

ente modificado de Rogers e nos clusters gerados pelo uso do método de agrupamento UPGMA. Os experimentos utilizando os marcadores microsatélites revelaram que a maioria deles apresenta mais de 5 alelos por loco. Foi observada significativa distância genética entre as linhagens em estudo e o dendrograma construído a partir dos dados de divergência pôde separar as linhagens em diferentes grupos. O presente estudo comprova a eficácia do uso de ferramentas moleculares na obtenção de informações sobre diversidade. Com base em valores de divergência genética, provenientes de dados de marcadores microsatélites, é possível avaliar diversos genótipos e prever os melhores cruzamentos, reduzindo significativamente esforços e custos de programas de melhoramento genético. Auxílio financeiro: FAPESP, FAEP.

MGV157 - COMPARAÇÕES ENTRE MARCADORES RFLP, RAPD, AFLP E SSR (MICROSATÉLITES) PARA A PREDIÇÃO DAS PERFORMANCES DE HÍBRIDOS SIMPES DE MILHO. BARBOSA, A.M.M.; GERALDI, I.O.; SOUZA, Jr C.L.; GARCIA, A.A.F.; LANZA, L.L.B.; SOUZA, A.P.; ESALQ/USP e CBMEG/UNICAMP. E-mail: marlenemb@hotmail.com

Nesse estudo foram utilizados os marcadores RFLP, RAPD, AFLP, e SSR (microsatélites) para avaliar a diversidade genética entre 18 linhagens S3 de milho, pertencentes às populações (grupos heteróticos) BR-105 (linhagens L1 a L8) e BR-106 (linhagens L9 a L10) e correlacioná-las com as performances de híbridos simples de milho. As distâncias genéticas, calculadas com os quatro marcadores, foram semelhantes entre linhagens pertencentes ao mesmo grupo e a diferentes grupos heteróticos. Com exceção do RAPD as menores distâncias foram obtidas entre as linhagens irmãs L11 e L12, seguidas das linhagens L17 e L18. Nas análises dos dendrogramas, agrupamentos semelhantes foram obtidos com AFLP e RFLP, porém com variação a nível de subgrupo. Um subgrupo formado pelas linhagens L11, L12, L14, L17 e L18 se manteve constante para todos os marcadores, com exceção do RAPD. As correlações entre as distâncias obtidas com os diferentes marcadores foram maiores entre AFLP e RFLP (0,87**), seguidas de AFLP e SSR (0,78**), enquanto que as menores correlações foram obtidas entre RAPD e os demais marcadores. Com todos os marcadores as correlações entre distâncias genéticas e performances de híbridos simples foram significativas para produção de grãos e heterose, quando se consideram todas as 148 combinações híbridas (AFLP: $r = 0,71^{**}$ e $0,67^{**}$; SSR: $r = 0,57^{**}$ e $0,48^{**}$; RFLP: $r = 0,60^{**}$ e $0,56^{**}$; RAPD: $r = 0,47^{**}$ e $0,32^{**}$; respectivamente) e os 40 híbridos intrapopulacionais pertencentes à BR-106 (AFLP: $r = 0,90^{**}$ e $0,87^{**}$; SSR: $r = 0,82^{**}$ e $0,78^{**}$; RFLP: $r = 0,82^{**}$ e $0,78^{**}$; RAPD: $r = 0,56^{**}$ e $0,46^{**}$; respectivamente). Com os híbridos interpopulacionais ou interpopulacionais da população BR-105 as correlações foram de pequeno valor e não significativas. Com exceção do RAPD, as correlações entre

distâncias genéticas entre os grupos obtidos nos dendrogramas foram também pequenas e de baixo preditivo, para todos os caracteres. Conclui-se portanto, que os marcadores que agruparam as linhagens de forma mais semelhantes aos heteróticos foram AFLP e RFLP, porém as correlações obtidas entre distâncias desses marcadores e todos os caracteres foram de pequeno valor e não significativas. Órgão financiador: FAPESP e CNPq.

MGV158 - VARIAÇÃO NA QUALIDADE DA BIOMASSA EM ECÓTIPOS DE ESPÉCIES DE PASPALUM (POACEAE) GRUPO PLICATULA. BATISTA, L.A.R.; Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste – Bolsista CNPq, E-mail: ibatista@cppse.embrapa.br; NETO, R.A.; Pós Doutorando – Bolsista da FAPESP, proc. 99/02421-4, E-mail: amadeu@cppse.embrapa.br e GODOY, R.; Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste – Bolsista do CNPq, E-mail: godoy@cppse.embrapa.br, Trabalho desenvolvido na Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP.

As espécies tropicais, pertencentes à família das Poaceae, de modo geral, apresentam elevada capacidade de produção de biomassa, por serem, na sua grande maioria, fotossinteticamente mais ativas, pois a fixação do carbono fotossintético é feita pelo ciclo de C₄. Dentro da tribo Paniceae, o gênero Paspalum é o que apresenta maior importância econômica. A constatação paulatina da importância desse componente das pastagens naturais do Brasil vem resultando em crescente interesse, devido às possibilidades de utilização em cultivo ou aproveitamento para pastejo das espécies nativas de Paspalum. Praticamente não se consegue identificar uma formação vegetal brasileira em que não haja uma espécie de Paspalum fazendo parte de seus componentes. Em muitas dessas formações vegetais, as espécies de Paspalum são dominantes e responsáveis pela produção da maior parcela da biomassa disponível. Contudo, a qualidade nutricional é baixa, quando comparada com a das gramíneas de origem temperada, devido aos baixos níveis de digestibilidade "in vitro" (DIV) e de proteína bruta da matéria seca (PB) e elevados índices de fibra em detergente neutro da matéria seca (FDN). O objetivo deste estudo foi caracterizar a variabilidade entre e dentro de espécies do grupo botânico Plicatula do gênero Paspalum, por meio das estimativas da variação fenotípica nas características qualitativas da biomassa, visando à seleção de espécies e acessos dentro de espécies para uso no melhoramento genético de plantas forrageiras com melhor qualidade nutricional. O experimento foi conduzido em delineamento estatístico de blocos ao acaso com duas repetições. A variação medida pelos quadrados médios das análises de variância entre espécies foi altamente significativa ($9P < 0,0001$) para as características avaliadas e os valores dos quadrados médios foram de 387 para DIV, 4,5 para PB e de 101 Para FDN. A variabilidade, resultante do desdobramento dos graus de liberdade de espécies, apresentada pelos ecótipos de cada espécie para a

característica DIV foi significativa ($P < 0,05$) nas seguintes espécies: *P. compressifolium* (28,05), *P. guenoarum* (106,90), *P. licatulum* (57,90) e *P. yaguaronense* (14,80). Na característica PB, os ecótipos que apresentaram variação pertenciam às espécies: *P. guenoarum* (1,22), *P. nicorae* (6,81) e *P. plicatulum* (1,45). Para a característica FDN, as espécies com ecótipos variáveis foram: *P. compressifolium* (14,25), *P. guenoarum* (27,87), *P. nicorae* (11,50), *P. plicatulum* (21,00) e *P. yaguaronense* (23,39). A média geral das características DIV (53,74%), PB (7,62%) e FDN (76,48%) obtidas nas espécies avaliadas demonstraram a baixa qualidade da biomassa. Porém estas apresentaram variação significativas indicando ser possível a obtenção de cultivares com melhores padrões qualitativos da sua biomassa pelo melhoramento genético. Fonte Financiadora: Embrapa e CNPq

MGV159 - RESISTÊNCIA DA CULTIVAR FT-2 À MANCHA PARDAS (SEPTORIA GLYCINES) AVALIADAS EM GERAÇÕES F₁, F₂, F₃ EM SOJA. JUNG, R.¹; TOLEDO, J. F. F. de²; ARIAS, C. A. A.²; YORINORI, J. T.¹ - Aluna do Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento - UEL - EMBRAPA - IAPAR. 2 - Embrapa - Soja, CP. 231 - 86001-970, Londrina - PR. E-mail: jung@cnpso.embrapa.br

A mancha parda é uma doença de final de ciclo da soja (*Glycine max*, (L.) Merrill), que ocorre em todas as regiões agrícolas do Brasil. Sob condições favoráveis, as doenças foliares de final de ciclo, podem reduzir o rendimento em mais de 20%, sendo responsável pela ocorrência de baixas produtividades no País. O desenvolvimento de cultivares resistentes é a forma mais eficaz e econômica de controle de doenças. Pouco se conhece sobre o mecanismo genético da resistência da soja à mancha parda. Para determinar a magnitude do componente genético da variação fenotípica total e alguns aspectos metodológicos para a avaliação da mancha parda, foram conduzidos dois experimentos em casa-de-vegetação, sob um delineamento inteiramente casualizado: o primeiro, em novembro de 1999, incluiu 116 plantas da geração F₂ e o segundo, em março de 2000, incluiu 116 famílias F_{2,3} com cinco plantas avaliadas por família, derivadas do cruzamento entre as cultivares FT-2 e Davis. As avaliações foram feitas no início do aparecimento dos sintomas da doença utilizando uma escala de notas de zero a dez para o nível de infecção na folha. No primeiro experimento, foi feita uma avaliação 20 dias após a inoculação e no segundo experimento, foram feitas três avaliações, aos 12, 19 e 26 dias após a inoculação. Foi calculada a correlação entre os valores fenotípicos de plantas F₂ com as respectivas médias de famílias F₃ e, também, entre as médias de famílias F₃ das diferentes avaliações. As correlações entre as plantas da geração F₂ com as respectivas médias de famílias F₃ foram baixas, com valores inferiores a 10%, indicando uma baixa herdabilidade para o caráter. As correlações entre as médias das três avaliações realizadas em F₃ foram altas, indicando que não

houve variação quanto à classificação das famílias nas diferentes avaliações. A distribuição de frequências para o nível de infecção médio das famílias F₃ aproximou-se da distribuição normal, indicando tratar-se de um caráter quantitativo. As evidências de baixa herdabilidade, obtidas como decorrência do elevado efeito ambiental na determinação do caráter, sugerem que as avaliações sejam realizadas sempre com o uso de progênies ao invés de plantas individuais e com um número representativo de indivíduos por progênies.

MGV160 - INFLUENCE OF THE SOYBEAN KUNITZ TRYPSIN INHIBITOR ON THE OVIPOSITION, HATCHING AND MORTALITY OF THE COTTON BOLL WEEVIL (*ANTHONOMUS GRANDIS*). SANTOS, R.C.^{1,2}; FRANCO, O.L.^{1,2}; ALMEIDA, R.P.³; MONNERAT, R.G.¹ AND GROSSI DE SÁ, M.F.^{1,*} Embrapa/Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia. ²Depto. de Biologia Celular, Brasília/DF - Brasil. ³EMBRAPA-Algodão/Campina Grande/PB. fatimasa@cenargen.embrapa.br

The boll weevil, *Anthonomus grandis* (Boheman, 1843) is the major pest of cotton crop (*Gossypium hirsutum* L.). Adult insects feed and oviposit primarily in flower buds and oviposition often leads to abscission of affected buds. The control is generally done with chemical insecticides. However, several researchers have made efforts focusing on the search and evaluation of new insecticidal proteins suitable for boll weevil control. Plant proteinase inhibitors have shown great potential as tools to increase resistance to crop engineered plants against insect pest. Biochemical assays showed that serine proteinases are more abundant among boll weevil midgut proteinases. In this work, soybean Kunitz trypsin inhibitor (SKTI) was used to verify its influence in boll weevil oviposition time, hatching and mortality. Six newly emerged male and female adults were reared in the Lab of the Biological Control Unit of Embrapa and fed on artificial diet and fresh buds soaked in 5 µl distilled water (control) or 5 µl SKTI at 500 µM. Natural and artificial diets were changed every two days during 10 days. After this time adults were fed on untreated diet. The incorporation of SKTI to artificial diet did not show statistical difference in the average number of eggs in relation to control. However, when adults were fed with natural buds contained SKTI, the average number of laid eggs was reduced to 47%. SKTI also influenced in hatched larvae number, reducing in 60% and 18% in comparison with females fed with artificial and natural diets, respectively. In general, the hatched larvae percentage was too low in artificial diet treatments, varying between 2 to 5% in relation to total number of eggs produced against 31 to 46% in natural diet treatments. No difference was found in the oviposition time, ca. 55 days. Neonate larvae viability was also tested in artificial and natural diet contained distilled water or SKTI. The inhibitor reduced larvae viability in 67% and avoided bud abscission in 58% when eggs were artificially implanted