretamente sobre o estigma disposto em lâmina e observado por 60 min em microscópio a formação ou não, de bolhas de ar em toda a região do estigma. Foi considerado EMR: estigma muito receptivo; ER: estigma receptivo (ER); e estigma pouco receptivo. Foi possível verificar que todos os estigmas liberaram bolhas de ar. Por sua vez, o estigma da espécie *S. habrochaites*, demonstrou-se pouco receptivo (EPR), com emissão de poucas bolhas e em baixa velocidade. Foi verificado que os estigmas de *S. pimpinellifolium*, *S. peruvianum*, *S. chilense*, *S. pennellii* e das linhagens Redenção e M8, foram muito receptivos (EMR), enquanto que os das espécies *S. galapagense* e *S. habrochaites* Var. *Glabratum* foram apenas receptivos.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Acadêmico de Graduação IDEAU/Getúlio Vargas-RS, ricardo-zeist@bol.com.br

² Acadêmico de doutorado Unicentro/Guarapuava- PR, Bolsista CAPES

³ Docente do Departamento de Agronomia, Unicentro/Guarapuava- PR.

Rede de correlação entre caracteres fenotípicos de Macaúba

Gabi Nunes¹; Renato Domiciano Silva Rosado²; Wender Santos Rezende³; Tatiana Barbosa Rosado⁴; Bruno Galves Laviola⁵; Cosme Damião Cruz⁶

A macaúba é atualmente considerada um dos principais recursos fitogenéticos da flora brasileira destacando-se como espécie altamente promissora devido ao seu potencial para uso alimentício, medicinal, na indústria de cosméticos e principalmente pelo seu alto rendimento energético por unidade de área cultivada, que pode ser utilizado como biocombustível. No melhoramento de Macaúba há inúmeros caracteres disponíveis para serem utilizados no processo de seleção de genótipos. Por isso, informações a respeito da correlação entre os caracteres são importantes para definir em quais caracteres a seleção deve se basear. Nesse sentido, a construção de redes de correlações entre caracteres é uma técnica útil, pois permite caracterizar sistemas complexos criando um modelo gráfico que apresenta correlações par a par entre e dentro de grupos predeterminados de caracteres. O objetivo deste trabalho foi construir redes de correlação fenotípica para elucidar padrões de ligação entre nove caracteres morfoagronômicos de soja. O experimento, implantado em 2011 na área experimental da Embrapa Cerrados, foi conduzido com 15 famílias de meios-irmãos. O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso, com cinco repetições, três plantas por parcela e espaçamento de 5x5m. As características avaliadas no ano de 2015 foram divididas em três grupos: a) cachos: número de frutos viáveis por planta (NFV), número de frutos não viáveis por planta (NFN), número total de frutos por planta (NFT); b) produção: peso total de frutos em kg/planta (PTF) e c) dendrometria: altura de inserção do primeiro cacho em metros (APC), altura da planta em metros (AP), diâmetro do caule (DC), projeção da copa na linha (PCL) e projeção da copa na entre linha (PCE). Como nem todas as progênies haviam iniciado a produção no quinto ano optou-se por utilizar os dados médios para prosseguir com as análises. Os ensaios foram conduzidos em Viçosa – MG e em Coimbra – MG no ano agrícola de 2014/2015. A partir das matrizes de correlação fenotípica, a rede de correlação de caracteres foi construída, com base no algoritmo de Fruchterman-Reingold, utilizando-se o programa Genes em integração com o programa R. Nessas redes, aplicou-se o corte de 0,7 ($|r_{ij}| \geq 0,7$ foram destacadas). Todas as correlações nesse estudo foram consideradas positivas. Dentro do subgrupo dendrometria observamos correlações acima de 90% entre as variáveis PCL e PCE. Para o subgrupo cachos correlações acima de 70% foram observadas entre as variáveis APC com NFV e NFN. Já a variável NFT, como era esperado houve correlação acima de 90% com a variável NFV. Quando fazemos comparações entre grupo, observamos que a PFT se correlaciona somente com NFT e NFV e AP somente com NFV, APC e NFN. A única variável que não se correlacionou com as demais foi a variável diâmetro do caule. Neste estudo, variáveis de cachos foram mais correlacionadas entre si do que com variáveis de dendrometria.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Estatística Aplicada e Biometria, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, gabi.nunessilva@yahoo.com.br

² Pós-Doutorando do curso de Genética e Melhoramento UFV/Viçosa-MG/Brasil., Bolsista PDJ/CNPq

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Professor adjunto UNB/Brasília – DF, bolsista PQ/CNPq

⁵ Pesquisador Embrapa Agroenergia, Embrapa Agroenergia, Brasília/DF

⁶ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Representatividade da rede ambiental de arroz irrigado em Minas Gerais

Antônio Carlos da Silva Júnior¹; Vinícius Quintão Carneiro²; Renato Domiciano Silva Rosado³; Iara Gonçalves dos Santos⁴; Plínio César Soares⁵; Cosme Damião Cruz⁶;

Com intuito de promover a orizicultura em Minas Gerais, tornando-a uma atividade mais atrativa, o Programa de Melhoramento Genético de Arroz Irrigado da EPAMIG em parceria com a EMBRAPA Arroz e Feijão, desenvolve e testa inúmeras linhagens de arroz anualmente, por meio dos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Como a condução dos experimentos de avaliação é normalmente onerosa, questiona-se se é possível reduzir o número de ambientes utilizados. Assim, o objetivo desse estudo foi definir o número ótimo de ambientes para avaliação da produtividade de linhagens de arroz irrigado no estado de Minas Gerais. Foram avaliadas 21 linhagens de arroz quanto a produtividade de grãos (Kg/ha) nos municípios de Leopoldina, Nova Porteirinha e Lambari (FELB) nos anos agrícolas 2012/13, 2013/14 e 2014/15. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com três repetições. Foi realizada análise de variância conjunta dos dados e estabelecido o número ótimo de ambientes com o auxílio do *software* GENES (Cruz, 2013). Para se determinar o número ótimo de ambientes pela metodologia de busca exaustiva foram considerados inicialmente todos os ambientes agrupados e então foram retirados um a um, formando grupos cada vez menores, avaliando até quando foi possível fazer isto sem que o grupo apresentasse um valor de correlação, do desempenho dos genótipos nos conjuntos de dados, menor do que o valor ótimo pré-estabelecido. De acordo com a análise de variância conjunta houve interação genótipo x ambiente significativa, indicando o comportamento diferencial dos genótipos frente às variações ambientais. Uma vez detectada esta interação, prosseguiu-se com a análise de número ótimo de ambientes. Para uma correlação de 80%, com o número total de ambientes, foi possível excluir os ambientes 4 (FELP-2013/14) e 6 (FELB-2013/2014) sem que a correlação diminuísse tanto. Qualquer retirada além destas mencionadas faz com que as mudanças já sejam de grande importância nas análises, ocasionando na redução das correlações. Estas situações se devem principalmente a condições ambientais adversas. No caso do arroz pode ser explicado por ser um ano atípico para esta cultura, sendo que poderiam ser descartados sem que os resultados de avaliação fossem alterados em relação ao obtido com a rede experimental original. Caso o interesse seja em maior rigor nestas análises poder-se-ia adotar correlação de 90%, e nesse caso, apenas o ambiente 6 (FELB-2013/2014) poderia ser descartado. A escolha do nível de correlação utilizada deve considerar a disponibilidade de recursos humanos e financeiros para condução dos experimentos em vários ambientes. Assim, análises desta natureza são muito importantes para os programas de melhoramento, uma vez que identificar ambientes que podem ser eliminados da rede de ensaios acarreta em redução de custos financeiros e de mão de obra.

Apoio: Fapemig, CAPES e CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, antonio.c.junior@ufv.br

² Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³ Pós-Doutorado - Genética e Melhoramento UFV/Viçosa-MG/Brasil., Bolsista CNPq

⁴ Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

⁵ Pesquisador – EPAMIG/Viçosa-MG/Brasil. Bolsista BIPTD FAPEMIG

⁶ Professor Titular- Departamento de Biologia Geral- UFV/Viçosa-MG/Brasil, Bolsista CNPq

Resistência ao mofo-branco entre genótipos de feijão-comum do tipo vermelho

Ari Flávio Ferreira de Souza¹; Wilson de Almeida Orlando Junior³; Lucas Rodrigues Vieira de Sousa²; Pablo Henrique Teixeira²; Renan Cardoso Lima⁴; Rogério Faria Vieira⁵

As linhagens de feijão disponibilizadas pelos programas de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão, Universidade Federal de Viçosa (UFV) e Universidade Federal de Lavras (UFLA) são avaliadas nas principais regiões produtoras de Minas Gerais nos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU). Entre os tipos de feijão mais cultivados no Brasil estão o carioca e o preto; entretanto, outros tipos de grãos, embora de menor expressão nacional, têm importância regionalizada, como é o caso do feijão vermelho, amplamente cultivado na Zona da Mata de Minas Gerais. Como, em geral, os VCUs não são conduzidos em áreas com histórico de mofo-branco (MB), doença mais destrutiva do feijoeiro na safra de outono-inverno, o objetivo deste estudo foi verificar se há genótipos de feijão vermelho que participam do VCU que apresentam resistência parcial ao MB. O ensaio foi conduzido na safra de inverno, em 2014, em Oratórios, MG, em área com histórico da doença, com irrigação por aspersão. Foram avaliados 25 genótipos pertencentes ao tipo de feijão vermelho. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliados acamamento, intensidade do MB, produtividade e peso de escleródios. O acamamento foi avaliado com notas de 1 a 9, em que 1 = planta ereta e 9 = todas as plantas fortemente inclinadas ou 80% a 100% das plantas caídas. A intensidade do MB foi avaliada com notas de 1 a 9, em que: 1 = sem sintoma da doença e 9 = 80 a 100% de plantas doentes e/ou 60 a 100% de tecidos infectados. Após a colheita, foram eliminadas as impurezas misturadas com os grãos e escleródios. Estas estruturas foram então separadas dos grãos e pesadas. A produtividade de grãos foi determinada, fazendo a correção do teor de água para 13%. Os dados foram submetidos à análise de variância, e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5%. A intensidade média do MB nos genótipos variou de 3,0 a 8,0, o que indica que a pressão do MB foi alta. Não houve efeito significativo dos genótipos sobre a intensidade do MB. A correlação entre produtividade e peso de escleródios foi significativa, porém baixa ($r = -0,26$, $p = 0,009$). Formaram-se dois grupos de genótipos com base na produtividade, três com base no acamamento e dois grupos com base no peso de escleródios. Os genótipos 71F3I6I-223-142, 72F3I6-I-6-4, 52F3I6I-170-109, 52F36I-184-117 e Vermelhinho ficaram no grupo dos menos produtivos. Dos 20 genótipos que ficaram no grupo dos mais produtivos, 14 também ficaram no grupo que apresentaram menor peso de escleródios. Destes 14, apenas a linhagem AFR140-1070461 ficou no grupo dos que menos acamaram. Genótipos que acamam menos geralmente apresentam menos MB no campo, pois permitem maior insolação e circulação de ar na planta e no solo. Nenhum dos genótipos se destacou quanto à resistência parcial ao MB, no entanto 14 genótipos apresentaram maior produtividade e produziram menos escleródios, o que ajuda a reduzir o inóculo na lavoura.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG, ariufv@gmail.com;

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG, Bolsista FAPEMIG

³ Bolsista de apoio técnico EPAMIG/FAPEMIG, Viçosa-MG;

⁴ Estudante de pós-doutorado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq;

⁵ Pesquisador EMBRAPA, Viçosa – MG.

Resistência fisiológica de genótipos de soja à podridão branca da haste

Bruno de Almeida Soares¹; Wilson de Almeida Orlando Junior²; Ari Flávio Teixeira de Souza³;
Lucas Rodrigues Vieira de Sousa⁴; Renan Cardoso Lima⁵; Felipe Lopes da Silva⁶

A soja, *Glycine max* (L.)Merrill, é uma das culturas mais importantes no Brasil. Em regiões onde ocorrem condições climáticas amenas na safra de verão (Região Sul, chapadas dos cerrados, acima de 800m de altitude) ou mesmo, em anos de ocorrência de chuvas acima da média, o fungo causador da Podridão Branca da Haste (PBH), *Sclerotinia sclerotiorum* (lib.) de Bary, pode colocar em risco toda a produção. Ainda não se conhece nenhuma fonte de resistência completa à PBH, no entanto a resistência fisiológica na soja para *S. sclerotiorum* já foi observada em experimentos de casa-de-vegetação e de câmara de crescimento. O objetivo deste trabalho foi avaliar 146 cultivares quanto à resistência fisiológica à PBH. O experimento foi realizado em casa de vegetação, em 2016, na EPAMIG Sudeste, Viçosa-MG. As cultivares utilizadas foram cedidas pela CODETEC. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de um vaso, com duas plantas. A inoculação foi realizada pelo método de *straw test*, no estágio V4. Foram avaliados notas de severidade da doença e o comprimento de lesão (CL) aos 7 e aos 14 dias após inoculação (DAI). A escala de notas para severidade da doença variou de 1 à 9 em que 1=sem sintomas, 2=lesão apenas no pecíolo lateral, 3=lesão além do pecíolo lateral, mas não se estende até o primeiro nó, 4=lesão se estende até o primeiro nó, 5=lesão entre o primeiro e o segundo nó a partir do pecíolo, 6=lesão até o segundo nó, 7=lesão entre o segundo e terceiro nó, 8=lesão se estende até o terceiro nó, 9=lesão além do terceiro nó. Os dados foram submetidos à análise de variância, e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Com sete DAI, formaram-se dois grupos de genótipos para CL e nenhum grupo para nota de severidade da doença. As cultivares CD 240 RR, CD 236 RR, CD 233 RR, NS 4823, 5D690 RR e BRS 282 foram as que apresentaram maior CL e as cultivares BRS 262, BRS 184, CD 2585 RR, CD 2840 e P98Y51 foram as que apresentaram menor CL. Com 14 DAI, houve a formação de três grupos de genótipos para nota de severidade da doença e quatro grupos para CL. As cultivares CD 240 RR, CD 236 RR, CD 204, CD 233 RR, CAC 1 e 5D690 RR permaneceram no grupo de maior nota de severidade da doença e as cultivares CD 240 RR e CD 236 RR no grupo de maior CL. As cultivares BRS 262, BRS 184, CD 2585 RR, CD 2840 e P98Y51 ficaram no grupo de menor nota de severidade da doença e permaneceram no grupo de menor CL. Assim, as cultivares BRS 262, BRS 184, CD 2585 RR, CD 2840 e P98Y51 foram as que apresentaram maior potencial para programas de melhoramento visando resistência à PBH. Além disso, esses dados irão permitir o estudo de possíveis regiões no genoma da soja associadas com a resistência à PBH.

Apoio: CNPq e CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, brunosoaresagro@gmail.com;

² Bolsista EPAMIG/Viçosa-MG, BATII EPAMIG/FAPEMIG;

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG Bolsista FAPEMIG/EPAMIG;

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG Bolsista FAPEMIG/EPAMIG;

⁵ Estudante de pós-doutorado, EPAMIG/Viçosa - MG, Bolsista CNPq;

⁶ Professor do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG.

Seleção de acessos de pinhão-manso com alto teor de óleo por meio de análise multivariada

Jaqueline Oliveira Rosa¹; Amanda Carolina Prado de Moraes²; Aretha Arcênio Pimentel Corrêa³; Sandra Helena Unêda-Trevisoli⁴; Antônio Orlando Di Mauro⁵

O pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), pertencente à família Euphorbiaceae, é uma espécie oleaginosa, perene e arbustiva, se destacando como uma potencial matéria-prima para produção de biodiesel, devido ao alto teor de óleo presente em suas sementes, baixo custo de produção e resistência ao estresse hídrico. Contudo, a espécie ainda não é domesticada, sendo de fundamental importância estudos acerca de seus aspectos agronômicos para futuros programas de melhoramento genético e produção em larga escala. Assim, o objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade fenotípica e selecionar os genótipos mais promissores de pinhão-manso através de análise multivariada. Foram avaliados cinco caracteres agronômicos quantitativos em 50 genótipos de pinhão-manso pertencentes ao banco de germoplasma *in vivo* localizado no Departamento de Produção Vegetal da UNESP/FCAV, Jaboticabal, SP. Os caracteres aferidos foram: altura da planta, diâmetro do caule, número de ramificações primárias, peso de semente e teor de óleo. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento pelo método hierárquico utilizando distância Euclidiana e ligação entre os grupos pelo método UPGMA, através do software STATISTICA. Analisando o dendrograma obtido e considerando os pontos de elevada mudança de nível, adotou-se o corte na distância de agrupamento de 2,5; resultando na divisão em oito grupos, dos quais cinco compilaram genótipos com características de interesse, como alto teor de óleo e árvores de baixo porte, que representa grande vantagem no momento da colheita, podendo ser selecionados para programas de melhoramento genético. Os outros três grupos reuniram os genótipos que não apresentam características interessantes para este fim. O dendrograma gerado não revelou um padrão com relação às regiões geográficas em que estes pertencem, já que diferentes genótipos de mesma localidade foram reunidos em diferentes grupos. A análise multivariada permitiu a caracterização dos genótipos, diferenciando-os em grupos de interesse e não-interesse, possibilitando a seleção para os caracteres avaliados para programas de melhoramento genético da espécie.

Apoio: CAPES

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de doutorado no programa de Genética e Melhoramento Animal, UNESP/Jaboticabal - SP, Bolsista CAPES

²Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), UNESP/Jaboticabal - SP.
amandacpmoraes@yahoo.com.br

³Estudante de doutorado no programa de Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), UNESP/Jaboticabal - SP, Bolsista CAPES

⁴Professor Adjunto do Departamento de Produção Vegetal, UNESP/Jaboticabal - SP

⁵Professor Titular do Departamento de Produção Vegetal, UNESP/Jaboticabal - SP

Seleção de progênies F_{2:3} de soja via modelos mistos com covariável para a avaliação de estande de plantas

Lucas de Amaral Silva¹; João Marcos Soares Ferreira¹; Júlia Nascimento¹; Vinícius Oliveira Goulart¹; Leonardo Volpato²; Felipe Lopes da Silva³

A imposição da distribuição espacial, permite que a cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill), alterem sua morfologia e componentes de rendimento, a fim de, adequá-los a essa condição, tal capacidade é denominada plasticidade. De modo geral, as cultivares comerciais de soja apresentam elevada plasticidade, o que permite manter a produtividade mesmo com grande variação de população de plantas por área. Neste sentido, o objetivo do presente trabalho foi selecionar progênies de soja F_{2:3} por meio do controle estatístico via covariável, Três populações F₂'s, oriundas de três híbridos F₁'s resultantes de cruzamentos entre os progenitores TMG 123 RR, M7211 RR, UFVS Citrino RR, UFVS Turqueza RR e M7908 RR, foram avaliadas e cada planta F₂ foi colhida originando 204 progênies. As progênies obtidas, constituíram a geração F_{2:3} e juntamente com mais nove testemunhas (progenitores e cultivares comerciais) comporão se os tratamentos avaliados. As avaliações experimentais ocorreram no ano agrícola de 2015/2016, utilizando o delineamento em blocos incompletos com três repetições avaliados em dois locais, ambos localizados no município de Viçosa (MG) nas estações experimentais de ensino e pesquisa da UFV. As parcelas foram constituídas de uma linha de 1,5 m de comprimento, espaçadas de 0,6 m, contendo 22 sementes. Os caracteres avaliados foram número de nós da haste principal no florescimento, ângulo médio de acamamento, número de ramos laterais, massa de cem sementes em gramas e produção em gramas por planta. A avaliação estatística foi realizada via modelos mistos (REML/BLUP) utilizando o software Selegen, de acordo com o modelo estatístico $y = Xr + \beta Cov + Zg + Wp + Ti + e$. A partir das análises de deviance para os caracteres avaliados foram estimados os parâmetros genético e ambientais. Foi constatado nas análises efeito significativo para todas as variáveis, demonstrando assim, variabilidade entre os genótipos e possibilitando ganhos com a seleção, por meio das estimativas dos componentes de variância e predição dos valores genéticos. Para todas as variáveis, foi encontrado valores genotípicos desejáveis para os ganhos com a seleção, evidenciando potenciais progênies, as quais vão originar as futuras linhagens, com caracteres de produção de grãos desejáveis e, também, a evidenciando a variabilidade contrastantes entre os progenitores. Ao se comparar com as testemunhas, verificou-se progênies com maiores valores genotípicos para todas as variáveis, evidenciando o potencial dos caracteres de produtividade nas progênies. A partir destas observações é possível concluir que as falhas de estande podem ser consideradas como critério de avaliação da adaptabilidade do genótipo, com correções da própria plasticidade fenotípica da progênie e, o coeficiente de regressão associado a covariável (β) foi eficiente para corrigir selecionar progênies de soja, mesmo em condições desfavoráveis da taxa de sobrevivência de plantas.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudantes de graduação, UFV/Viçosa-MG, e-mail: lucas.a.amaral@ufv.br;

² Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES/CNPq;

³ Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG;

Seleção de progenitores para o melhoramento de *Coffea arabica* com base na análise de dialelo circulante

Alexsandra Medeiros Correia¹; Eveline Teixeira Caixeta²; Lisandra Magna Moura³; Antônio Carlos Baião de Oliveira⁴; Cosme Damião Cruz⁵; Ney Sussumu Sakiyama⁶

Desde a introdução no Brasil, o cafeeiro tem sido uma das culturas de maior importância econômica e social para o país. Diante disso, grande investimento tem sido realizado nos programas de melhoramento do cafeeiro objetivando obtenção de cultivares com características agrônomicas e tecnológicas de interesse, aliadas a um alto potencial produtivo. Uma das metodologias utilizadas para a seleção de progenitores para o melhoramento genético é o cruzamento dialélico. Dialelos têm sido aplicados para a obtenção de informações sobre o potencial genético de cultivares ou linhagens, bem como suas capacidades de combinação, que resultem em híbridos produtores de populações segregantes promissoras. Assim, o presente trabalho teve como objetivo o estudo de um dialelo circulante, para auxiliar na seleção de progenitores nos programas de melhoramento genético de *Coffea arabica*. O experimento foi montado em DBC contendo 20 tratamentos, compostos por 12 híbridos F₁ e por 8 progenitores (Paraíso MG H419-1, Catiguá MG2, Oeiras MG 6851, H 484-2-18-12, UFV 311-63, Arara, Acauã Novo e Siriema), com 4 repetições e 3 plantas por parcela. A análise do dialelo foi realizada com base na avaliação de 10 características morfoagronômicas: Vigor Vegetativo (VIG), Cor do Broto (CB), Cor do Fruto Maduro (CF), Produção (PRO), Ciclo de Maturação dos Frutos (CMT), Uniformidade de Maturação dos Frutos (UMT), Tamanho dos Frutos Maduros (TF), Incidência de Ferrugem (FER), Incidência de Cercosporiose (CER) e Infestação de Bicho mineiro (BM). As análises estatísticas foram realizadas utilizando os recursos computacionais do programa GENES. Foi realizada uma ANOVA com os dados dos pais e dos F₁'s. Posteriormente, foi realizada a análise do dialelo circulante segundo o modelo de Kempthorne e Curnow, que permitiu estimar os parâmetros genéticos, a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e prever as melhores combinações híbridas. Houve diferenças significativas entre os tratamentos para as características VIG, CF, PRO, CMT, UMT e CER. Para os valores estimados de CGC dos progenitores houve diferenças significativas para as características VIG, CF, PRO, CMT, UMT, FER, CER. Para os valores de CEC estimados houve diferenças significativas somente para as características VIG, CF, PRO e CMT. Para as outras características não citadas não houve diferenças significativas. Pela análise de variância foi evidenciada a existência de variabilidade genética aditiva e não-aditiva significativa entre as constituições genéticas avaliadas por meio dos quadrados médios da CGC e CEC. Para todas as características avaliadas as CGC foram maiores do que as CEC, indicando uma maior participação da ação gênica aditiva no controle dos caracteres. Assim, para as principais características (VIG e PRO), os cruzamentos que devem ser priorizados são entre os progenitores Catiguá MG2 e UFV 311-63 e entre Catiguá MG2 e Acauã Novo, com base na estimação dos parâmetros genéticos.

Apoio: CAPES; Consórcio Pesquisa Café; CNPq; Fapemig; INCT/Café
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, alexsandra.correia@ufv.br

²Pesquisadora da Embrapa Café, Bioagro, UFV/Viçosa - MG

³Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/ Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴ Pesquisador da Embrapa Café, Epamig, Viçosa - MG

⁵Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

⁶Professor Titular do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Seleção de progenitores para o melhoramento de *Coffea arabica* com base na diversidade genética molecular

Alexsandra Medeiros Correia¹; Eveline Teixeira Caixeta²; Tiago Vieira Sousa³; Antonio Alves Pereira⁴; Cosme Damião Cruz⁵; Laércio Zambolim⁶

Diante da importância da cultura do café para o Brasil, os programas de melhoramento genético do cafeeiro têm como principal objetivo a obtenção de cultivares de *Coffea arabica* com características agrônomicas e tecnológicas de interesse, melhor qualidade de bebida e resistência a pragas e doenças, aliadas a um elevado potencial produtivo. Porém, o programa de melhoramento genético desta espécie é limitado, devido a sua baixa variabilidade genética. A recente origem da espécie, sua reprodução preferencialmente autógama, e o histórico de limitada dispersão são as principais justificativas para a estreita base genética. Assim, estratégias eficientes para explorar a variabilidade genética são determinantes para o sucesso dos programas de melhoramento genético do cafeeiro. Uma alternativa seria explorar e identificar a variabilidade genética por meio da utilização de marcadores moleculares. Esses marcadores tornaram-se de grande utilidade para o melhoramento genético, pois permitem o acesso a informações precisas ao nível do DNA e oferecem uma série de vantagens como confiabilidade, estabilidade e detecção de variabilidade em qualquer tecido vegetal. Assim, o presente trabalho teve como objetivo utilizar a análise da diversidade genética para auxiliar os programas de melhoramento de *C. arabica* na identificação de progenitores. Foram utilizados 12 marcadores moleculares polimórficos do tipo SSR (*Simple Sequence Repeats*) para acessar a diversidade genética de 76 cafeeiros. Os dados obtidos dos marcadores foram codificados como codominantes. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos recursos computacionais do programa GENES. O dendrograma para a análise de diversidade foi construído no programa MEGA, utilizando a técnica de agrupamento UPGMA, a partir dos valores da matriz de distância gerada pelo complemento aritmético do índice ponderado. Um total de 28 alelos foi obtido entre as plantas analisadas e o número de alelos amplificados por marcador variou entre dois e três com uma média de 2,3 alelos por loco. A análise da matriz de distância genética e o dendrograma resultante permitiram identificar que os cruzamentos entre Catiguá MG2 x Acauã, Catiguá MG2 x Topazio MG 1190, Catiguá MG2 x Arara, Catiguá MG2 x Bourbon Amarelo MG 0009 e Catiguá MG2 x Tupi Ferrero, são os que otimizam a distância genética. Como no melhoramento genético busca-se, normalmente, o cruzamento entre materiais divergentes e complementares, esse resultado deve ser levado em consideração para a seleção de plantas como progenitores para cruzamentos de interesse. Dessa forma, a análise de diversidade genética auxilia na recomendação de cruzamentos, sendo possível selecionar as plantas para a obtenção de híbridos produtores de populações segregantes, evitando que sejam efetuados cruzamentos entre plantas muito próximas geneticamente.

Apoio: CAPES; Consórcio Pesquisa Café; CNPq; Fapemig; INCT/Café
Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Mestranda do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, alexsandra.correia@ufv.br

²Pesquisadora da Embrapa Café, Bioagro, UFV/Viçosa - MG

³Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

⁴Pesquisador da Epamig, Viçosa - MG

⁵ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

⁶Professor Titular do Departamento de Fitopatologia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Seleção indireta em capim-elefante para a produção de bioenergia

João Romero do Amaral Santos de Carvalho Rocha¹, Pedro Crescêncio Souza Carneiro², Juarez Campolina Machado³, Edson Efrain Ramos Assis⁴

O capim-elefante tem sido pesquisado como matéria prima bioenergética devido à sua alta produção de biomassa lignocelulósica. A obtenção de novas cultivares para uso bioenergético se tornará mais complexa no sentido de se obter altos níveis de expressão para um considerável número de caracteres, estando estes, em maior ou menor grau correlacionados. A correlação entre características apresenta relevância para o processo seletivo quando decomposta em causa e efeito, caso contrário a interpretação direta do coeficiente de correlação simples pode resultar em erros na estratégia de seleção. Neste contexto, destaca-se a análise de trilha por decompor o coeficiente de correlação simples em efeitos diretos e indiretos sobre uma variável de interesse principal. O objetivo com este trabalho foi quantificar as inter-relações de um conjunto de caracteres com a característica principal poder calorífico, visando selecionar genótipos de capim-elefante para a co-geração de energia. Para isto, foram utilizados dados de avaliação de 100 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Capim-elefante da Embrapa Gado de Leite com base em 16 características, avaliadas em três cortes. Os valores genotípicos destes acessos foram preditos com base na metodologia de modelos mistos via REML/BLUP. Houve variabilidade genética significativa para a maioria das características com exceção de hemicelulose, que foi excluída das análises posteriores. As características biomassa verde, relação celulose/lignina, fibra em detergente neutro e fibra em detergente ácido também foram descartadas da análise de trilha por provocarem colinearidade na matriz de correlação genotípica envolvendo as características explicativas. A estimativa do coeficiente de determinação do diagrama de trilha (r^2) foi de 0,83, indicando que as variáveis explicativas utilizadas na análise de trilha estão entre as principais determinantes da variável poder calorífico em capim-elefante. Entretanto, observou-se efeito residual de magnitude relativamente elevada (0,41), indicando que outras variáveis, em especial a densidade da biomassa, não considerada neste estudo, também podem ter importância para uma determinação completa do poder calorífico. Entre as variáveis analisadas, destacaram-se os caracteres lignina e teor de cinza como principais determinantes do poder calorífico. A característica lignina apresentou correlação de magnitude intermediária (0,64) com baixo efeito direto (0,37), sendo o seu principal efeito indireto via teor de cinza. Já a característica teor de cinza apresentou elevada correlação (-0,86) com alto efeito direto (-0,67) sobre a variável principal poder calorífico. Assim, melhoria no poder calorífico de genótipos de capim-elefante pode ser obtida pela seleção indireta de plantas com maior teor de lignina e menor teor de cinza.

Apoio: CAPES, CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, joaoacrocha@gmail.com

² Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq.

³ Pesquisador Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG.

⁴ Estudante de graduação, Doctum/Juiz de Fora - MG.

Sugestão de descritores quantitativos mínimos para a caracterização da mangabeira (*Hancornia speciosa gomes*) da coleção de germoplasma da UFG

Gabriella Queiroz de Almeida¹; Lázaro José Chaves²

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é um exemplo de frutífera nativa do Cerrado não endêmica a este bioma, é uma espécie alógama, auto-incompatível e apresenta alta diversidade genética, por ter semente recalcitrante seu germoplasma deve ser conservado em coleções vivas. Todo trabalho de melhoramento baseia-se na existência de variabilidade genética, cuja fonte básica são as coleções de germoplasma, que para serem bem aproveitadas devem ser bem caracterizadas. Este trabalho teve como objetivo sugerir descritores quantitativos mínimos para a caracterização de mangabeira. A coleção de germoplasma da Escola de Agronomia (EA) da Universidade Federal de Goiás (UFG) foi implantada em 2005 no município de Goiânia em delineamento experimental de blocos completos casualizados com 192 acessos individuais estruturado em 57 progênies de polinização livre originadas das plantas amostradas em 29 populações naturais de quatro variedades botânicas. A partir de 26 caracteres morfoagronômicos (ângulo de inserção foliar; altura da planta; altura de ramificação; índice de clorofila A; circunferência do caule; comprimento do entrenó; comprimento da folha, comprimento do fruto; comprimento do pecíolo; comprimento do pedúnculo; comprimento do pedúnculo floral; comprimento do tubo floral; diâmetro da copa; diâmetro da corola; diâmetro do fruto; diâmetro do pecíolo; diâmetro do pedúnculo; diâmetro do pedúnculo floral; diâmetro do tubo floral; largura da folha; massa do fruto; massa das sementes; número de flores; número de frutos; número de ramificações; número de sementes) foram selecionados os doze mais representativos para estudos de variabilidade genética em mangabeira, utilizando análise de variáveis canônicas. No cálculo das variáveis canônicas utilizou-se o pacote e o procedimento “candisc”, do *software* R, no qual as variáveis quantitativas mais correlacionadas com as últimas variáveis canônicas foram sendo eliminadas até que ficassem no máximo doze caracteres. Obtiveram-se quatro variáveis canônicas representando mais de 80% da variação total dos dados. E os doze descritores quantitativos mínimos encontrados foram: comprimento e largura foliar, comprimento e diâmetro do pecíolo, comprimento do entre nó, diâmetro da corola, diâmetro do pedúnculo floral, comprimento e diâmetro do fruto, número de frutos, altura da planta e altura da primeira ramificação.

Apoio: Fapeg/CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista CAPES, gabriellaqueirozalmeida@hotmail.com

² Professor Titular do Setor de Melhoramento de Plantas, EA/UFG/Goiânia – GO, bolsista PQ/CNPq

Teores de FDN, FDA e digestibilidade *in situ* da forragem no ponto de ensilagem de híbridos *top crosses* de milho

Diego Fernando De Marck¹; Welton Luiz Zaluski²; André Gabriel²; Carlos Augusto da Silva¹; Isabella Cavallin³; Marcos Ventura Faria⁴

O milho é o material mais utilizado para ensilagem, devido sua boa composição bromatológica. Para o devido estudo, foram utilizadas 45 linhagens S3 da população 101, provenientes do híbrido comercial AS 1572, cruzadas com o híbrido testador AG 8025, avaliados os 45 híbridos *top crosses* e o testador em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foram conduzidos no campus Cedeteg da Universidade Estadual do Centro Oeste – UNICENTRO, em Guarapuava-PR, na safra 2014-2015 (ambiente 1) e no Sítio Santa Rosa em Rio Bonito do Iguaçu-PR, na safra 2014-2015 (ambiente 2). Os plantios foram realizados no mês de outubro, sendo cada parcela constituída de 5 metros de comprimento e 0,80 metros entre linhas, objetivando 70.000 plantas.ha⁻¹. O corte das plantas no ponto de ensilagem foi realizado quando os grãos apresentaram ¾ da linha do leite e a picagem do material foi realizada em uma forrageira estacionária com tamanhos médios de picado de 1,5 cm. As determinações dos teores de fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA), foram realizadas no Laboratório de Nutrição Animal da UNICENTRO e a digestibilidade *in situ*, realizada em bois fistulados. Os teores médios de FDN foram 57,9% e 60,4% no ambiente 1 e 2 respectivamente, para FDA foi 27,8% no ambiente 1 e 29,9% no ambiente 2. Para FDA e FDN, houve diferença entre os genótipos e os ambientes e também houve interação genótipo x ambiente. Para FDA no ambiente 1 os híbridos *top crosses* 1.1 e 26.1 e no ambiente 2: 19.1, 47.1, 86.1, 88.1 e 90.2, apresentaram os menores teores diferindo dos demais. Quanto a FDN no ambiente 1, 28 híbridos *top crosses* e o híbrido AG 8025 e no ambiente 2, 11 híbridos *top crosses* (3.1, 18.4, 29.1, 51.1, 86.1 e 88.4), foram agrupados com os menores valores, diferindo dos demais. Sendo que seis híbridos *top crosses* ficaram nos grupo de menores valor de FDN nos dois ambientes, podendo estes serem utilizados nos dois ambientes testados. Houve diferença significativa (P<0,01) entre os genótipos para a digestibilidade *in situ* da forragem e a interação genótipos x ambientes foi significativa. A média de digestibilidade foi de 61,6% e 58,6%, no ambiente 1 e 2 respectivamente. Os híbridos *top crosses* que apresentaram os maiores teores de digestibilidade diferindo dos demais foram: 3.1, 18.3, 18.4, 62.2, 73.1, 79.1, 86.1 juntamente com o híbrido AG 8025 no ambiente 1, já no ambiente 2 foram os híbridos *top crosses* 3.1, 18.3, 18.4, 22.1, 24.1, 26.1, 39.2, 47.1, 51.1 e 86.1, observa-se que os híbridos *top crosses* 3.1, 18.3, 18.4 e 86.1 ficaram nos dois ambientes entre os grupos de maiores valores de digestibilidade. Notou-se que os híbridos *top crosses* 3.1, 18.4 e 86.1 ficaram entre os grupos com maior valor de digestibilidade e com os menores teores de FDN, nos dois ambientes estudados, estes demonstrando assim um grande potencial e estabilidade para esses caracteres. Algumas linhagens apresentam potencial para avançar no programa de melhoramento da Unicentro.

Apoio: CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando em produção vegetal, Unicentro/Guarapuava-PR, diegofernandodemarck@hotmail.com

² Doutorando em produção vegetal, Unicentro/Guarapuava-PR

³ Doutoranda em genética e melhoramento, UFV/ Viçosa-MG

⁴ Professor Associado, Unicentro/Guarapuava-PR

Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre genótipos de Teca

Antonio Marcos Chimello¹; Giovanna Kettlêm Silva²; Nathalia Cristina Zucarelli³; Jeferson Gonçalves de Jesus⁴; Leonarda Grillo Neves⁵; Kelly Lana Araújo⁶

Por meio de estudos de diversidade genética, é possível identificar genótipos contrastantes, com características de interesse, como fontes de resistência e alta produtividade, a fim de realizar cruzamentos promissores, para serem utilizados em programas de melhoramento. Uma técnica muito utilizada para avaliar a diversidade genética é a análise de Gower, que traz uma análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos. O objetivo do trabalho é avaliar a diversidade genética do banco de germoplasma da teca, por meio de caracteres morfológicos. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso, com três repetições e cada parcela foi composta por três plantas, foram avaliados 30 diferentes genótipos de teca em casa de vegetação. As avaliações foram separadas em dados quantitativos: altura da planta, diâmetro do caule, massa verde e seca da parte aérea e raiz, comprimento e largura do limbo foliar, pilosidade abaxial e adaxial e qualitativos: forma do limbo foliar, forma da base e do ápice foliar, margem da folha, cor da face adaxial da folha e presença ou não de pecíolo. Com base no algoritmo de Gower, foi realizada uma análise conjunta das variáveis quantitativas e qualitativas para estimar a matriz de distância genética, a técnica de agrupamento utilizado foi o da ligação média entre grupos (UPGMA), sendo que o ajuste entre a matriz de distâncias e o dendrograma foi estimado pelo Coeficiente de Correlação Cofenética e a utilização da técnica de otimização de Tocher, no programa Genes. Com base no algoritmo de Gower, por meio do método de agrupamento UPGMA, foi obtido a formação de seis grupos distintos, o primeiro grupo foi formado por 22 genótipos, grupo II formado pelos genótipos 18, 23, 16 e 24 e os grupos III, IV, V e VI foram formados por um genótipo cada (12, 03, 10 e 22), este resultado revela que esses genótipos possuem uma alta dissimilaridade com relação aos demais, sendo os mais promissores para utilização em programas de melhoramento devido os mesmos serem fenotipicamente divergentes aos demais genótipos. O coeficiente de correlação cofenético foi de 0,78, sendo este valor considerado aceitável, demonstrando que o método de agrupamento está de acordo com as distâncias originais, não havendo com isso grandes distorções nos resultados. A partir do agrupamento pelo método de Tocher, foi verificado a formação de sete grupos, resultado diferente do apresentado pelo método UPGMA, O primeiro grupo formado pelo método de Tocher, foi formado por 23 genótipos, semelhante ao método UPGMA, entretanto, os genótipos 18, 23 e 24, alocados no grupo I, no método UPGMA foram alocados no grupo II, o grupo II, foi formado por dois genótipos (07 e 30), esses genótipos pelo método UPGMA, foram alocados no grupo I, Os grupos III, IV, V, VI e VII, foram formados por apenas um genótipo cada, resultado semelhante ao encontrado pela formação do método UPGMA, com exceção do genótipo 16, que se encontrava no grupo II pelo método UPGMA.

Apoio: FAPEMAT

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UNEMAT/Cáceres - MT, bolsista FAPEMAT, antoniokimelo@hotmail.com

² Estudante de graduação, UNEMAT/Cáceres-MT

³ Estudante de graduação, UNEMAT/Cáceres-MT

⁴ Estudante de graduação, UNEMAT/Cáceres-MT

⁵ Professora Associado do Departamento de Agronomia, UNEMAT/Cáceres-MT

⁶ Professora Associado do Departamento de Agronomia, UNEMAT/Cáceres-MT

Utilização de microscopia eletrônica de varredura e análise estereoscópica na validação de linhagens de milho -pipoca contrastantes para à resistência ao alumínio

Aloísio Fernando Silva Ribeiro¹; Cleiton de Paula da Silva²; Leonardo Alves Risso³; Henrique Morais de Oliveira⁴; Arthur Martins Almeida Bernardeli⁵; José Marcelo Soriano Viana⁶

O efeito tóxico do alumínio é um dos principais fatores limitantes para a produção agrícola em solos ácidos de todo o mundo, especialmente nos países em desenvolvimento da América do Sul, Ásia Central e Sudeste Asiático, podendo causar aproximadamente oitenta por cento de redução no rendimento das culturas. Neste trabalho foi utilizado a microscopia eletrônica de varredura e análise estereoscópica para a validação de linhagens de milho pipoca contrastantes para à resistência ao alumínio. O experimento avaliou duas linhagens anteriormente identificadas como contrastantes, a 11-60 e a 11-133 e um híbrido comercial de milho denominado 2B710PW da Dow AgroSciences, caracterizado e comercializado como resistente ao alumínio. O experimento foi conduzido no delineamento experimental inteiramente casualizado com cinco repetições, sendo a unidade experimental constituída por 16 plântulas. Foi adotado um procedimento padrão para mensuração de resistência ao alumínio: um experimento realizado completamente em solução de alumínio (+Al) e o mesmo experimento, porém sem adição alumínio (-Al). Depois de sete dias nos respectivos tratamentos, 0,5 centímetros ápice da raiz de duas plântulas foram selecionadas aleatoriamente removidas e armazenadas em glutaraldeído 2,5%, para microscopia eletrônica de varredura. Para a análise estereoscópica duas plântulas foram selecionadas aleatoriamente e 1 cm do ápice de raiz foram removidos e armazenados em glutaraldeído 2,5%. Depois disso, as amostras de raízes foram agitadas suavemente em 100 ml de água destilada durante 20 minutos. Em seguida, a água foi substituída por 100 ml de solução aquosa hematoxilina e foi deixada sob agitação lenta durante 30 minutos. As plantas resistentes (11-133) e o 2B710PW apresentaram menor teor de alumínio e sem coloração azul nos ápices radiculares em comparação com as plantas sensíveis(11-60). Hematoxilina se liga com o alumínio nas membranas celulares e mostra intensa coloração azul. É por isso que as raízes sensíveis que acumulam mais alumínio nos ápices ficam azul escuro quando corados com hematoxilina. O acúmulo de Al nas raízes também pode causar lesão físicas às mesmas. Os resultados de microscopia eletrônica de varredura mostraram desorganização celular intensa, lesões, êxtases mais profundos e separação do rizoderma e córtex de camadas internas da raiz das populações mais vulneráveis, que não foi observado nas populações resistentes e no 2B710PW. Sendo assim a microscopia eletrônica de varredura e a estereoscopia são métodos eficientes na validação dos contrastes entre os materiais quanto à tolerância a alumínio.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, bolsista CNPq

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa-MG

⁴ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁵ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

⁶ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa – MG

Validação de linhagens tropicais contrastantes para resistência a alumínio com base no crescimento relativo de raiz e teor de alumínio na raiz

Cleiton Paula da Silva¹; Aloísio Fernando Silva Ribeiro²; Leonardo Alves Risso³; Vinícius Costa Almeida⁴; José Marcelo Soriano Viana⁵; Arthur Martins Almeida Bernardeli⁶

A toxicidade do alumínio é um dos principais fatores limitantes para a produção agrícola em solos ácidos e limita a produção agrícola em todo o mundo, especialmente nos países em desenvolvimento da América do Sul, Ásia Central e Sudeste Asiático. Aproximadamente 20% de todo o milho do mundo é plantado em solos ácidos. Assim, esse trabalho objetivou validar linhagens contrastantes de milho-pipoca, previamente selecionadas em relação a resistência ao alumínio. Para tal, foram avaliadas duas linhagens tropicais contrastantes para resistência ao alumínio, ambas derivadas das populações Viçosa e Beija-flor do Programa Milho Pipoca®/UFV, sendo uma resistente (11-133) e uma sensível (11-60), também foi incluído no experimento um híbrido de milho, 2B710PW da empresa Dow AgroSciences, o qual é comercializado como resistente a alumínio. O experimento foi conduzido sob delineamento inteiramente casualizado, com 5 repetições e 16 plântulas em cada unidade experimental, em sistema hidropônico. Após 24 horas na solução nutritiva, o crescimento inicial da raiz (CIR) foi medido utilizando o software 2009a WinRhizo Pro. Subsequentemente, metade das plântulas de cada linhagem foram transferidas novamente para a solução nutritiva sem alumínio e metade para a solução nutritiva contendo 540 μM AlCl_3 (160 μM Al^{3+}). Após 7 dias, essas plântulas foram retiradas das soluções e suas raízes foram escaneadas com auxílio do scanner EPSON LA2400 para se obter o crescimento final de raiz (CFR). Já o crescimento líquido de raiz (CLR), foi dado por: $\text{CLR} = \text{CFR} - \text{CIR}$. Por fim o crescimento relativo foi obtido pela razão $\text{CRR} = \text{CLR}(\text{com Al}) / \text{CLR}(\text{sem Al})$. Foram também removidos, secos e moídos 1 cm do ápice radicular de 8 plântulas selecionadas ao acaso, para determinação do teor de Al na ponta da raiz das plântulas com e sem Al. A análise de variância para CRR e teor de alumínio mostraram diferenças altamente significativas entre as linhagens. A 11-133 apresentou as maiores médias para CRR e menores médias para teor de alumínio no ápice radicular. De maneira oposta, a linhagem 11-60 exibiu as menores médias para CRR e 1,6 a 1,8 vezes mais do teor de alumínio em comparação com a 11-133 e 2B710PW. Apesar de não ter sido estatisticamente significativo a 11-133 apresentou 11% menos Al que o 2B710PW, o que enfatiza a resistência dessa linhagem. O coeficiente de variação para CRR foi de 14,5 a 24,8, enquanto que para teor de alumínio foi 12,8, indicando boa precisão experimental para ambos os testes. Mediante tais resultados, sugerimos a 11-133 como linhagem de milho-pipoca resistente a alumínio. Podendo, assim, ser utilizada no desenvolvimento de híbridos de milho-pipoca resistente ao efeito tóxico do alumínio, viabilizando a expansão desta cultura nos solos ácidos do cerrado brasileiro.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq, cleiton.paula@ufv.br;

² Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG,

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG,

⁴ Estudante de doutorado, UFV/Viçosa - MG,

⁵ Professor Associado do Departamento de Biologia Geral, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq,

⁶ Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG.

Variabilidade entre isolados de *Colletotrichum* spp. coletados de *Capsicum* spp. via marcadores ISSR

Ingrid Gaspar da Costa Geronimo¹, Paola Alvares Bianchi², Jefferson Wesley da Silva Correa², Maria do Socorro Bezerra Araújo¹, João Gabriel Tardin de Moraes³, Rosana Rodrigues⁴

A antracnose é uma doença fúngica pós-colheita causada por um complexo de espécies pertencentes ao gênero *Colletotrichum*. Estes fungos possuem diversos hospedeiros, dentre eles as plantas do gênero *Capsicum*. A variabilidade existente intraespecífica, é um aspecto que dificulta a obtenção de cultivares resistentes, uma vez que essa variabilidade é uma das responsáveis pela quebra da resistência do hospedeiro. Sendo assim, este estudo objetivou caracterizar a variabilidade genética existente entre 31 isolados de *Colletotrichum* coletados nos estados do Rio de Janeiro, Espírito Santo e São Paulo. Para isso foram cultivados micélios de cada isolado em meio de cultura Batata-Dextrose líquido para a extração do DNA genômico com auxílio do Wizard[®] Genomic DNA Purification Kit. Utilizou-se 21 iniciadores ISSR para as reações de PCR e a posterior avaliação do padrão de bandas geradas em gel de agarose 2%. Utilizou-se o coeficiente de Jaccard para calcular a matriz de distâncias e o dendrograma foi obtido a partir do método de agrupamento UPGMA. Dessa forma pode-se observar 243 bandas que puderam ser avaliadas, variando entre 5 a 18 bandas por iniciador, sendo o iniciador 20 o que gerou menor número de bandas e o iniciador 12 o que gerou maior número de bandas, com média de 11 bandas polimórficas por iniciador. O agrupamento revelou cinco grupos a partir de um corte a 0,79, sendo o grupo IV o maior, com 74% dos isolados estudados e assim, este foi subdivido em sete subgrupos (IVa – IVg) suportado por um coeficiente cofenético de 0,94. Os grupos I, II e III foram compostos por um único isolado cada. No grupo IV, os subgrupos IVa, IVb, IVc e IVd foram formados por apenas um isolado cada subgrupo. Os subgrupos IVe e IVf puderam ser diferenciados basicamente pela sua localidade de coleta ou origem e o IVg foi um subgrupo com características mistas. O grupo V possui características da colônia semelhantes, como a coloração, além de todas terem o local de origem o estado do RJ. A partir deste agrupamento podemos observar que não há redundância e há variabilidade genética entre os isolados estudados, indicando a possibilidade de utilização em programas de melhoramento visando resistência a antracnose e a necessidade de manutenção de todos os isolados na coleção para futuras avaliações.

Apoio: FAPERJ

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UENF/Campos dos Goytacazes - RJ, bolsista FAPERJ, igcgeronimo@gmail.com

² Mestrando do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, UENF/Campos dos Goytacazes - RJ

³ Estudante de graduação em agronomia, UENF/Campos dos Goytacazes - RJ

⁴ Professora Associada do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, UENF/Campos dos Goytacazes - RJ

Variabilidade genética e ganho de seleção em progênes de crambe (*Crambe abyssinica*) provenientes do cultivar FMS Brillhante

Samyra Alves Condé¹; João Nepomuceno Condé²; Rodrigo Dal Sasso Lourenço³; Carla Cristina Gomes Lourenço⁴; Andreia Cristina de Carvalho⁵; Thaís Roseli Corrêa⁶

O crambe (*Crambe abyssinica*) é uma oleaginosa pertencente à família das crucíferas, originária da região do mediterrâneo. Seus frutos contêm um óleo não-comestível usado em produtos industriais, principalmente para produção de biocombustíveis. O considerável teor de óleo nas sementes (27% a 33%), rusticidade, cultivo mecânico, cultura de inverno e a possibilidade de rotação com soja, milho e trigo tornam seu cultivo mais atrativo em terras brasileiras. A ausência de materiais genéticos mais produtivos e adaptados às condições climáticas dificultam sua inserção em programas de melhoramento de plantas. Objetivou-se estimar a variabilidade genética e selecionar progênes superiores adaptadas a diferentes regiões do Brasil, com base no rendimento de grãos, em uma população do cultivar FMS Brillhante. O experimento foi conduzido em quatro áreas experimentais do Instituto Federal Sudeste MG, em um espaçamento 10x18cm, profundidade de 3 cm, plantio em abril/maio e avaliado por três anos consecutivos (2013/2015). Foram selecionadas 102 progênes do cultivar FMS Brillhante para avaliação de massa de grãos, número de ramos por planta, inflorescência, produtividade e teor de óleo na semente. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Os dados obtidos foram submetidos à análise da variância (ANOVA), com o auxílio do programa SAS. Os resultados demonstram que houve diferença significativa para todas as características avaliadas em todas as áreas experimentais, exceto produtividade. A seleção com base na análise individual de cada experimento resultou em aumento no rendimento de grãos de 113,4 para 389,6 kg ha⁻¹. Esse incremento de produção de grãos de crambe é fundamental para a disseminação de lavouras comerciais para o abastecimento do setor de biocombustíveis. A variabilidade genética entre progênes e o ganho genético para a seleção com base no rendimento de grãos demonstram a eficiência da seleção de plantas individuais de crambe pelo método de teste de progênie.

Apoio: IFET Sudeste MG e Fapemig
Área de concentração: Melhoramento de plantas

¹ Estudante Não-Vinculado de Pós Graduação, UFV/Viçosa-MG, samyraconde@yahoo.com.br

² Técnico Agropecuária, Ifet Sudeste MG, Rio Pomba-MG

³ Estudante de Mestrado, UFV/Viçosa-MG

⁴ Estudante Não-Vinculado de Pós Graduação, UFV/Viçosa-MG

⁵ Estudante de Graduação, UFV/Viçosa - MG

⁶ Pós-doutoranda, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

Variabilidade genética entre linhagens de milho avaliadas em condições de baixo nitrogênio

Andreia Schuster¹; Livia Gomes Torres¹; Heluar Helena Lopes do Nascimento²; Lorena Moreira Lara²; Ramon Ribeiro Badaró²; Rodrigo Oliveira DeLima³;

Estudos recentes reforçam a importância da caracterização de genótipos para morfologia de raiz especialmente em condições de estresses abióticos como baixo nitrogênio (N) e fósforo, e seca. Além de ser o suporte das plantas, as raízes são responsáveis pela absorção de água e nutrientes. O N é o nutriente requerido em maiores quantidades pela cultura do milho e ele é também o mais extraído e exportado aos grãos. Sistemas radiculares mais vigorosos e bem distribuídos podem aumentar a eficiência de absorção de N e, conseqüentemente, eficiência de uso de N. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar um painel de 150 linhagens de milho para morfologia de raiz em condição de baixa disponibilidade de N. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento de blocos casualizados no tempo. Cada unidade experimental foi constituída de um vaso de 9dm³ preenchidos com substrato areia e vermiculita (3:1) e uma planta por vaso. Os macro e micronutrientes foram fornecidos às plantas por solução nutritiva aplicada a cada três dias, a partir do décimo dia após a semeadura. A colheita e avaliação das plantas foram feitas no estágio de cinco folhas completamente expandidas (V5). As raízes foram escaneadas e analisadas pelo software WinRHIZO e, posteriormente, colocadas para secar a 70°C por 72 horas. Foram avaliados os seguintes caracteres: massa de raízes seca (MRS, mg), comprimento total de raízes (CTR, cm), diâmetro médio de raízes (DMR, mm), área superficial de raízes (ASR, cm²) e volume total de raízes (VTR, cm³). Após a coleta dos dados, esses foram submetidos a análise de variância e todos os efeitos foram considerados aleatórios. Todos os caracteres avaliados foram significativos ($P < 0,01$), que indica que há muita variabilidade genética para caracteres de raiz neste painel de linhagens de milho, e potencial para identificação de linhagens promissoras em condições de estresse nutricional de N. Posteriormente realizou-se teste de comparação de médias Tukey a 5% de significância. O coeficiente de variação do experimento e a estimativa de herdabilidade variaram de variou de 9,16% a 28,59%, e 0,58 a 0,75, respectivamente. Para MRS, a média geral foi de 483 mg, e a média das linhagens superiores foi 772mg. Para CTR a média geral foi de 3085cm e 4025cm para as superiores. A média de DMR foi 0,53 mm e 0,57 mg para as linhagens superiores. Para ASR, a média geral foi de 514 cm² e 712 cm² para as superiores. Em relação ao VTR, a média foi 3,31cm³ e 10,24cm³ para as linhagens superiores. As linhagens que se destacaram em todos os caracteres foram VML009, VML017, VML028, VML030, VML038, VML039, VML066, VML087, VML092, VML095, VML106, VML112, VML113 e VML121. Conclui-se que há muita variabilidade genética para ser explorada com a seleção nesse painel de linhagens em baixo N, e há linhagens promissoras para morfologia de raiz que podem ser utilizadas para obtenção de híbridos de milho com sistemas radiculares mais eficientes absorção de N do solo.

Apoio: CNPq e Fapemig

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de mestrado, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq - e-mail: schusteragronomia@gmail.com

²Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG, Bolsista CNPq

³Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Variabilidade genotípica entre híbridos comerciais de milho para arquitetura de plantas em condições contrastantes de nitrogênio

Leandro Tonello Zuffo¹; Heluar Helena Lopes do Nascimento²; Diego Gonçalves Caixeta²; Rafael Silva Ramos Dos Anjos¹; Luiz Silva Luz²; Rodrigo Oliveira de Lima³;

O milho é uma das principais culturas agrícolas do mundo. Dos 15,8 milhões de hectares plantados com milho no Brasil, estima-se que 98% dessa área sejam cultivados com híbridos. O nitrogênio (N) é o nutriente consumido em maior quantidade pela planta de milho. Os cultivares de milho respondem diferentemente a fertilização nitrogenada e, com isso, a identificação de material adaptados a condições de baixo N é de grande importância, tanto sob aspecto econômico quanto por razões ambientais. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar o desempenho e estimar as correlações fenotípicas entre caracteres de arquitetura de planta em híbridos comerciais de milho avaliados em níveis contrastantes de N. Para realização desse trabalho, foram avaliados 87 híbridos comerciais de milho disponibilizados no mercado de sementes por diferentes empresas. Eles foram avaliados em dois experimentos, um em nível ótimo de N (+N) e outro sem adubação de N (-N), na estação Experimental Experimental de Coimbra, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, na safra 2015/16. Os experimentos foram realizados em delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m. No experimento +N foi feita adubação de cobertura com ureia, dividida em duas aplicações de 200 kg ha⁻¹ de ureia: a primeira foi feita no estágio V4 e a segunda V7. Foram avaliados os seguintes caracteres: área foliar, altura de planta, altura de espiga, diâmetro de colmo, número de nós, teor de clorofila, massa de 1000 grãos, produção por planta, conteúdo de N na planta no florescimento e na colheita. Na análise de variância individual, por nível de N, houve diferença significativa a 5% para todos os caracteres, exceto para produção por planta no ambiente -N. Não houve interação GxA, mas foi verificada diferença significativa entre os níveis de N. Houve correlação forte apenas entre altura de planta e espiga, nos dois ambientes. As demais estimativas de correlações entre caracteres foram de fracas a moderadas. Conclui-se que há variabilidade genotípica entre os híbridos de milho para arquitetura de planta, e pode fazer a seleção dos melhores híbridos pela média dos ambientes e, as correlações entre caracteres de arquitetura de plantas são fracas em ambos os caracteres.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG e FUNARBE.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹Estudante de doutorado, UFV/Viçosa – MG, Bolsista CAPES - e-mail: leandrozuffo@hotmail.com

²Estudante de graduação, UFV/Viçosa - MG

³Professor Adjunto do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG. E-mail: rodrigoodelima@ufv.br

Variabilidade morfoagronômica em acessos de (*Cucurbita moschata* Duch.) do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV

Ronaldo Silva Gomes¹; Ronaldo Machado Junior²; Felipe Oliveira Dias³; Zuleima Rubit Chacon Altunar⁴; Cleverson Freias de Almeida⁵; Derly José Henriques da Silva⁶

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) tem uma grande importância socioeconômica, em especial na alimentação humana. Aliado a isto, esta espécie apresenta uma ampla diversidade genética no Brasil. Criado com o intuito de promover o manejo adequado do germoplasma de hortaliças, o Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), tem identificado no germoplasma de *C. moschata* genótipos promissores para a inserção nos programas de melhoramento dessa cultura. Contudo parte significativa destes acessos ainda não foram caracterizados. Neste sentido, este trabalho teve como objetivo avaliar morfoagronomicamente acessos de *C. moschata* do BGH-UFV com vistas à estimativa da variabilidade morfoagronômica. O experimento foi conduzido em unidade experimental do Departamento de Fitotecnia, “Horta Velha”, da UFV, no período de janeiro a abril de 2016. Foram avaliados 51 acessos de *C. moschata* desse Banco e três genótipos como testemunhas; o híbrido comercial Tetsukabuto e as cultivares Jacarezinho e Maranhão. O delineamento adotado foi o de blocos aumentados de Federer, com três repetições para as testemunhas. Os genótipos foram avaliados quanto aos descritores morfológicos (multicategóricos, 6) e morfológicos-produtivos (quantitativos, 8). Os primeiros descritores compreenderam a intensidade do verde da folha (IVF); prateamento, serrilhamento e reentrância da folha (PF), (SF), (RF), respectivamente; Cor da haste (CH) e hábito de crescimento (HC). Os descritores morfológicos-produtivos compreenderam o número de ramos (NR); o comprimento da rama principal aos 21, 28 e 35 dias após o transplântio (CR21), (CR28) e (CR35), respectivamente; prolificidade (P); o número de frutos comerciais por planta (NFCP); o peso total de frutos comerciais por planta (PTFCP), e o peso médio de frutos (PMF). A análise de variabilidade entre os genótipos foi realizada a partir da matriz de dissimilaridade obtida por meio da integração de dados quantitativos e multicategóricos. Para integração desses dados, codificou-se os de natureza quantitativa em multicategóricos segundo metodologia da DEA de Martins et al (2011). Obtida a matriz de dissimilaridade, procedeu-se com a análise de diversidade pelo método de agrupamento de Tocher, conforme Cruz e Carneiro (2006). Os genótipos agruparam-se em 12 grupos diferentes, evidenciando a variabilidade morfoagronômica do germoplasma. O grupo 2 agrupou o maior número de genótipos (15). Os grupos 11 e 12 foram os menores, agrupando cada um, um único acesso (BGH-6117) e (BGH-4610A), respectivamente. Infere-se que estes acessos apresentam elevada divergência genética. As maiores distâncias inter grupos foram observadas entre os grupos 3 e 10 (0,70) e 7 e 11 (0,67), destacando a maior divergência entre esses grupos. Conclui-se que o germoplasma de *C. moschata* do BGH-UFV apresenta uma ampla diversidade morfoagronômica, constituindo-se em um recurso de grande importância aos programas de melhoramento dessa cultura.

Apoio: Capes, Fapemig e CNPq

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, bolsista Capes, ronaldo.s.gomes@ufv.br

² Mestrando do curso de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista FAPEMIG

³ Estudante de graduação, UFV/Viçosa – MG

⁴ Estudante de graduação em mobilidade acadêmica, UFV/Viçosa-MG

⁵ Mestrando do curso de Genética e Melhoramento, UFV/Viçosa - MG, Bolsista Capes

⁶ Professor Titular do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa - MG, bolsista PQ/CNPq

Viabilidade de grãos de pólen em espécies de tomateiro

Ricardo Antônio Zeist¹; André Ricardo Zeist²; André Gabriel²; Julio José Nonato²; Juliano Tadeu Vilela de Resende³; Marcos Ventura Faria³

Para garantir o sucesso dos cruzamentos intra e interespecíficos em programas de melhoramento genético é necessário conhecer a biologia reprodutiva e as condições necessárias para maximizar as taxas de pegamento dos cruzamentos. Considerando as informações supracitadas, o objetivo com este trabalho foi avaliar viabilidade de grãos de pólen em espécies de tomateiro. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, localizado no município de Guarapuava – PR. Para realização dos cruzamentos intra e interespecíficos foram utilizados nove genótipos, sendo sete silvestres: *Solanum pimpinellifolium* acesso “AF 26970”; *Solanum galapagense* acesso “LA-1401”; *Solanum peruvianum* acesso “AF 19684”; *Solanum chilense* acesso “LA-1967”; *Solanum habrochaites* Var. *Hirsutum* acesso “PI-127826”; *Solanum habrochaites* Var. *Glabratum* acesso “PI-134417”; e *Solanum pennellii* acesso “LA-716”, e duas linhagens *Solanum lycopersicum*: Redenção; e M8. Na data de 11 de fevereiro de 2016, foram transplantadas em casa-de-vegetação, mudas dos nove genótipos e conduzidos em delineamento experimental inteiramente casualizado, com cinco repetições, constituída cada parcela de uma planta. Para coleta dos grãos de pólen foram utilizadas flores localizadas do 2º ao 7º cacho. Estes foram extraídos das flores com auxílio de pinça e imediatamente dispostos em lâmina e submetidos a teste histoquímico, com três gotas da solução 0,5% do corante cloreto de 2,3,5-trifenil tetrazólio (TCC) sem sacarose. Para preparo da solução TCC 1% foi diluído 0,5 g do corante em 100 mL de H₂O destilada. A solução TCC envolve uma reação enzimática, em que os sais do cloreto de 2,3,5-trifeniltetrazólio constata a viabilidade polínica por meio das enzimas ativas que proporcionam mudanças na cor dos grãos de pólen para vermelho quando da presença de atividade oxidativa, indicando que nas células vivas está ocorrendo atividade enzimática. Para cada repetição, em microscópio com aumento de 10x foram avaliados 1.000 grãos de pólen. Na contagem, foram considerados como viáveis, os grãos que coraram para vermelho, e como não viáveis aquelas sem coloração ou com pouca coloração. O índice de viabilidade dos grãos de pólen (IVP) foi determinado por meio da porcentagem dos grãos de pólen viáveis em relação aos não viáveis. Os dados referentes ao IVP foram submetidos à análise estatística e analisados por meio do programa estatístico ASSISTAT versão 7.7. De modo geral, a viabilidade de pólen apresentou grande variação entre os genótipos, demonstrando assim, a existência de uma diversidade de comportamentos reprodutivos entre os tomateiros avaliados no presente trabalho. Foi verificado que *S. peruvianum* e as linhagens Redenção e M8, foram os que apresentaram melhores resultados, com IVP de 81,9; 90,4; e 89,0%, respectivamente. Ao contrário, *S. chilense* apresentou o menor IVP, de 2,0%.

Área de concentração: Melhoramento de plantas.

¹ Acadêmico de Graduação IDEAU/Getúlio Vargas-RS, ricardo-zeist@bol.com.br

² Acadêmico de doutorado Unicentro/Guarapuava- PR, Bolsista CAPES

³ Docente do Departamento de Agronomia, Unicentro/Guarapuava- PR.