



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

Pré-melhoramento e Melhoramento



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ACESSOS DE MELOEIRO RESISTENTES À *Podosphaera xanthii*

Anânkia de Oliveira Ricarte¹; Adriano Ferreira Martins^{1*}; Francisco Leandro Costa Loureiro¹; Elaine Welk Lopes Pereira Nunes¹; Carla Caroline Alves Pereira¹; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi árido. *adrianomartinsfe@gmail.com

O Nordeste brasileiro é responsável por aproximadamente 95% da produção e exportação nacional de melão, sendo os estados do Ceará e do Rio Grande do Norte, líderes no quesito. Atrelado ao sucesso da cultura, o ataque de patógenos contribui para reduzir a produtividade nos campos de produção. Dentre as várias espécies fúngicas de patógenos que causam problemas no meloeiro, a que mais se destaca é a *Podosphaera xanthii*. O desenvolvimento do patógeno sobre a folha reduz a taxa fotossintética da planta, limitando a produção e a qualidade dos frutos de melão. O método mais indicado para controlar o patógeno é o uso de cultivares resistentes. Diante disso, objetivou-se no presente trabalho identificar acessos de meloeiro resistentes à *P. xanthii*. Foram coletadas folhas de meloeiro infectadas com o fungo de um campo de produção de melão localizado na região de Pau Branco, no Rio Grande do Norte. O isolado foi mantido e multiplicado *in vivo*, para posterior utilização. O experimento foi conduzido em casa-de-vegetação, na Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), na cidade de Mossoró-RN, no segundo semestre do ano de 2017. Foram avaliados 46 acessos de meloeiro que compõem a coleção ativa de germoplasma da UFERSA, o delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado com cinco repetições. A inoculação foi realizada aos 25 dias após a semeadura, na terceira folha verdadeira de cada uma das plantas, por meio do depósito de uma pequena quantidade de partes do fungo com o auxílio de um palito de dente. A avaliação ocorreu 12 dias após a inoculação, utilizando uma lupa (10X), observando-se o desenvolvimento das estruturas de reprodução do fungo. Foi empregada uma escala de notas que varia de 1 a 4, em que: Nota 1: sem colonização e reprodução do patógeno; Nota 2: pequeno crescimento de micélio e de conidióforos e cadeias curtas de conídios; Nota 3: crescimento de micélio, poucos conidióforos e cadeias longas de conídios; Nota 4: crescimento abundante de micélio, grande quantidade de conidióforos e cadeias longas de conídios. Os dados foram avaliados de acordo com o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis, com nível nominal de significância de 5% de probabilidade ($\alpha = 0,05$). A análise foi realizada utilizando o Software R Versão 3.4.2. Os acessos AC-02, AC-32 e AC-59 foram identificados como resistentes, podendo ser úteis como fontes de resistência em programas de melhoramento contra *P. xanthii*.

Palavras-chave: melhoramento; resistência; germoplasma.

Agradecimentos: CNPQ e UFERSA



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA EM GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DE FIBRA COLORIDA

Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso^{1*}; Larissa Mayara Abadia Alves¹; Thatiane de Sousa Paiva¹; Vádio Neves Belchior Júnior¹; Melissa Cristina de Carvalho Miranda¹; Larissa Barbosa de Sousa¹

¹Universidade Federal de Uberlândia/Uberlândia MG/Brasil

*danieludia13@hotmail.com

A cultura do algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) é uma das mais importantes para o Brasil, sobretudo para a região do cerrado. A fibra do algodão é a fibra natural mais utilizada no mundo e naturalmente pode produzir fibras coloridas que são ecologicamente mais sustentáveis, pois na indústria têxtil possibilita diminuir o uso de corantes químicos, que tem potencial poluidor no ambiente, além de diminuir o uso de água e energia. Com base no exposto, o objetivo deste trabalho foi verificar a presença de interação genótipos x ambientes (GxA) e determinar parâmetros de adaptabilidade e estabilidade fenotípica de 17 genótipos de algodão de fibra colorida. O experimento foi conduzido em área experimental localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S;48°20'W e 805m de altitude), no município de Uberlândia, Minas Gerais. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Foram utilizados 17 genótipos de algodoeiro de fibra colorida do Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG). Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados (DBC), com quatro repetições. A característica avaliada foi a produtividade de algodão em caroço e os dados foram avaliados pela análise de variância e a adaptabilidade e estabilidade pelo método AMMI, utilizando o programa genes. Pela análise de variância a interação GxA para produtividade foi significativa, evidenciando comportamento diferenciado dos genótipos frente as oscilações ambientais na expressão dessa característica. Com no método AMMI os genótipos UFUJP-02, UFUPJ-16, UFUJP-17 apresentaram alta adaptabilidade e estabilidade com melhor performance produtiva, sendo recomendados para cultivo na cidade de Uberlândia-MG.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum* L.; melhoramento de algodoeiro; algodão colorido.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Associação Mineira de Produtores de Algodão (AMIPA).



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

AMOSTRAGEM DE CASTANHA-DE-CAJU PARA SUPORTE A PESQUISAS EM RECURSOS GENÉTICOS

Adroaldo Guimarães Rossetti^{1*}; Francisco das Chagas Vidal Neto¹; Levi de Moura Barros¹

¹Embrapa Agroindústria Tropical. *adroaldo.rossetti@embrapa.br

O principal produto comercial do cajueiro é a amêndoa, cuja avaliação é essencial na seleção e caracterização de genótipos em programas de melhoramento e recursos genéticos. Rotineiramente, essas avaliações são feitas a partir de amostras representativas dos genótipos, que são processadas para determinar atributos de qualidade, como peso e rendimento de amêndoa, facilidade de despeliculagem, etc. Neste aspecto, o tamanho adequado da amostra é essencial para que os resultados sejam fidedignos. A amostragem, embora sujeita a certo grau de incerteza, pois somente parte da população é avaliada, é caminho seguro e confiável, desde que se fixe o tamanho do erro admitido ou nível de precisão desejado para o tamanho estimado da amostra. Consta na literatura que nesse tipo de avaliação são utilizadas amostras de 20 até mais de 100 castanhas, sem nenhuma informação sobre como chegaram a tais quantitativos. Considerando que o desejável é a obtenção de resultados confiáveis, com menores gastos de tempo, mão de obra e recursos financeiros, esta pesquisa teve por objetivo estimar o tamanho adequado de amostra de castanha-de-caju em função de níveis de precisão e de erros pré-estabelecidos nas estimativas, para identificar genótipos com amêndoas de qualidades desejáveis e dar suporte a outras pesquisas. Devido à grande variabilidade existente para essas características morfológicas neste tipo de trabalho, foram estabelecidos cinco estratos de tamanho de castanhas (T1 a T5), com base na separação feita em um classificador com malhas de 17 mm a 25 mm. Coletou-se aleatoriamente mais um estrato formado pela mistura de castanhas de todos os tamanhos (Tm). Os tamanhos de amostra dos seis estratos foram estimados por amostragem aleatória estratificada uniforme, admitindo-se níveis de erro nas estimativas e precisão nos resultados, variando de $B=0,1 g$ a $B=1,0 g$. O tamanho da amostra variou em função da variância de cada estrato e do erro ou precisão admitida nas estimativas. Quanto maior a variância e menor o nível de erro ou precisão desejado nos resultados, maior o tamanho da amostra para qualquer tamanho de castanha. O tamanho da amostra variou proporcionalmente com o tamanho da castanha, evidenciando a necessidade da coleta de amostras de tamanhos diferentes para castanhas de tamanhos diferentes. Os estratos T1 e T2 (castanhas menores) apresentaram variâncias menores: $s^2=0,3641$ e $s^2=0,3285$, respectivamente, possibilitando obter amostras de tamanhos menores, independentemente dos níveis de erro de estimativas ou de precisão admitidos. Assim, com base no conhecimento do tamanho da castanha e na definição do erro admitido, o usuário poderá determinar o tamanho da amostra.

Palavras-chave: tamanho de amostra; precisão de amostragem; recursos genéticos.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ASPECTOS ULTRAESTRUTURAIS DA TRANSIÇÃO DE CÉLULAS SOMÁTICAS PARA EMBRIOGÊNICAS EM GUEROBA [*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.]

Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso^{1*}; Ana Cristina Meneses Mendes Gomes²; Jonny Everson Scherwinski-Pereira³

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Cenargen. *inaemarie@hotmail.com

A gueroba (*Syagrus oleracea*) é uma palmeira nativa de relevante importância econômica para a região central do país. E, dada a sua disponibilidade de material e facilidade de acesso, configura-se como modelo adequado para melhor compreensão dos aspectos ultraestruturais envolvidos na transição de células do estágio somático para o embriogênico, durante o processo de indução de embriogênese somática. A elucidação desses aspectos pode contribuir para otimizar a propagação *in vitro*, considerada a mais eficiente em palmeiras, além de poder proporcionar o uso da técnica para a conservação de genótipos de interesse via criopreservação. Neste trabalho, objetivou-se, mediante Microscopia Eletrônica de Transmissão (MET), investigar características ultraestruturais de células consideradas embriogênicas durante a indução da embriogênese somática de gueroba. Embriões zigóticos maduros, pós-desinfestação, foram inoculados em meio de cultura Y3, acrescido de 30 g.L⁻¹ de sacarose e 13,57 µM de 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D). Para as análises em MET, amostras foram coletadas aos 0 e 7 dias em meio de indução da embriogênese somática (20 amostras em cada tempo). As amostras foram fixadas com glutaraldeído 2,5% em tampão cacodilato 0,1 M, pós-fixadas com tetróxido de ósmio 2%, imersas em acetato de urânio 0,5% durante 24 horas à 4°C e desidratadas em série crescente de etanol. Seguiu-se a infiltração com resina Epon, conforme protocolo do fabricante. Secções ultrafinas foram obtidas em ultramicrotomo Leica, analisadas e fotodocumentadas em Microscópio Eletrônico de Transmissão. Conforme as análises, 7 dias em meio de indução com auxina foram suficientes para a identificação de células embriogênicas, previamente, à visualização de alterações morfológicas nos explantes. Essas células, diferentemente das observadas no tempo 0, apresentavam formato predominante isodiamétrico, alta relação núcleo/citoplasma, nucléolos proeminentes (geralmente um), envelope nuclear com formatos irregulares, paredes celulares mais espessas que as das células não embriogênicas, vacúolos pequenos e presença de espaços intercelulares. Além do mais, exibiam abundância de mitocôndrias, retículos endoplasmáticos visíveis, alguns complexos de Golgi, ribossomos isolados e agrupados, vesículas eletrodensas partindo da membrana plasmática para o apoplasto e poucos plasmodesmos. O conjunto de características mencionadas se enquadra no conceito de *stem cell* totipotente, sendo, portanto, consideradas marcadores do potencial embriogênico em gueroba.

Palavras-chave: Arecaceae; Microscopia Eletrônica de Transmissão; embriogênese somática.

Agradecimentos: Embrapa, FAPDF.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

AVALIAÇÃO DA ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE PRODUÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA

Ana Rafaela Gouvêa^{1*}; Vania Moda Cirino¹

¹Instituto Agronômico do Paraná. *anarafaelag@icloud.com

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa rica em proteínas, fibras e minerais, constituindo um alimento básico da população brasileira. O Brasil é um dos principais produtores mundiais, porém, apesar da extensa área cultivada, a produtividade é baixa quando comparada com a de outros países e ao potencial produtivo das cultivares disponibilizadas. A baixa produtividade direciona os estudos para o comportamento dos genótipos frente aos ambientes nos quais são submetidos. Em decorrência dessa interação genótipo por ambientes, as cultivares além de alta produtividade e grãos com boas qualidades tecnológicas e nutricionais, devem ter um comportamento previsível e responder positivamente aos estímulos propostos pelo ambiente. Deste modo, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética para potencial de rendimento de grãos; a interação genótipo por ambientes e a estabilidade e adaptabilidade para produtividade de grãos em linhagens promissoras do grupo carioca. Os estudos foram realizados nos ensaios preliminares estabelecidos na safra das águas de 2017 em Londrina e Santa Tereza do Oeste e na safra da seca de 2018 em Ponta Grossa e Santa Tereza do Oeste. Em cada ambiente foram conduzidos 15 ensaios, constituídos por 18 linhagens promissoras desenvolvidas pelo Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR e pelos controles IPR Tangará e IPR Campo Gerais. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições e parcelas de duas linhas com 4 m, espaçadas 0,5 m e população de 12 plantas por metro linear. No estádio R7 foi avaliada a reação às doenças, adotando a metodologia proposta pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical-CIAT. Os dados de rendimento foram transformados para kg ha⁻¹, corrigidos para 13% de umidade e submetidos à análise de variância e teste de agrupamento de médias de Scott e Knott a 5% de probabilidade. As análises conjuntas da variância para cada ensaio revelaram efeitos significativos para a interação genótipo por ambientes para a maioria dos ensaios, o que possibilitou o estudo da adaptabilidade e estabilidade de Eberhart e Russel. Do total de 270 linhagens avaliadas, destacaram-se 129 que superaram o rendimento do melhor controle, apresentando-se como resistente ou moderadamente resistente às doenças, associada à ampla adaptabilidade ($\beta_1=1$) e alta previsibilidade de comportamento ($S_2d=0$). Essas linhagens poderão ser promovidas para os ensaios de determinação do valor de cultivo e uso e futuramente registradas para cultivo no RNC/MAPA ou serem utilizadas como genitoras em programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; rendimento de grãos.

Agradecimentos: Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR e ao CNPq.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

AValiação DO DESEMPENHO AGRONômICO E DA QUALIDADE FISIOLóGICA DE SEMENTES DE NOVOS HIBRÍDOS DE MAMONEIRA DESENVOLVIDOS PELA FCA-UNESP

Guilherme Gonçalves Machado^{1*}; Sebastião Soares de Oliveira Neto^{1,2}; Deoclécio Jardim Amorim¹; Maurício Dutra Zanotto¹;

¹Universidade Estadual Paulista- UNESP; ²Faculdades Integradas de Bauru - FIB;
*guisax10@hotmail.com

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) é uma planta cultivada para diversos fins, tais como, a produção de óleos, fármacos, cosméticos, entre outros derivados. Devido a esta demanda, o melhoramento vegetal da cultura é de extrema importância, este processo visa à obtenção de novos genótipos produtivos de mamona que se torna algo primordial para o sucesso econômico da cultura, onde se deseja também materiais com alta qualidade fisiológica de sementes. Deste modo, o objetivo deste trabalho foi testar o desempenho agrônômico de doze híbridos de mamona de porte baixo desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético vegetal da Faculdade de Ciências Agrônômicas da UNESP-Botucatu, bem como, avaliar o vigor e a germinação de suas sementes, recomendando os melhores resultados para uso e registro junto ao RNC/MAPA. Foram realizados dois experimentos, conduzidos na região Sudeste do Brasil, o primeiro na Fazenda Experimental da UNESP, no município de São Manuel – SP e o segundo no Laboratório de Sementes do Departamento de Melhoramento e Produção Vegetal da FCA – UNESP/Botucatu - SP. O primeiro experimento foi realizado em blocos casualizados e o segundo inteiramente casualizado, com quatro e três repetições a campo e em laboratório, respectivamente. Os seguintes componentes de produção, vigor e germinação de sementes foram avaliados: altura de inserção do racemo primário e secundário (AI1 e AI2, respectivamente); altura de plantas (AP); número de rácermos (NR); rendimentos de grãos (REND); teor de óleo (%O); comprimento de plântulas (CP); massa seca de plântulas (MSP) e porcentagem de germinação (%G). Os híbridos H4, H5, H7 e H11 foram superiores para REND e CP. Os híbridos de mamoneira com desempenho agrônômico superior não apresentam qualidade fisiológica de sementes superior.

Palavras-chave: *Ricinus communis* L.; obtenção de híbridos; qualidade fisiológica de sementes.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CALOS EMBRIOGÊNICOS EM BANANEIRA

Cristina Ferreira Nepomuceno^{1*}; Ila Adriane Maciel de Faro¹; Leila Verena da Conceição¹; Beatriz Rodrigues dos Santos Simas¹; Maria Angélica Pereira de Carvalho Costa¹; Sebastião de Oliveira e Silva¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *nepomucenocf@yahoo.com.br

Nos últimos anos a produção de banana no Brasil tem apresentado crescimento, no entanto, a maioria das cultivares de bananeira utilizada pelos agricultores é suscetível às principais pragas da cultura, fato que conduz a severas perdas no rendimento, que podem alcançar 100%, onde as alternativas de controle apresentam-se pouco eficientes e ou de custo elevado, como é o caso do mal do Panamá na cultivar Maçã. Uma das estratégias para a solução do problema mencionado é a criação de novas variedades produtivas e resistentes a pragas. Contudo, o uso do melhoramento convencional nem sempre é possível, o que se sugere o uso de técnicas biotecnológicas como a mutação associada às técnicas de cultivo *in vitro*. Assim, esse estudo teve como objetivo avaliar a indução de calos embriogênicos, visando a formação de suspensão celular para estudos de mutagênese em diferentes genótipos de bananeira. Apices caulinares das cultivares Prata Anã, Grande Naine e Maçã foram excisados e introduzidos em meio de cultura MS, contendo 30 g L⁻¹ de sacarose, 7 g L⁻¹ de ágar e diferentes concentrações dos reguladores vegetais: Dicamba (0,0 – 4,0 µM) e BAP (0,0 – 0,25 µM). Cada tratamento foi composto por 10 repetições e, cada constituída de duas unidades experimentais. As culturas foram incubadas a 27 ± 2 °C no escuro. As avaliações das variáveis (porcentagem de formação de calos, porcentagem de formação de embriões somáticos, coloração e textura dos calos) foram realizadas aos 30 e 60 dias da incubação dos explantes. Foi observado para ‘Prata Anã’ 94,44% e 100% de formação de calos a partir dos explantes inoculados nos meios de cultura que continham 4,0 µM de dicamba; 4,0 µM de dicamba + 0,25 µM de BAP, respectivamente. Na ‘Maçã’, a maior porcentagem de formação de calos ocorreu nas concentrações de 2,0 e 4,0 µM de dicamba sem BAP (90% e 100%, respectivamente). Enquanto que, a ‘Grande Naine’ teve melhor resposta (88,23%) quando foi adicionado ao meio de cultura 4,0 µM de dicamba. Esses calos apresentaram textura friável, coloração amarela e formação de embriões somáticos para os três genótipos estudados. A utilização do regulador vegetal dicamba é eficiente na formação de calos embriogênicos de bananeira.

Palavras-chave: *Musa* spp.; melhoramento genético; embriogênese somática.

Agradecimentos: Os autores agradecem a UFRB (Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais), a Fapesb, ao CNPq e a Capes pela concessão das bolsas.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CARACTERIZAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *Pinus maximinoi* H.E. MOORE

Aparecida Juliana Martins Correa¹; Francisco Rafael de Araújo Oliveira^{1*}; Marcel Eméric Bizerra de Araújo²; Aline Estela Zini de Oliveira Pereira²; Miguel Luiz Menezes Freitas³; Ananda Virgínia Aguiar⁴

¹UFSCAR, Campus Sorocaba, Sorocaba/SP; ²UNESP, Campus de Ilha Solteira, Ilha Solteira/SP; ³Instituto Florestal, São Paulo/SP; ⁴Embrapa Florestas, Colombo/PR.

*rafael.oliveira.ifce@gmail.com

Espécie tropical, de origem entre o México e a Nicarágua, *Pinus maximinoi* H.E. Moore (Pinaceae) tem alto potencial para o uso nas indústrias de base florestal. A espécie foi introduzida no Brasil na década de 1980, e vem sendo conservada como pomares de sementes em alguns municípios das regiões Sul e Sudeste do país. A demanda por sementes dessa espécie ainda é muito baixa, porém esta poderá ser usada para o desenvolvimento de híbridos interespecíficos devido ao seu crescimento em volume e a forma do fuste (retilíneo). Como as coleções de germoplasma (pomares de sementes) correm riscos de serem extintas, há a necessidade de coletar sementes das diferentes progênies dos pomares de primeira geração para implantar os testes de segunda geração a fim de conservar o germoplasma em risco. Assim, o objetivo desse trabalho foi verificar a variabilidade genética de um teste de progênie de segunda geração de *P. maximinoi* que visa atender aos programas de conservação e melhoramento genético de *Pinus spp.* O teste foi instalado em 2015 na Floresta Estadual de Pederneiras, Pederneiras/SP (22°27'S, 48°44'W, 500 m), em sistema de plantio puro, no delineamento em blocos completos ao acaso com 20 blocos, 28 tratamentos (progênies de meias-irmãs) e uma planta por parcela. Aos três anos de idade, foram avaliados os seguintes caracteres: circunferência à altura do peito (CAP), altura total (H) e diâmetro da copa nas direções leste/oeste (DLO) e norte/sul (DNS). A análise de *deviance* e as estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas com base no procedimento genético estatístico REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Imparcial). Não houve diferença significativa entre as progênies para os caracteres analisados pelo teste de qui-quadrado. De maneira geral, as herdabilidades médias de progênies (DLO = 0,03 a H = 0,33), aditiva individual dentro das progênies (o valor máximo foi de H = 0,074) e os coeficientes de variação genética aditiva individual e entre progênies foram baixos e não significativos para os caracteres fenotípicos analisados. Apesar do teste de segunda geração conter 60% das progênies da população anterior, este não apresentou variabilidade genética para os caracteres silviculturais avaliados. Se em idades mais avançadas, para estes e outros caracteres, as variações genéticas não forem significativas, deve-se introduzir indivíduos de procedências/progênies diferentes visando aumentar a variabilidade genética desta população.

Palavras-chave: *Pinus maximinoi*; variabilidade genética; pomares de sementes.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE AMENDOIM VIA DESCRITORES QUANTITATIVOS

Samuel Felipe Azevedo de Oliveira Castro^{1*}; André Felipe da Silva¹; Carlos Eduardo Duarte da Silva¹, Francisco Aglauberto de Lima Gouveia¹, Larissa Maria Chaves de Oliveira¹; Lucas Nunes da Luz¹

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Redenção-CE, Brasil.*samuel-felipe@hotmail.com.br

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma cultura agrícola amplamente cultivada em zonas tropicais, entre as oleaginosas, é quarta em volume produzido. No Brasil e na região Nordeste em particular, seu cultivo tem se expandido para atender a demanda dos segmentos do consumo *in natura* e processados de confeitaria/doceria. Apresenta expressivo potencial para a agricultura familiar dada a adaptação as condições do semiárido Brasileiro e a possibilidade de consócio com diversas culturas agrícolas. Neste trabalho buscou-se estimar as distâncias genéticas e caracterizar por meio descritores ligados a produção 50 acessos de amendoim. O experimento foi realizado na Fazenda Experimental Piroás em Redenção/CE em blocos casualizados com três repetições. As plantas foram espaçadas em 0,4 x 0,7 m e cultivadas em regime de sequeiro. Por ocasião da colheita, 90 dias após o plantio, foram coletados o número de vagens maduras, imaturas e vagens totais, número de ginóforos total e no terço inferior e o peso de 100 vagens e sementes. Os dados foram submetidos a análise de variância e teste média. As médias foram submetidas a análise de diversidade genética por meio da distância generalizada de *Mahalanobis* (D^2) e a matriz de dissimilaridade foi interpretada por meio de agrupamento UPGMA. O agrupamento apresentou correlação cofenética de 0.745 indicando boa precisão nos ajustes das matrizes. Cinco grupos distintos foram formados sendo que dois deles apresentaram apenas um genótipo. O grupo 1 (24 acessos), grupo 2 (15 acessos) e o grupo 3 (9 acessos) apresentam pouca variação dentre os grupos e entre os grupos com base nos descritores quantitativos, contudo, esses grupos mostram acessos com elevado potencial produtivo. Descritores morfológicos podem ajudar a interpretar melhor os dados produtivos uma vez que nem todos os acessos possuem caracteres de interesse na produção como porte indeterminado, entre outros. O grupo 4 (UNILAB 113), tipo “Virgínia”, e grupo 5 (UNILAB 138), tipo “Spanish”, são acesso provenientes do estado de São Paulo e da Espanha, respectivamente. Os mesmos apresentam um elevado nível de diferença em descritores de campo e, contrastam bastante em termos produtivos com os demais acessos. A análise implementada se procedeu por médias para o processo de discriminação dos acessos, devendo outros descritores serem incluídos na análise para melhor dimensionamento e interpretação das diferenças.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L.; recursos genéticos; semiárido.

Agradecimentos: A UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE PINHA (*Annona squamosa*)

Michael Willian Rocha de Souza¹; Davi Martins Oliveira¹; Mahany Graça Martins^{1*};
Débora Souza Mendes²; Silvia Nietsche³; Márcia Regina da Costa¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. ²Universidade Estadual de Montes Claros. ³Universidade Federal de Minas Gerais. *mahany.martins@hotmail.com

As pinhas são plantas pertencentes à família das anonáceas, originárias das regiões tropicais e subtropicais, que produzem frutos de boa aceitação no mercado. A principal destinação dos frutos da pinheira são o consumo “*in natura*” e o processamento de polpas. Apesar da crescente demanda, a oferta do produto é insuficiente para atender as necessidades do consumidor, em função da produção ainda não estar consolidada para suprir a demanda nacional, necessitando de programas de melhoramento para desenvolvimento de cultivares adaptadas as condições brasileiras, assim, estudos de diversidade genética tornam-se fundamentais como base para os programas de melhoramento. O objetivo desse trabalho é realizar a caracterização molecular de seis genótipos de pinha: Verde gigante, Vermelha, Pinha verde, Pinha local, Brazilian seedless e Thai seedless por meio de marcadores do tipo SSR (Simple Sequence Repeats). Para a caracterização foram realizadas extrações de DNA a partir de acessos de *Annona squamosa* através do método CTAB (tampão de brometo de hexadeciltrimetilamonio). As amostras foram submetidas às reações de amplificação com volume final de 25 µL com as seguintes concentrações finais: KCl 50 mM, Tris-HCl 10 mM (pH 8,3), cloreto de magnésio (MgCl₂) 3,0 mM, 0,2 mM de dNTPs, 0,4 mM de cada primer, 25 ng de DNA genômico, 1,0 unidade de Taq DNA polimerase e água ultra pura. As amplificações foram efetuadas com desnaturação inicial a 94 graus celsius (°C) por 3 minutos, 35 ciclos de 94 °C por 30 segundos, temperatura de anelamento de 50 °C durante 30 segundos e extensão a 72 °C por 40 segundos; ao final desses, extensão final a 72 °C por 7 minutos. Para as reações de amplificação foram utilizados os *primers*, LMCH-3, LMCH-8, LMCH-37, LMCH-53, LMCH-89, LMCH-9, LMCH-33, LMCH-42, LMCH-71, LMCH-93, LMCH-122 e LMCH-139. Os produtos resultantes das amplificações foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida e em tampão TBE 1X. A análise foi realizada por visualização direta do gel, detectando a presença ou ausência da banda correspondente de cada par de primer utilizado e observado o grau de monomorfismo ou polimorfismo entre os acessos. Dos 12 *primers* testados, dois não amplificaram (LMCH-3 e LMCH-8) e os restantes amplificaram 9 bandas monomórficas e 9 polifórmicas. Os *primers* LMCH-9, LMCH-33, LMCH-42, LMCH-53 e LMCH-139 geraram bandas que diferenciaram os genótipos Thai seedless, Brazilian seedless e Verde gigante, porém não diferenciaram os demais genótipos.

Palavras-chave: anonáceas; diversidade genética; marcadores moleculares SSR.

Agradecimento: UFVJM.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ESPIGAS EM MILHOS CRIoulos

Mahany Graça Martins^{1*}; Amanda Gonçalves Guimarães¹; Edelço Aparecida Saraiva¹;
Leandro Alves Macedo¹; Josimar Rodrigues Oliveira¹; Márcia Regina Da Costa¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina-MG, Brasil.
*mahany.martins@hotmail.com

A caracterização agrônômica de variedades crioulas é de extrema importância, pois permite auxiliar no processo de escolha de materiais que melhor se adaptem às condições de cultivo além de constituírem uma fonte de variabilidade genética que pode ser explorada no melhoramento. Portanto, o objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização de populações de milho crioulo quanto a caracteres da espiga. O experimento foi realizado na Fazenda Experimental Rio Manso, da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, em Couto de Magalhães de Minas-MG, de setembro de 2017 a fevereiro de 2018. Os materiais genéticos estudados foram seis variedades de milho crioulo, oriundos das regiões de Viçosa (1 e 2), Couto Magalhães de Minas (3, 4 e 6) e São Gonçalo do Rio Preto (5), todas no Estado de Minas Gerais. Os materiais foram dispostos em delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições, sendo a parcela composta de duas linhas de cinco metros espaçadas a 0,20 m entre plantas e 0,90 m entre linhas. Foram avaliadas 10 características, quanto descritores da espiga. Não houve diferença significativa entre as variedades de milho crioulo, tendo como média as características comprimento de espiga (17,37 cm), forma de espiga (cônica-cilíndrica, média de 2,18), arranjo de carreira dos grãos (direito- espiral, média de 3,46), comprimento do grão (7,88 mm), espessura do grão (3,94 mm) e forma do grão (dentado-plano, média de 2,81). Já para as demais características - diâmetro de espiga (DE), número de fileira de grãos (NFG), número de grãos por fileira (NGF) e largura do grão (LG) - houve diferença significativa entre as variedades de milho crioulo. Para DE, NFG e NGF as variedades 3, 4 e 5 obtiveram os maiores valores não diferindo entre si, obtendo médias de 49,24 mm, 14,4 e 38,18 respectivamente. Somente a variedade 5 obteve alto valor para a característica LG, com 11,08 mm. Desta forma, a caracterização dos materiais analisados obteve êxito, e foram observadas diferenças significativas entre algumas características, sendo necessário realizar análises complementares de correlação com a produtividade do milho crioulo.

Palavras-chave: *Zea mays*; variedade; descritores.

Agradecimentos: Projeto milho crioulo e Proexc.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE PROGÊNIES DE *Varronia curassavica* PROVENIENTES DE UM CICLO DE SELEÇÃO RECORRENTE

Vanderson dos Santos Pinto¹; Ana Gabriela Soares Felix^{1*}; Luiz Fernando de Andrade Nascimento¹; Vinicius Trindade de Souza¹; Daniela Aparecida de Castro Nizio¹; Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *gabrielasfelix@hotmail.com

A erva-baleeira (*Varronia curassavica* Jacq.) é uma espécie arbustiva, alógama facultativa e nativa do Brasil. Além da ação anti-inflamatória, o óleo essencial obtido das folhas apresenta atividade antiprotozoária contra uma importante praga da piscicultura, o parasita *Ichthyophthirius multifiliis* causador da “ictiofitiríase”, responsável por grandes perdas neste setor. Dentre os compostos responsáveis pela atividade antiprotozoária do óleo essencial de erva-baleeira, estão o E-cariofileno e oviridiflorol, os quais são encontrados em baixos teores nas plantas. Uma alternativa para o aumento desses compostos consiste no melhoramento genético da espécie através da seleção recorrente entre meios-irmãos, pois possibilita o acúmulo de alelos favoráveis a cada ciclo de cruzamento ao acaso e seleção. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi caracterizar morfológicamente 113 progênies obtidas pela pelo intercruzamento do acesso VCUR-503 (genitor feminino cujos compostos majoritários são viridiflorol e E-cariofileno) com os demais acessos mantidos na coleção de erva-baleeira da Universidade Federal de Sergipe. As sementes coletadas da planta VCUR-503 foram identificadas e semeadas em sementeiras e posteriormente transferidas para tubetes. As mudas das 117 progênies e do parental VCUR-503, foram levadas a campo em espaçamento 1,0 x 1,0 m. A avaliação morfológica ocorreu aos seis meses após o plantio a partir da avaliação da altura da planta, diâmetro da copa, diâmetro do caule, largura e comprimento da folha, área foliar, e comprimentos do pecíolo e internódio. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento e análise de componentes principais (ACP). Considerando a similaridade entre as progênies para os caracteres morfológicos avaliados, foi definida a formação de quatro grupos na análise de agrupamento: Grupo 1, formado por 38 progênies e o parental VCUR-503, Grupo 2, formado por 27 progênies, Grupo 3, formado por 16 progênies e Grupo 4, com 35 progênies. Na ACP, o componente principal primário explicou 30,29% da variação total e apresentou correlação positiva ($r > 0,7$) com as variáveis C1-largura de folha, C2-comprimento de folha e C3-comprimento de pecíolo. O componente principal secundário explicou 25,19% da variância total e se correlacionou positivamente com as variáveis C5-altura de planta e C8-diâmetro de copa. Após um ciclo de recombinação, observou-se que existe variabilidade fenotípica entre as progênies de erva-baleeira para caracteres morfológicos.

Palavras-chave: melhoramento; fenótipo; genótipo.

Agradecimentos: UFS, FAPITEC/SE, CNPq e CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CONSERVAÇÃO A LONGO PRAZO DE GRÃOS DE PÓLEN DE ACESSOS DE *Paspalum atratum* E *P. malacophyllum*

Naiana Barbosa Dinato^{1*}; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Tiago Maretti Gonçalves¹;
Alessandra Pereira Fávero²

¹Universidade Federal de São Carlos. ²Embrapa Pecuária Sudeste. *nanadinato@hotmail.com

Paspalum é um gênero nativo na América da família *Poaceae*, do qual 214 espécies são encontradas no Brasil, em diferentes condições ecológicas e variações morfológicas, proporcionando uma alta diversidade genética, que pode ser utilizada para produzir novas cultivares e melhorar as existentes. Apenas um número limitado de cultivares de *Paspalum* foi liberado como gramíneas forrageiras melhoradas sendo a maioria acessos apomíticos que foram selecionados devido a sua produtividade superior. Genótipos tetraploides sexuais sintéticos têm sido obtidos em espécies de *Paspalum* em programas de melhoramento genético na Argentina e nos EUA. Esforços são concentrados na criação de germoplasma superior de diferentes espécies que potencialmente serão lançadas como cultivares melhoradas utilizando hibridização intra e interespecífica, tanto nos países supracitados como no Brasil. Para que ocorra a hibridização, é necessário que o tempo de floração dos parentais sejam sincronizados, podendo ser alcançado com a manipulação fotoperíodo e temperatura. Entretanto, a coleta de pólen do parental masculino e o armazenamento até que as flores do parental feminino estejam aptas é uma abordagem mais exequível. Esta técnica depende de diferentes fatores como o teor de água na célula, sendo necessária a desidratação. Este estudo visou determinar a viabilidade dos grãos de pólen de *P. atratum* e *P. malacophyllum* após armazenamento em nitrogênio líquido por 12 meses. Os grãos de pólen foram coletados em vasos em casa de vegetação, na Embrapa Pecuária Sudeste, com três repetições de cada tratamento. Foram testados dois agentes de desidratação (LiCl e sílica gel) por três tempos distintos (30, 60 e 120 min) e um tratamento sem desidratação. Após descongelamento lento, técnica que consiste em descongelar os grãos de pólen por 30 min no freezer, 30' na geladeira e 30' em temperatura ambiente, os grãos de pólen foram avaliados quanto à viabilidade por coloração com solução de tetrazólio 0,25%. A coloração de grãos recém-colhidos também foi avaliada como controle. Observou-se que os grãos de pólen desidratados com LiCl por 30 min e com sílica gel por 120 min mantiveram a mesma viabilidade da testemunha, sendo, aproximadamente, 70% após 12 meses de armazenamento. Grãos de pólen não desidratados, apresentaram viabilidade de aproximadamente 34% após 12 meses de armazenamento. Estes procedimentos de desidratação podem ser adequados para criopreservação de grãos de pólen de *Paspalum*.

Palavras-chave: *Paspalum*; criopreservação de grãos de pólen; agentes de desidratação.

Agradecimentos: À EMBRAPA e UNIPASTO pelo apoio financeiro e à CAPES pela bolsa de doutorado.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES RELACIONADOS ÀS DIMENSÕES DE SEMENTES DE AMENDOIM

Fernanda Carla Ferreira de Pontes¹; Júlio César Do Vale¹; Marysso1 Torres Gadelha^{2*}; Samuel Felipe Azevedo de Oliveira Castro²; André Felipe da Silva²; Lucas Nunes da Luz²

¹Universidade Federal do Ceará. ²Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira. *maryssoltorres@gmail.com

O amendoim é uma oleaginosa de grande importância mundial, produzindo um dos grãos mais consumidos pela população. No Brasil, tem relevante papel na economia agrícola, sobretudo nas regiões sudeste e nordeste do país. As sementes são utilizadas na identificação de acessos em germoplasma de amendoim devido a variabilidade dos caracteres morfológicos. Atualmente, semente de maior tamanho têm sido mais procuradas para atender o mercado consumidor. Nesse sentido, a busca por genótipos superiores e o conhecimento dos efeitos genéticos que controlam os caracteres das sementes são fundamentais para subsidiar programas de melhoramento da espécie. Sendo assim, o objetivo desse estudo foi conhecer o controle genético dos caracteres comprimento e largura da semente de amendoim. Foram cruzados em esquema dialélico completo, quatro acessos contrastantes de amendoim provenientes da coleção da Universidade Federal do Ceará (UFC) e cedidos a *Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira* (UNILAB). Os dados foram analisados pelo modelo III de Griffing (F_1 's e recíprocos). As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional Genes (2013). O efeito de tratamento foi significativo para os dois caracteres estudados, indicando diferenças genotípicas entre os acessos. No desdobramento, observou-se que a capacidade geral de combinação (CGC) foi o componente que mais contribuiu para isso, evidenciado a relevância dos efeitos gênicos aditivos no controle genético desses caracteres. Pelas CGCs constatou-se que o acesso UNILAB-33 apresentou maior efeito para comprimento da semente e o acesso UNILAB-69 para largura da semente. Neste sentido, o cruzamento entre esses dois acessos deve contribuir para o aumento da semente de amendoim. O efeito recíproco foi significativo, indicando a necessidade de definir os genitores como macho ou fêmea na obtenção das combinações híbridas.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L.; capacidades de combinação; efeito recíproco.

Agradecimentos: CNPq, UFC e UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO INDIRETA EM GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DE FIBRA COLORIDA

Larissa Barbosa de Sousa^{1,2*}, Patrícia de Sousa Soares²; Myllena Fernandes Garcia²; Marley Aparecida Sousa Leite²; Lírian França Oliveira²; Izabela Motta Pimentel²

¹Instituto de Ciências Agrárias. ²Universidade Federal de Uberlândia/Uberlândia-MG/Brasil.
*larissabsousa@hotmail.com

O algodoeiro do gênero *Gossypium spp.* produz naturalmente fibras de diversas tonalidade e cores. O algodoeiro de fibra colorida surge como uma alternativa na produção de fibra têxteis, pois dispensa ou diminui o tingimento reduzindo o impacto ambiental destes, que são poluentes. Contudo as fibras coloridas, geralmente possuem produtividade inferiores as cultivares brancas, sendo o melhoramento de plantas uma alternativa para desenvolvimento de cultivares mais produtivas. Uma alternativa é o estudo das correlações entre os caracteres que possibilita uma melhor eficácia e agilidade na seleção, pois proporciona a seleção indireta de características de difícil mensuração ou com baixa herdabilidade. Com base no exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas sobre a produtividade, rendimento e caracteres tecnológicos da fibra de algodoeiro colorido como critério de seleção indireta. O experimento foi conduzido na safra 2016/2017 na fazenda experimental Capim Branco (18°52'S;48°20'W e 805m), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais. Foram utilizados 12 genótipos de fibra colorida (UFUJP-01, UFUJP-02, UFUJP-05, UFUJP-08, UFUJP-09, UFUJP-10, UFUJP-11, UFUJP-13, UFUJP-16, UFUJP-17 e duas cultivares comerciais: BRS-Rubi e BRS-Topázio) em delineamento de blocos casualizados. Estimou-se os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre as características *Micronaire* (MIC), Maturação (MAT), Comprimento de Fibra (UHML), Uniformidade de Comprimento (UI), Índice de Fibras Curtas (SFI), Resistência de fibra (STR), Alongamento (ELG), Produtividade (PROD) e Rendimento (RP). As características MIC, MAT, STR e ELG tiveram correlação positiva significativa com produtividade e com alta magnitude, contudo apenas MAT, STR e ALG possuem alta herdabilidade. A característica alongamento obteve correlação negativa, ou seja, a seleção para alongamento refletirá inversamente no incremento da produtividade. Verificou-se que MAT, STR e ELG podem ser utilizados na seleção indireta visando seleção para aumento de produtividade.

Palavras-chave: fibras de cor; melhoramento de plantas; *Gossypium hirsutum*.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Associação Mineira de Produtores de Algodão (AMIPA).



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERÍSTICAS QUANTITATIVAS DE FRUTOS E NÚMERO DE ESTIGMAS EM FLORES DE MARACUJEIRO DA CAATINGA (*Passiflora cincinnata* MAST.)

Francisco Pinheiro de Araujo^{1*}; Fábio Gelape Faleiro²; Saulo de Tarso Aidar¹; Onildo Nunes de Jesus³; Nataniel Franklin de Melo¹

¹Embrapa Semiárido. ²Embrapa Cerrados. ³Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*pinheiro.araujo@embrapa.br

O caráter presença de flores com três estigmas é o mais frequente em *Passiflora*, embora haja relatos de espécies que apresentam flores com quatro ou mais estigmas, destacando-se *P. cincinnata*. Para o uso agrícola, o aumento do número de estigmas proporciona mais oportunidades de adesão de grãos de pólen e, conseqüentemente, potencial para produzir frutos com mais sementes e polpa. O presente trabalho objetivou avaliar a produção de frutos em genótipos de plantas de *P. cincinnata* com flores contendo três, quatro ou cinco estigmas. O trabalho foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado, em Petrolina, PE, nas coordenadas do sistema UTM 24 L – 0358788 m; 8999545 m, altitude de 354 m, durante o período de 2015 a 2018. Botões florais em pré-antese foram isolados previamente com sacos de papel, identificando-se o tipo de flor (três, quatro ou cinco estigmas) após sua abertura para, em seguida, realizarem-se os cruzamentos planejados. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso com quatro tratamentos: um genótipo (BRS SF4x4) com flores contendo quatro ou cinco estigmas selecionado a partir da cultivar BRS Sertão Forte, e três genótipos com flores contendo três estigmas (CPEF2220, CBAF2334 e CBAC0703), em 4 repetições. Foram avaliados massa, comprimento e diâmetro dos frutos, espessura da casca, número de sementes, massa de 100 sementes, comprimento e largura das sementes. Diferenças significativas foram observadas para massa, comprimento e diâmetro dos frutos. Os peso e diâmetro dos frutos provenientes de flores com quatro e cinco estigmas foram superiores aos demais tratamentos, com valores médios de 213,9 g e 7,62 cm, 134,3 g e 6,55 cm, 108,4 g e 6,15 cm, 70,7 g e 5,37 cm para BRS SF4x4, CPEF2220, CBAF2334 e CBAC0703, respectivamente. Obteve-se uma média de 648 sementes por fruto no genótipo BRS SF4x4, valor aproximadamente 40% maior que o obtido para CBAF2334 (386 sementes), 59% para CPEF2220 (265 sementes), e 77,7% para CBAC0703 (144 sementes). Por outro lado, o genótipo BRS SF4x4 produziu menor massa de 100 sementes (2,59 g), diferindo significativamente dos outros genótipos, cujos valores foram 4,72 g (CPEF2220), 4,8 g (CBAF2334) e 5,05g (CBAC0703). Não se encontrou diferenças significativas entre as espessuras das cascas, indicando que o aumento do peso dos frutos obtido no genótipo com flores com quatro ou cinco estigmas (BRS SF4x4) foi devido principalmente ao conteúdo do fruto, o que pode ter impacto positivo sobre a produtividade e rendimento de polpa.

Palavras-chave: melhoramento genético, espécie silvestre, Caatinga.

Agradecimentos: A CHESF, pelo apoio às atividades de pesquisa.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CORRELAÇÃO FENOTÍPICA EM DESCRITORES LIGADOS A PRODUÇÃO EM ACESSOS LOCAIS DE MILHO

Matheus Lima Oliveira^{1*}; Ana Kelly de Sousa Julião¹; Maryssol Torres Gadelha¹; Maria Valnice de Souza Silveira¹; Júlia Amanda de Melo Raulino¹; Lucas Nunes da Luz¹

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Redenção-CE, Brasil. *mts.lima518@gmail.com

O milho (*Zea mays L.*) é de grande importância socioeconômica sendo cultivado em praticamente todas as regiões agrícolas do mundo. O Brasil participa com 6% na produção mundial de milho. No nordeste brasileiro a produção de milho assume papel fundamental na composição da renda das famílias, contudo, a baixa produtividade local é uma das marcas do cultivo na agricultura familiar da região. Diversos fatores contribuem para a baixa produtividade, entre eles, a adoção de híbridos e variedades comerciais melhoradas para regiões Sul/Sudeste aliada a falta de adoção de pacotes tecnológicos apropriados ao uso dessas cultivares. Este trabalho visa compreender a relação entre os descritores ligados a produção em acesso de milho para orientar a seleção dentro de famílias em um programa de seleção recorrente. Seis variedades de milho considerado crioulo foram cultivadas em regime de sequeiro, em condições agroecológicas, em Redenção/CE. Os acessos foram semeados em fileiras de 0,7m x 0,30m entre plantas, duas plantas por cova, em linhas de três metros, com dez repetições por acesso. Seis descritores foram tomados por ocasião da colheita: comprimento e diâmetro das espigas, peso da espiga cheia e peso do sabugo, número de linhas de grãos e número de grãos por linhas e peso médio de sementes por espiga. Os dados foram coletados em cinco espigas por parcela. Os dados foram submetidos a análise de variância, teste de tukey à 5% de probabilidade e análise de correlação. Houve diferença significativa para comprimento e diâmetro da espiga e peso total de sementes. Redenção 1 apresentou a maior média para produção de sementes. Número de linhas de grãos apresentou correlação negativa entre comprimento e diâmetro da espiga, peso de espiga com palha e peso de sabugo indicando que o aumento desses descritores reduz o número de linhas de grãos. O peso de sementes apresentou correlação positiva e significativa entre peso de espigas com palha e número de linhas de grãos. Estes dados são particularmente importantes uma vez que o aumento no peso de espiga, mesmo empalhada, é sinal do aumento na produção de sementes apesar da correlação positiva em peso de sabugos e peso da espiga com palha. De acordo com a análise de correlação aqui descrita, a seleção de espigas grandes, com diâmetro mediano e elevado peso de espiga empalhada é capaz de elevar a produção de sementes.

Palavras-chave: *Zea mays L.*; semente crioula; seleção recorrente.

Agradecimentos: à UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CRUZAMENTO DIALÉLICO EM MELÃO AMARELO

Karmita Thainá Corrêia Ferreira¹; Adriano Ferreira Martins^{1*}; Francisco Leandro Costa Loureiro¹; Anânkia de Oliveira Ricarte¹; José Maria da Costa¹; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi Árido. *adrianomartinsfe@gmail.com

O Nordeste brasileiro é a principal região produtora e exportadora de melão amarelo do país. Em função do enorme potencial que representa na região surge a necessidade de aumentar cada vez mais a produtividade da cultura. As formas de conseguir um aumento na produtividade são através do melhoramento genético e do uso de práticas culturais apropriadas. A realização de cruzamentos dialélicos é uma técnica clássica para a escolha de genitores, parte essencial em um programa de melhoramento para o desenvolvimento de híbridos, o que favorece a produção de variedades com melhor qualidade, as quais irão gerar renda aos produtores e melhoria na qualidade do produto final. O objetivo do presente trabalho foi estimar as capacidades geral e específica de combinação, com o intuito de identificar as melhores combinações híbridas para iniciar a condução de populações segregantes de melão amarelo. Cinco genitores e os seus respectivos híbridos foram avaliados. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas foram: número total de frutos, peso médio do fruto, produtividade, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis. Para todos os caracteres, observou-se efeitos significativos das capacidades geral e específica de combinação, indicando a presença de efeitos aditivos e de dominância no controle genético. Esse fato indica que a heterose pode ser explorada no melhoramento dos referidos caracteres. A partir dos resultados podemos concluir que os cruzamentos mais apropriados para o melhoramento de melão são os seguintes: G1 x G2, G1 x G3, G1 x G4, G1 x G5, G2 x G5 e G3 x G4.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; escolha de genitores; seleção.

Agradecimentos: CNPQ e UFERSA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CRUZAMENTOS INTERESPECÍFICOS DE *Paspalum* UTILIZANDO GRÃOS DE PÓLEN CRIOPRESERVADOS

Naiana Barbosa Dinato^{1*}; Bianca Baccili Zanotto Vigna²; Frederico de Pina Matta²;
Ailton Ferreira de Paula¹; Tiago Maretti Gonçalves¹; Alessandra Pereira Fávero²

¹Universidade Federal de São Carlos. ²Embrapa Pecuária Sudeste. *nanadinato@hotmail.com.

O gênero *Paspalum* é um dos mais importantes gênero da família Poaceae, com cerca de 330 espécies. O grupo Plicatula é um dos mais promissores pela qualidade forrageira das espécies. A maioria dos acessos de *Paspalum* é tetraploide e apomítico e são raros os citotipos sexuais no grupo Plicatula. Para unir características localizadas em acessos distintos é necessário cruzá-los em nível tetraploide e selecionar aqueles de interesse. Para isso, é necessária a sincronização de florescimento entre os genitores. A criopreservação de pólen pode superar este desafio em situações de espécies de florescimento não sincronizado. Este estudo visou realizar cruzamentos entre espécies com florescimento assíncrono e com características de interesse para o melhoramento com uso de pólen criopreservado, confirmando assim sua viabilidade *in vivo*. Os grãos de pólen foram coletados em campo e vasos na Embrapa Pecuária Sudeste e foram desidratados utilizando LiCl por 30' e sílica gel por 120' seguido da criopreservação. Os grãos de pólen ficaram armazenados em nitrogênio líquido por cerca de 12 meses, quando foram realizados cruzamentos entre diferentes espécies nas combinações: *P. urvillei* (BGP 393) x *P. malacophyllum* (BGP 6; BGP 293); *P. urvillei* (BGP 393) x *P. regnellii* (BGP 215) e *P. plicatulum* x *P. guenoarum* (plantas F₁ 10, F₁ 4, F₁ 37 e F₁ 42) x *P. atratum*. Plantas utilizadas como genitores femininos foram emasculadas pela manhã em casa de vegetação e polinizadas com pólen criopreservado. As inflorescências polinizadas foram protegidas para evitar contaminações. Após um mês, coletaram-se as sementes. A primeira comprovação da funcionalidade do pólen conservado é a produção de sementes das espiguetas polinizadas. A não produção de sementes pode ocorrer quando o pólen não é viável ou a emasculação produziu danos fisiológicos nas espiguetas ou houve uma incompatibilidade genética parcial entre espécies. Foram polinizadas 4193 espiguetas que resultaram em 777 cariopses (18,5%). Houve maior porcentagem de cariopses nos seguintes cruzamentos: BGP 393 x BGP 6 (41,14%); BGP 393 x BGP 293 (38,72%); BGP 393 x BGP215 (31,15%). Nos cruzamentos realizados tendo híbridos como genitores femininos, os melhores resultados foram: F₁ 37 x BGP 308 (14,47%) e F₁ 42 x BGP 98 (5,66%). A capacidade de cruzamento entre espécies de *Paspalum* pode variar de 0,05 a 35%. Outros trabalhos indicam que em cruzamentos entre *P. plicatulum* (autotetraploide e sexual) x *P. oteroi* (tetraplóide apomítica) as taxas de cruzamento foram de 5%.

Palavras-chave: criopreservação; hibridação interespecífica; gramíneas.

Agradecimentos: EMBRAPA, UNIPASTO e CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CULTIVO DE BANANEIRA ORNAMENTAL EM VASO

Janay Almeida dos Santos-Serejo^{1*}; Joaquim Lemos Ornellas²; Paula Beatriz Vieira de Souza²

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura. ²Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

*janay.serejo@embrapa.br

A bananeira ornamental constitui-se numa alternativa promissora para o segmento das fruteiras ornamentais. A variabilidade genética do gênero *Musa* abrange aproximadamente 70 espécies e mais de 500 cultivares, e essas plantas apresentam grande potencial para geração de diversos produtos, dentre eles podem ser exploradas como plantas ornamentais. Os híbridos de bananeira ornamental gerados pelo programa de melhoramento genético desenvolvido na Embrapa apresentam potencial para flor de corte, paisagismo, minifrutos e cultivo em vasos. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desenvolvimento de híbridos de bananeira ornamental cultivados em vaso em condições de pleno sol. Foram avaliados oito híbridos que apresentam cacho ereto ou semiereto: F6C1, F6C2 e F7C18 que apresentam frutos verdes e coração (inflorescência masculina) rosa; F6C7 e F8C6 que apresentam frutos de coloração roxo/ verde e coração rosa escuro intenso; F7C1 que apresenta frutos de coloração verde e coração laranja-rosado intenso; F7C16 que apresenta frutos de coloração roxo e coração rosa escuro intenso; e F10C3 que apresenta frutos de coloração verde e coração branco. O plantio foi realizado em dezembro de 2017 em vasos com capacidade para 16 litros (16 L) e 32 litros (32 L) de substrato, e mantidos a pleno sol. As plantas foram adubadas com esterco e posteriormente foi realizada adubação foliar. As avaliações foram realizadas quando as plantas floresceram. A maioria dos genótipos cultivados em vaso 32 L apresentou florescimento mais precoce, sendo que os híbridos o F6C1 e o F6C2 foram os mais precoces, florescendo com 119 e 127 dias após o plantio, respectivamente. Os híbridos F7C1 e o F8C6 foram os mais tardios, com 185 e 172 dias após o plantio em vasos 32 L, respectivamente. Quando se utilizou vasos 16 L foi observada uma tendência a apresentar florescimento mais tardio, com exceção do F6C2. Além disso, obteve-se um número menor de perfilhos no vaso 16 L que no vaso 32 L. O híbrido F10C3 (coração branco) não floresceu em vaso mesmo após 250 dias do plantio, apresentando desenvolvimento lento e reduzido número de perfilhos. Para as demais características avaliadas (altura da planta, características dos frutos e da inflorescência masculina) não houve diferença significativa em decorrência do tamanho do vaso.

Palavras-chave: *Musa* spp.; caracterização morfológica; tamanho de vaso.

Agradecimento: Ao CNPq pelo apoio financeiro, Processo: 460893/2014-9.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CULTIVO IN VITRO DE ANTERAS DE COQUEIRO

Daniel Moraes Ramos^{1*}; Honório Diógenes Nogueira Neto²; Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho³

¹Universidade Estadual do Ceará. ²Universidade Federal do Ceará. ³Embrapa Agroindústria Tropical. *danielmoraesramos01@gmail.com.

O coqueiro (*Cocos nucifera* L.) tem amplo uso na alimentação humana e na indústria, e enorme importância econômica e social no Brasil. A variedade Gigante representa cerca de 70% da área de cultivo. Devido às características morfológico-anatômicas com ausência de meristemas axilares, a propagação in vitro é a única forma de clonagem. A produção de di-haploide é uma alternativa para reduzir o tempo de obtenção de linhagens homozigotas, no entanto, a eficiência desse método ainda é muito baixa em diferentes acessos, dentro dos bancos de germoplasma de coqueiro. Dentre as técnicas da cultura de tecidos, a de anteras é uma via para obtenção de plantas haploides. Sendo assim, objetivou-se com esse trabalho avaliar diferentes temperaturas de pré-tratamento para o cultivo in vitro de anteras de coqueiro da variedade Gigante do Brasil da Praia do Forte (GBrPF). Como explantes foram utilizadas anteras, coletadas de flores masculinas em estágios de botão, provenientes de inflorescências recém-abertas de plantas oriundas de cultivo comercial da empresa Cohibra, município de Amontada, Ceará. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, sendo os tratamentos diferentes temperaturas de armazenamento das flores masculinas, durante 7 dias: T1: 40°C (estufa), T2: 30°C (temperatura ambiente), T3: 25°C (câmara de crescimento), T4: 10°C (câmara fria) e T5: 5°C (geladeira). Após o armazenamento das flores masculinas em diferentes temperaturas, elas foram desinfestadas em solução de hipoclorito de sódio com 0,5% de cloro ativo durante 15 minutos, e posteriormente lavadas três vezes com água destilada autoclavada. Após a desinfestação, foram abertas e as anteras excisadas. Foram inoculadas duas anteras por tubo de ensaio contendo 10 mL do meio de cultura MS + 10 µM de 2,4D, totalizando 60 anteras por tratamento. As culturas foram mantidas em sala de crescimento com temperatura de 25 ± 1°C, sob condições de escuro. Após 60 dias de inoculação, foram avaliadas as porcentagens de anteras contaminadas e que formaram calos. Os maiores índices de contaminação, 26,7% e 60,0% e menores de formação de calos, 0% e 20%, foram registrados nas anteras submetidas aos pré-tratamentos de maior temperatura, 40°C e 30°C, respectivamente. As anteras mantidas na câmara fria, a 10°C, não apresentaram contaminação e 83% formaram calos após dois meses de cultivo in vitro. Conclui-se que para a maior indução de calos em anteras de coqueiro GBrPF, as flores masculinas devem ser armazenadas a 10°C, durante uma semana, antes de serem inoculadas in vitro.

Palavras-chave: anteras; di-haploide; *Cocos nucifera* L.

Agradecimentos: Embrapa e Cohibra.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

CULTURA *IN VITRO* DE ANTERAS DE TRÊS VARIEDADES DE MELOEIRO

Honório Nogueira Diógenes Neto^{1*}; Daniel Moraes Ramos²; Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho³

¹Universidade Federal do Ceará. ²Universidade Estadual do Ceará. ³Embrapa Agroindústria Tropical. *nogueiraneto_@hotmail.com

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das hortaliças mais comercializadas no mundo. No Brasil, a região Nordeste responde por mais de 95% da produção nacional, com destaque para os estados do CE e RN. Para obtenção de linhagens homozigotas, pelos métodos tradicionais de melhoramento, são necessários até oito ciclos da cultura, enquanto que por técnicas biotecnológicas apenas uma etapa é necessária. Dentre esses métodos, a cultura de antera é uma das principais fontes na obtenção de plantas haploides e di-haploides de acessos identificados com características de interesse, dentro dos bancos de germoplasma. O trabalho teve como objetivo avaliar o percentual de formação de calos no cultivo *in vitro* de anteras das três principais variedades botânicas comercializadas no Brasil (var. *inodorus*, var. *cantalupensis* e var. *reticulatus*). Foram utilizados como explantes, anteras excisadas de flores masculinas em estágio de pré-antese, coletadas de plantas mantidas em casa de vegetação. As flores foram desinfestadas em solução de álcool 70% por 1 minuto, a seguir em solução de hipoclorito de sódio com 5% de cloro ativo contendo duas gotas de Tween 20 por 100 mL de solução, por 15 minutos, e posteriormente lavadas três vezes em água destilada autoclavada, com 1 minuto cada. A seguir as flores foram abertas e as anteras excisadas, partidas ao meio e inoculadas em tubos de ensaio, contendo 10 mL de meio de cultura, sendo uma antera por tubo. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, sendo os tratamentos: T1: MS sem a adição de reguladores de crescimento; T2: MS + 1,0 µM de BAP + 2,0 µM de 2,4-D; T3: MS + 0,88 µM de BAP + 3,22 µM de ANA e T4: MS + 2,26 µM de 2,4-D + 4,44 µM de BAP + 4,64 µM de KIN, com 25 repetições/tratamento/variedade. As culturas foram mantidas em sala de crescimento a 25 ± 1°C, fotoperíodo de 16 horas de luz e intensidade luminosa de 30 µmolar.m⁻².s⁻¹. Após 30 dias as anteras foram avaliadas quanto à contaminação e formação de calos. A contaminação foi de apenas 2%, indicando que o processo de desinfestação utilizado foi adequado. Não houve formação de calos nas anteras cultivadas no tratamento T1 nas três variedades. Nos outros tratamentos, a porcentagem de formação de calos foi superior a 84%, alcançando 100% para a var. *inodorus* nos tratamentos 2 e 4, var. *cantalupensis* nos tratamentos 3 e 4 e var. *reticulatus* no tratamento 2. Conclui-se que para a formação de calos, nas anteras dessas três variedades de meloeiro, é necessária a adição de reguladores de crescimento ao meio MS.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; cultura de tecidos; melhoramento genético.

Agradecimentos: Embrapa.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DESINFESTAÇÃO *IN VITRO* DE FLORES MASCULINAS DE MELOEIRO

Alexya Vitoria Felix Carvalho^{1*}; Frederico Inácio Costa de Oliveira¹; Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho²; Fernando Antonio Souza de Aragão².

¹Universidade Federal do Ceará. ²Embrapa Agroindústria Tropical.

*alexycarvalho2@gmail.com

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma hortaliça de relevância mundial. Nos programas de melhoramento da cultura são necessários até oito ciclos para produção de linhagens a partir de acessos com características de interesse. A produção de di-haploide é uma alternativa para reduzir o tempo de obtenção dessas linhagens, embora sua eficiência ainda seja muito baixa em meloeiro. A cultura de anteras é uma via para obtenção de plantas haploides. Apesar disso, a contaminação por microrganismos é um dos entraves da cultura *in vitro*. Objetivou-se com esse trabalho obter um protocolo de desinfestação de flores masculinas de meloeiro. As anteras foram coletadas de flores masculinas em pré-antese e antese, de plantas cultivadas em casa de vegetação. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado em esquema fatorial 2 x 4. Sendo dois estágios da flor masculina e quatro desinfestações: 1. Álcool 70% (1 min) + hipoclorito de sódio (NaClO) com 0,1% de cloro ativo; 2. Álcool 70% (2 min) + NaClO com 0,2% de cloro ativo; 3. Álcool 70% (3 min) + NaClO com 0,3% de cloro ativo e 4. Álcool 70% (4 min) + NaClO com 0,4% de cloro ativo. As flores permaneceram por 7,5 minutos em solução de NaClO sendo lavadas três vezes com água destilada autoclavada totalizando 8 tratamentos, com 30 repetições cada. Após a desinfestação, as anteras foram retiradas das flores e colocadas individualmente em tubos de ensaio com 10 mL do meio MS. As culturas foram mantidas em sala de crescimento a 25 ± 1°C e 16 horas de luz. Após 30 dias, foi avaliada a porcentagem de contaminação. Os dados foram submetidos ao teste de Kruskal-Wallis. Tanto os fatores quanto a interação entre eles foram significativos. Nas flores em antese, os menores índices de contaminação foram verificados nos procedimentos 3 e 4. Já para as flores em pré-antese, não houve diferença entre os índices de contaminação nos procedimentos usados. Comparando-se os diferentes estágios das flores, houve diferença apenas nas desinfestações 1 e 2, com os menores índices de contaminação em flores em pré-antese. Esses menores índices de contaminação são provavelmente devido às flores estarem ainda fechadas não expondo as anteras ao meio externo. Verificou-se, durante o processo de desinfestação das flores em estágio de antese, perda de pólen em consequência da deiscência das anteras. Concluindo-se que anteras, do híbrido de meloeiro Amarelo Goldex, oriundas de flores em pré-antese são mais adequadas e a desinfestação recomendada é a 1ª, por apresentar menor tempo de exposição ao álcool 70% e menor concentração de cloro ativo.

Palavras-chave: anteras; Di-haploide; *Cucumis melo*.

Agradecimentos: CNPq e EMBRAPA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIFERENTES METÓDOS DE ESTIMAÇÃO DE COMPONENTES DE VARIÂNCIA EM VARIEDADES CRIOULA DE MILHO

Yrle da Rocha Fontinele^{1*}; Vanderley Santos Borges¹; Marilene Santos de Lima¹;
Moacir Haverroth²; Almecina Balbino Ferreira¹; Suzy Anne de Araújo Silva¹

¹Universidade Federal do Acre. ²Embrapa Acre. *yrlerocha@gmail.com

O melhoramento vegetal está em função da genética, do ambiente e da interação genética x ambiente, logo é importante ressaltar que o melhoramento de plantas é uma estratégia para aumentar a produção de alimentos, em relação à adaptação da planta ao ambiente e não do ambiente à planta e, com isso aumentar o potencial produtivo de espécies cultivadas. Portanto, é necessário estudo para que se conheça a variabilidade genética de milho crioulo, para viabilizar o seu uso futuro e originar populações com ganhos genéticos significativos, utilizados em programas de melhoramentos. Este trabalho objetivou-se estimar diferentes métodos de componentes de variância em variedades de milho crioulo. Foram utilizadas três variedades de milho do tipo duro “Nawa Sheki” e uma do tipo massa “Sheki Kui”, para obter informações dos genes e estabelecer embasamentos para a escolha dos métodos de melhoramento mais adequados. A seleção foi aplicada em altura de plantas (AP), altura da inserção de espigas (AIE) e diâmetro da espiga (DE). O experimento foi instalado na área da Universidade Federal do Acre. A semeadura foi realizada no dia 09 de novembro de 2017 e a colheita no dia 03 de março de 2018. O delineamento experimental foi o em blocos casualizados com cinco repetições. Os tratamentos foram constituídos por quatro genótipos de milho oriundos da aldeia indígena Kaxinawa do Vale do Juruá - Acre. A parcela experimental foi constituída por duas fileiras de 5 m de comprimento, com espaçamento de 1 m entre linhas e 0,50 m entre plantas. Utilizou-se o programa GENES para estimar os parâmetros genéticos, procedimento aplicado ao estudo da diversidade genética com base em informações fenotípicas. As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas empregando os métodos da Análise de Variância (ANAVA), *Máxima Verossimilhança (ML)*, *Máxima Verossimilhança Restrita (REML)* e o *Estimador Quadrático Não Viesado de variância mínima (MIVQUE)*. Dos quatro métodos aplicados, os que apresentaram valores similares ($p > 0,05$) foram: ANAVA, REML e o MIVQUE, cujos resultados ficaram entre 0,081 a 3,862. Por outro lado, O ML apresentou diferença significativa ($p < 0,05$) nas variáveis avaliadas, ficando entre 0,065 a 3,09. Para as características estudadas, o método ML não é confiável para estimar os componentes de variâncias para a cultura do milho.

Palavras-chave: milho tradicional; melhoramento genético; parâmetros genéticos.

Agradecimentos: CAPES pelo apoio financeiro.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DE FIBRA BRANCA

Lírian França Oliveira^{1*}; Maryanne Dantas Bernardes¹; Marley Aparecida Sousa Leite¹; Maria Eduarda Ribeiro Reis¹; Leticia Rodrigues Guedes¹; Lucas Gonçalves Batista¹.

¹Graduandos em Agronomia - Universidade Federal de Uberlândia/Uberlândia-MG/Brasil.

*lirian.franca@yahoo.com.br

Em um programa de melhoramento é muito importante conhecer as diferenças em constituições genéticas dentro de grupos ou entre grupos de genótipos, pois para obter indivíduos superiores é preciso selecionar genitores divergentes geneticamente, a fim de produzir progênies de maior heterose. A análise multivariada e análise de agrupamento são técnicas utilizadas no estudo de dissimilaridade genética. O objetivo do trabalho foi avaliar a dissimilaridade dos genótipos de algodoeiro de fibra branca, com a finalidade de identificar as combinações mais promissoras. O ensaio foi realizado na safra agrícola 2015/2016, em Uberlândia, Minas Gerais. Foram avaliados 19 genótipos de algodoeiro de fibra branca do Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG), da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) (B, P, R, G, Z, L, F, K, N, E, H, D, T, J, M, S, A, OB e C), e duas testemunhas comerciais (DP-555 e FM-966). O delineamento foi em blocos casualizados (DBC), com quatro repetições, e a parcela experimental constituiu-se por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas de um metro entre si. Foram avaliados quinze parâmetros morfológicos: altura de plantas no florescimento e em maturidade plena, número de capulhos, clorofila A, B e clorofila total, número de botões florais, número de nós, número de ramos reprodutivos, área foliar, peso de trinta capulhos, produtividade de algodão em caroço, de pluma e sementes, rendimento de fibra, empregando-se análise multivariada (matriz de Mahalanobis) e realizando o agrupamento pelo método UPGMA. O agrupamento dos genótipos revelou onze grupos, a partir da linha de corte a 40%, o grupo 1 inclui as cultivares B, P, R, G, Z, L, F; o grupo 2, apenas K; o grupo 3, apenas N; o grupo 4, E, H, D, T; o grupo 5, apenas J; o grupo 6, apenas M; o grupo 7, FM-966 e S; o grupo 8, somente A; o grupo 9, apenas DP-555; o grupo 10, apenas OB e o grupo 11, somente C. Considerando-se as análises dos agrupamentos, verificou-se que há divergência entre os genótipos alocados em cada grupo, ou seja, é possível realizar cruzamentos intergrupos a fim de garantir a heterose nas progênies.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*; dissimilaridade; combinações.

Agradecimento: FAPEMIG e AMIPA



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E POTENCIAL BIOTÉCNICO DE HÍBRIDOS DE PINHÃO-MANSO PARA USO EM BIOENGENHARIA DE SOLOS

Lucas Alexandre dos Santos Rocha^{1*}; Olavo José Marques Ferreira¹; Renata Silva-Mann¹; Francisco Sandro Rodrigues Holanda¹; José Antônio Dos Santos Gomes¹

¹Universidade Federal de Sergipe, Campus São Cristóvão, Cidade Univ. Prof. José Aloísio de Campos, São Cristóvão/SE. *lucas1404_2411@outlook.com.

A bioengenharia de solos pode ser apresentada como a integração dos conhecimentos de engenharia civil, agrônômica e a biologia para estabilizar camadas de taludes marginais visando conservação do solo. A espécie vegetal a ser usada na proteção de taludes deve apresentar potencial relacionado à propagação e enraizamento para boa estabilização dos solos. Uma das espécies que tem sido sugerida para este uso é o pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.), que ocorre em regiões tropicais. Além da sua rusticidade, fácil adaptação, propagação, alta resistência a pragas e doenças e rápido crescimento pode ser cultivado em locais de baixa precipitação, solos degradados e de baixa fertilidade. Assim, se propôs caracterizar o desenvolvimento de híbridos por meio de estacas e avaliar o potencial biotécnico para uso em bioengenharia de solos. O experimento foi conduzido em casa de vegetação utilizando o delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial de 3x10x3, sendo três épocas de avaliações, dez híbridos e três repetições. As variáveis analisadas foram a taxa de sobrevivência, número de brotações, número de folhas, número de raízes, comprimento médio de raízes, volume de raízes e índice de qualidade de Dickson aos 30, 60 e 90 dias após o estaqueamento. Para distinção dos híbridos também se analisou a divergência genética por meio da distância de Mahalanobis. Os híbridos apresentaram alta taxa de sobrevivência para as condições ambientais, desenvolvendo grande volume de raízes finas. Os dez híbridos avaliados foram agrupados de acordo com as semelhanças biotécnicas em três grupos. Os caracteres que mais contribuíram para a divergência entre os híbridos foram o número de folhas e comprimento médio de raízes; e os que menos contribuíram foram a relação entre diâmetro do colo e número de raízes. O híbrido JCUFS03xJCUFS8 apresentou o menor desenvolvimento. Híbridos que apresentaram o melhor índice de qualidade de Dickinson foram os JCUFS01xJCUFS13 e JCUFS04xJCUFS05.

Palavras-Chave: *Jatropha curcas*, estacas, estabilidade de declive.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES F₂ DE FEIJÃO-FAVA

Ana Carolina Holanda Nunes^{1*}; Raimunda Vieira de Pinho¹; Kenne Warley dos Santos Rocha; Leonardo Castelo Branco Carvalho¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *anacarolina_2165@hotmail.com

Em um programa de melhoramento é de grande valia o conhecimento da divergência genética entre os acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG), a fim de identificar genitores contrastantes para compor os programas de cruzamentos e consequente obtenção de genótipos superiores. Assim, objetivou-se estudar a variabilidade de populações na geração F₂ de feijão-fava obtidos do cruzamento de acessos oriundos do Brasil, México e Estados Unidos por meio da caracterização morfológica para precocidade, porte determinado e cor da semente. Os 15 híbridos foram avaliados em telado, utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado, com dez repetições. Foram realizadas análises multivariadas com base em 32 caracteres qualitativos. Os descritores de planta foram: cor do hipocótilo, marcas transparentes ao longo das nervuras nas primeiras folhas, comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida, forma do folíolo, orientação dos ramos, pigmentação do caule principal, cor da nervura das folhas, antocianina nas folhas, pilosidade da folha, hábito de crescimento, ramificação, persistência das folhas, número de nós por cacho, tamanho do botão floral, cor do estandarte, pilosidade do estandarte, abertura das asas, posição do cacho, pubescência da vagem, posição das vagens em relação aos cachos, orientação das vagens em relação aos cachos, deiscência da vagem e cor da flor; os descritores de vagem: pubescência, curvatura, cor e forma do ápice; e de semente: cor de fundo, cor padrão, segunda cor padrão e padrão do tegumento, baseado no Biodiversity International. As estimativas da dissimilaridade foram obtidas pela distância de Gower e a formação dos grupos pelos métodos de Tocher e UPGMA. O método de Tocher revelou a formação de seis grupos: Grupo I- H 15, H 20, H 53; Grupo II- H 25, H 46, H 50, H 86; Grupo III- H 81, H 94; Grupo IV- H 56, H 90; Grupo V- H 39, H 72; Grupo VI- H 68, H 93. O método UPGMA formou também seis grupos similares ao Tocher, mostrando a eficiência dos agrupamentos. Portanto, a formação dos grupos de diversidade dará suporte para seleção dos híbridos para avanço de gerações, bem como auxiliará o direcionamento da conservação do germoplasma de feijão-fava e utilização do melhoramento genético em feijão-fava.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; caracteres morfoagronômicos; variabilidade genética.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), e à Universidade Federal do Piauí pela concessão de bolsa de Iniciação Científica.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO PELO AGRUPAMENTO DE TOCHER

Daniela Valiati^{1*}; Athos Gabriel G. Nascimento¹; Gabriel Amaral Alves¹; Flávio José C. Júnior¹; Gabriela Celestino Gomes¹; Gabriela Santana de Souza¹

¹Universidade Federal de Uberlândia. *danielavagro@gmail.com

Nos programas de melhoramento genético de plantas, a utilização da distância genética com base em características morfológicas, representa uma ferramenta auxiliar, uma vez que é utilizada na caracterização, conservação e utilização dos materiais genéticos. Dessa forma é possível selecionar genitores com maiores níveis de heterose para efeitos de cruzamentos e hibridação. O trabalho teve como objetivo selecionar genótipos para possíveis hibridações de acordo com suas distâncias genéticas conforme o agrupamento de otimização de Tocher. O experimento foi realizado na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) no ano agrícola 2015-16, sob regime de sequeiro. Foram avaliados 19 genótipos de algodoeiro de fibra branca do Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG), da UFU, sendo eles: UFUJP-A, UFUJP-B, UFUJP-C, UFUJP-D, UFUJP-E, UFUJP-F, UFUJP-G, UFUJP-H, UFUJP-J, UFUJP-K, UFUJP-L, UFUJP-M, UFUJP-N, UFUJP-P, UFUJP-R, UFUJP-S, UFUJP-T, UFUJP-OB, UFUJP-Z, e duas testemunhas comerciais: DP-555 e FM- 966. O delineamento foi em blocos casualizados (DBC), com quatro repetições, e a parcela experimental constituiu-se por cinco linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas de um metro entre si, sendo a área útil as três linhas centrais, desprezando 0,5 metros de cada extremidade. Foram feitas as seguintes avaliações morfológicas: altura da planta; número de nós, botões florais, flores, maçãs e capulhos; diâmetro de caule; área foliar e clorofila a e b (medida pelo aparelho clorofilog). Os dados foram submetidos à análise de variância, posteriormente foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e com base na matriz de distância genética, foi empregado o método de agrupamento de Tocher, através do programa GENES. Houve a formação de seis grupos, mostrando a existência de dissimilaridade e confirmando a divergência genética entre os genótipos. O primeiro grupo possuiu 14 acessos: UFUJP-B UFUJP-P UFUJP-R UFUJP-Z UFUJP-H UFUJP-E UFUJP-G UFUJP-L UFUJP-K FM-966 UFUJP-F UFUJP-N UFUJP-T UFUJP-D. Para obter maior nível de heterose em possíveis hibridações, recomenda-se o cruzamento de indivíduos do grupo 1 com genótipos do grupo 5 (UFUJP-C) ou 6 (UFUJP-OB).

Palavras-chave: melhoramento genético; hibridação; dissimilaridade.

Agradecimentos: FAPEMIG, AMIPA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE FEIJÃO-CAUPI COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS

Anna Flávia de Sousa Lopes¹; Maurisrael de Moura Rocha^{2*}; Kaesel Jackson Damasceno e Silva²; Walter Frazão Lelis de Aragão¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Embrapa Meio-Norte. *maurisrael.rocha@embrapa.br

O feijão-caupi é uma cultura de grande importância socioeconômica no Brasil, o qual ocupa a terceira colocação mundial em termos de área e produção. É uma espécie que apresenta variabilidade para inúmeros caracteres agronômicos, o que possibilita o melhoramento visando o desenvolvimento de cultivares superiores. Na etapa de seleção de parentais e realização de cruzamentos, aqueles devem apresentar média favorável para o caráter mas ao mesmo tempo devem ser divergentes para que seja possível selecionar na progênie, indivíduos segregantes transgressivos. Assim, este trabalho objetivou avaliar a dissimilaridade genética entre 24 cultivares de feijão-caupi com base em seis variáveis quantitativas e determinar grupos de recombinação para o melhoramento. Foi conduzido um experimento em blocos ao acaso, com duas repetições, em condições de telado de vidro nas instalações da Embrapa Meio-Norte, em Teresina-PI, no ano de 2017. Realizaram-se análises de variâncias e com base nas médias foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis. O agrupamento foi realizado com base na ligação média entre grupo (UPGMA) e Tocher. Com base nas distâncias de Mahalanobis, as cultivares mais dissimilares foram 20 (BRS Carijó) e 23 (Inhuma) e as mais similares, 1 (Sempre Verde) e 17 (BRS Itaim). A produtividade de grãos foi o caráter que mais contribuiu para a divergência dos genótipos, seguido do peso de 100 grãos e do comprimento de vagem. Segundo o agrupamento proposto pelo método UPGMA, os genótipos foram separados em quatro grupos: G1 (1, 3, 5, 9, 13, 17 e 21), G2 (7, 11, 15, 19 e 23), G3 (2, 4, 6, 10, 11, 18 e 22) e G4 (4, 8, 12, 16 e 24). Com base nos resultados do agrupamento de Tocher, os genótipos foram alocados em quatro grupos: G1 (3, 7, 8, 9, 10, 13, 14, 16, 17, 20 e 22), G2 (1, 2, 4, 5, 6, 11, 15, 19, 23 e 24), G3 (12) e G4 (18). Observou-se falta de consenso entre os agrupamentos proporcionados pelos métodos UPGMA e Tocher. Com base nos resultados obtidos, recomenda-se evitar o cruzamento entre os genótipos dentro de grupos e somente entre grupos, priorizando os mais divergentes, aliando divergência genética e boas características agronômicas.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; pré-melhoramento; dissimilaridade genética.

Agradecimentos: UFPI, Embrapa Meio-Norte e CNPq.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE HÍBRIDOS DE MELÃO AMARELO

Karmita Thainá Corrêia Ferreira¹; Francisco Leandro Costa Loureiro¹; Érica dos Santos Barreto^{1*}; Carla Caroline Alves Pereira¹; Antônia Eliziana Augusta da Silva¹; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *ericasb13@hotmail.com

O meloeiro (*Cucumis melo* L) é uma das principais cucurbitáceas cultivadas no mundo. Dentro das variedades ou grupos botânicos, os tipos de melão comercializados no Brasil são: Amarelo, Honey Dew, Pele de sapo, Cantaloupe, Gália e Charentais. O melão do tipo amarelo é o mais produzido pelo polo agrícola Jaguaribe-Assu. Os estudos de divergência genética são de grande importância em programas de melhoramento que envolvem hibridações, pois é possível identificar progenitores que em futuros cruzamentos possibilitem maior efeito heterótico. Essas informações auxiliam o melhorista na escolha das populações segregantes mais promissoras, bem como, da estratégia de seleção mais adequada, visando à obtenção de linhagens superiores. O presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre híbridos de melão amarelo. Foram avaliados sete híbridos de melão em experimento conduzido em blocos casualizado, com três repetições. A divergência genética foi estimada pela distância de Mahalanobis. Foi utilizado o método UPGMA para o agrupamento dos híbridos. A correlação cofenética foi 0,81 indicando qualidade no agrupamento UPGMA. Constatou-se divergência genética com a formação de quatro grupos. O primeiro grupo formado pelo híbrido HA-05; segundo grupo formado pelo híbrido HA-01; o terceiro grupo formado pelos híbridos HA-04 e HA-07, e o quarto grupo formado pelos híbridos HA-02, HA-03 e HA-06. As variáveis que mais contribuíram para a divergência foram produtividade (54,16%), diâmetro longitudinal (33,61%) e número de frutos por planta (9,58%), totalizando mais de 97% da divergência. Sugere-se cruzamento entre o híbrido H-05 com os demais; do híbrido HA-01 com os demais e entre os híbridos HA-02 e HA-04.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; escolha de genitores; distância de Mahalanobis.

Agradecimentos: CNPQ e UFERSA



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Campomanesia adamantium* (CAMBESS.) O. BERG. POR MEIO DE CARACTERES AGROMORFOLÓGICOS

Diego Cerveira de Souza^{1*}; Terezinha Aparecida Teixeira¹

¹ Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Instituto de Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia. *diegocerveira@hotmail.com.

O Cerrado é a savana mais rica do planeta em biodiversidade, possuindo muitas espécies com potencial para aproveitamento econômico, entre elas, a *Campomanesia adamantium* (Cambess.) O. Berg. (gabirobeira), cujos frutos podem ser consumidos *in natura* ou utilizados na produção de alimentos e bebidas. Entretanto, a alta variabilidade genética e a consequente produção heterogênea de frutos inviabilizam o plantio comercial da espécie, sendo necessário o desenvolvimento de genótipos superiores, que tenham alta produtividade e qualidade de frutos. Neste contexto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar a diversidade genética de duas populações naturais de *C. adamantium* através de caracteres agromorfológicos de interesse comercial, visando subsidiar a escolha de progenitores para futuros programas de melhoramento da espécie. Para tanto, foram avaliadas as principais características relacionadas à qualidade de frutos (massa média da matéria fresca dos frutos e da polpa, volume médio dos frutos, diâmetro dos frutos e teor de polpa) e à produtividade de plantios comerciais de fruteiras (altura da planta e diâmetro da copa) de 110 indivíduos em fase produtiva em duas áreas naturais do Cerrado, nos municípios de Patrocínio e Lagoa Formosa/MG. Os dados obtidos foram utilizados para estimar a diversidade genética entre os indivíduos por meio da Distância Euclidiana Média. Com base na matriz de dissimilaridade, os indivíduos foram agrupados através do método da ligação média entre os grupos – UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average). A determinação do número de grupos foi feita utilizando-se o método de Mojena, sendo considerado $k = 1,25$ como regra de parada na definição de grupos, conforme sugerido por Milligan e Cooper. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES. Para as populações de Lagoa Formosa e Patrocínio os cortes nos dendrogramas ocorreram em pontos semelhantes, correspondentes a 80,97 e 80,53 % da distância máxima observada nos níveis de fusão, respectivamente, sendo formados 11 grupos na primeira e 9 na segunda população. O coeficiente de dissimilaridade médio obtido na população de Patrocínio (0,447) foi superior ao da população de Lagoa Formosa (0,357); porém, os indivíduos mais divergentes foram encontrados na população de Lagoa Formosa. Os resultados mostram que ambas as populações estudadas possuem alta variabilidade genética, apresentando genótipos com potencial para uso em programas de melhoramento da espécie.

Palavras-chave: gabirobeira; análise multivariada; pré-melhoramento.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERSIDADE GENÉTICA EM BANCO DE GERMOPLASMA DE ARROZ (*Oryza sativa*)

Diane Simon Rozzetto^{1*}; João Paulo Gomes Viana²; Maisa Curtolo¹; Emanuel Martins¹; José Balduino Pinheiro¹

¹Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ).

²Universidade Estadual de Campinas. *diane.sr@usp.br

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um cereal de grande importância no mundo todo. A cultura desempenha papel estratégico em questões de segurança alimentar, sendo base nutricional para grande parte da população. É uma das mais diversas espécies cultivadas, sendo capaz de adaptar-se a uma ampla gama de ambientes. O Departamento de Genética da ESALQ/USP possui um banco de germoplasma de arroz com aproximadamente 450 acessos, oriundos de diferentes instituições de pesquisa do Brasil e do mundo. Entre eles cerca de 190 acessos pertenciam ao Instituto de Arroz de Sequeiro do Japão, 140 são de origem Filipina e os demais são variedades crioulas e cultivares brasileiras. Tais acessos estão passando por uma extensa pesquisa científica com o intuito de obter informações a respeito de sua origem, diversidade e estruturação genética. Este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética em um painel contendo um total de 269 acessos pertencentes ao Banco de Germoplasma de Arroz do Departamento de Genética da ESALQ que foi genotipado com SNP's. A extração de DNA genômico, foi realizada a partir de folhas jovens, e sequenciado por meio da tecnologia de genotipagem DArTseq™. A Diversidade genética da população foi analisada por meio do pacote “hierfstat”, implementado no software R. A genotipagem dos 269 acessos utilizando o método de sequenciamento DArTseq, produziu aproximadamente 35.000 SNPs, após um processo de filtragem restaram 11.190 SNPs. O valor médio encontrado para heterozigosidade observada (H_o) foi de 0,293 e para a heterozigosidade esperada (H_s) foi de 0,277, o valor relacionado ao coeficiente de endogamia (F_{IS}) foi de 0,014 e de Riqueza Alélica (A_r) que refere-se ao número de alelos diferentes para uma mesma região do genoma, foi de 1,258. O Banco de Germoplasma de arroz da ESALQ/USP é uma potencial e importante fonte de acessos que podem ser incorporados aos programas de melhoramento, haja vista, o número de acessos e a diversidade genética existente.

Palavras-chave: DArTseq; segurança alimentar; pré-melhoramento.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pelo apoio financeiro no desenvolvimento das atividades.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERSIDADE GENÉTICA PARA DESCRITORES LIGADOS A PRODUÇÃO EM ACESSOS LOCAIS DE MILHO

Matheus Lima Oliveira^{1*}; Ana Kelly de Sousa Julião¹; Maryssol Torres Gadelha¹; Maria Valnice de Souza Silveira¹; Iara Paulino Cavalcante¹; Lucas Nunes da Luz¹

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Redenção-CE, Brasil. *mts.lima518@gmail.com

O milho (*Zea mays L.*) é de grande importância socioeconômica sendo cultivado em praticamente todo o mundo. No nordeste brasileiro a produção de milho assume papel fundamental na composição da renda das famílias, contudo, a baixa produtividade local é uma das marcas do seu cultivo na agricultura familiar da região. Diversos fatores contribuem para a baixa produtividade, entre eles, a adoção de híbridos e variedades comerciais melhoradas para regiões Sul/Sudeste aliada a falta de adoção de pacotes tecnológicos adequado para cada cultivar. Este trabalho objetivou selecionar populações crioulas divergentes e com alta aptidão para ao cultivo na região do maciço de Baturité para visando introduzi-las em um programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de uma variedade local. Seis variedades de milho consideradas crioulas foram cultivadas em regime de sequeiro, em condições agroecológicas, em Redenção/CE. Os acessos foram semeados em fileiras de 0,7m x 0,30m entre plantas, duas plantas por cova, em linhas de três metros, com dez repetições por acesso. Seis descritores foram tomados por ocasião da colheita: comprimento da espiga, diâmetro das espigas, peso da espiga cheia, peso do sabugo, número de linhas de grãos e número de grãos por linhas e peso médio de sementes por espiga. Os dados foram coletados em cinco espigas por parcela. E submetidos a análise de variância e comparação pelo teste de tukey à 5% de probabilidade. As médias foram submetidas a análise de diversidade genética por meio da distância euclidiana média e a matriz de distância agrupada por agrupamento UPGMA. Dois grupos distintos foram formados, um deles, formado pelo acesso Redenção 1 e outro grupo pelos acessos Redenção 2, Barreira 1 e 2, Itapiúna e Capistrano. O agrupamento teve correlação cofenética de 0.95 apresentando coerência entre matriz real e a de agrupamento. Os acessos Barreira 1 e 2 foram os mais similares indicando poucos ganhos na seleção de famílias dentro destas populações. Barreira 1 e Redenção 1 foram as populações mais divergentes. Quanto as médias de produção Redenção 1 foi superior as demais no peso médio de sementes. Com base nos dados de produção e na análise de agrupamento, os acessos Barreira 2, Redenção 2 e Itapiúna serão descartadas e não contribuirão com a formação de famílias para seleção recorrente. Redenção 1, Capistrano e Barreira 1, contribuirão com 45%, 30% e 25% das 80 famílias selecionadas para formação da população de ciclo 1 da seleção recorrente proposta.

Palavras-chave: *Zea mays L.*; semente crioula; variedade.

Agradecimentos: à UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DIVERSIDADE GENÉTICA VIA DESCRITORES MORFOLÓGICOS EM ACESSO DE AMENDOIM

Maryssol Torres Gadelha^{1*}; Ana Kelly de Sousa Julião¹; Matheus Lima Oliveira¹; Carlos Eduardo Duarte da Silva¹; Samuel Felipe Azevedo de Oliveira Castro¹; Lucas Nunes da Luz¹

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Desenvolvimento Rural. *maryssoltorres@gmail.com

O amendoim (*Arachis hypogaea* L) é uma cultura agrícola de ampla aceitação no mercado brasileiro. Os grãos são usados na alimentação *in natura*, produção de óleo, composição de doces e pastas para confeitaria e mais recentemente tem-se evidenciado no mercado brasileiro um aumento do consumo da manteiga de amendoim. As diferentes possibilidades de uso levam a necessidade de cultivares que atendam os detalhes de cada setor no processo de industrialização do amendoim. Neste trabalho, buscou-se avaliar 50 acessos de amendoim por meio de descritores morfológicos com vistas a identificar acessos com caracteres fenotípicos de interesse para a produção de grãos. O experimento foi realizado na Fazenda Experimental Piroás em Redenção/CE, em blocos casualizados, com três repetições. As plantas foram espaçadas em 0,4 x 0,7m e cultivadas em regime de sequeiro. Dez descritores foram avaliados por ocasião da colheita, em média 90 dias após o plantio: ponta, estrangulamento e reticulação da vargem, número de sementes por vargem, número de ramos primários e secundários, comprimento e largura da vargem e comprimento e largura da semente. Os dados de escala foram convertidos em função da anova. Os dados de comprimento e largura avaliados quanto a normalidade e as médias estimadas. A dissimilaridade genética foi estimada pela distância de Gower e a matriz de dissimilaridade agrupado pelo método UPGMA. A matriz de agrupamento apresentou correlação cofenética de 0,745; demonstrando o ajuste dos dados. Foram formados seis grupos com base nos descritores avaliados. O grupo 1 (13 acessos), grupo 2 (33 acessos), grupo 3 (2 acessos) e grupo 4 (UNILAB 138) e o grupo 5 (UNILAB 107). Acredita-se que o estabelecimento dos grupos com base exclusiva nos dados morfológicos não foi tão efetivo na discriminação dos acessos, pois, dentro dos grupos formados há considerável variabilidade. Para identificar genótipos com vistas a obter populações segregantes, é recomendado aliar dados morfológicos e quantitativos.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L.; germoplasma; caracterização.

Agradecimentos: à UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

DUPLICAÇÃO DE CROMOSSOMOS COMO FERRAMENTA AUXILIAR NO MELHORAMENTO RECONSTITUTIVO EM BANANEIRA

Janay Almeida dos Santos-Serejo¹; Edson Perito Amorim¹; Viviane Peixoto Borges²; Cristina Ferreira Nepomuceno²; Ila Adriane Maciel de Faro²; Fabiana Ferraz Aud^{1*}

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura. ²Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.

*fabiana.aud@embrapa.br

A indução *in vitro* de duplicação cromossômica tem sido estratégia utilizada para a geração de autotetraploides de bananeira que, mediante cruzamentos com diploides melhorados, dão origem a triploides secundários com características de interesse. Estudos mostram que diploides selvagens de bananeira participaram da constituição de cultivares triploides comestíveis que se encontram no mercado, a exemplo das cultivares Prata, Maçã, Grande Naine e plátanos. Assim, esse estudo tem como objetivo a geração de autotetraploides a partir de diploide selvagem que faz parte da constituição das cultivares do tipo Terra para utilização no melhoramento reconstitutivo. Ápices caulinares do diploide selvagem Mambee Thu (*Musa acuminata* ssp. *banksii*,) foram submetidos a tratamentos com Amiprofos-metil (APM): 10, 40 e 60 μM e Colchicina (COL): 1,25 e 2,5 mM. Os ápices caulinares (16 por tratamento) foram imersos em meio de cultura líquido acrescido dos antimetabólitos, durante 24 horas sob agitação mecânica a 120 rpm. Em seguida foram lavados em água estéril por 24 horas e estabelecidos *in vitro* em meio de cultura MS suplementado com 2,5 mg L⁻¹ de 6-benzilaminopurina. Foram realizados três subcultivos para cada ápice em todos os tratamentos e as 1573 plantas resultantes foram analisadas por citometria de fluxo. As amostras foram preparadas utilizando suspensões nucleares em tampão LB01 com padrão interno *Citrus sinensis* (2C = 0,745 pg). O citômetro de fluxo Attune® (Life Technologies) foi utilizado para medir a fluorescência de núcleos corados com iodeto de propídeo, contabilizando no mínimo 10 mil eventos. Os ápices tratados com Colchicina apresentaram maiores taxas de duplicação com a geração de 16,61% de plantas tetraploides na concentração de 1,25 mM. Quando se elevou a concentração de colchicina para 2,5 mM, o número de plantas obtidas foi menor em relação à concentração de 1,25 mM e a porcentagem de plantas autotetraploides foi de 6,17%, indicando que pode ter ocorrido um efeito tóxico do antimetabólito. Plantas mixoploides, contendo células diploides e tetraploides, ocorreram na frequência de 19,76% e 16,61% para as concentrações de 1,25 mM e 2,5 mM, respectivamente. Para esse diploide de bananeira não é recomendável o uso do antimetabólito APM para a duplicação cromossômica *in vitro* já que a obtenção de tetraploides foi inferior a 3% para as concentrações de 40 e 60 μM e zero para a concentração de 10 μM . A obtenção de mixoploides também foi inferior a 9% para as concentrações de 40 e 60 μM e zero para a concentração de 10 μM .

Palavras-chave: *Musa acuminata*; colchicina; citometria de fluxo.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA DE *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. A PARTIR DE INFLORESCÊNCIAS IMATURAS

Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso^{1*}; Jonny Everson Scherwinski-Pereira²

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

*inaemarie@hotmail.com

A gueroa (*Syagrus oleracea*), é uma palmeira que se reproduz exclusivamente via sementes, com processo germinativo lento e heterogêneo. A fim de propiciar condições para o desenvolvimento de trabalhos futuros de melhoramento genético da espécie, é de significativa importância o desenvolvimento de métodos eficientes de propagação. Nesse contexto, a embriogênese somática (ES) surge como uma das únicas alternativas à propagação clonal da espécie. Assim, objetivou-se desenvolver um protocolo para ES a partir de inflorescências imaturas de gueroa. Espatas com inflorescências imaturas coletadas de uma matriz adulta foram classificadas em três intervalos de tamanho, conforme seu comprimento: estágio I (de 6 a 17 cm), estágio II (de 21,5 a 35 cm) e estágio III (41,5 cm). As ráquias oriundas das espatas foram seccionadas e inoculadas em meio de MS, acrescido de Picloram e 2,4-D isoladamente, em quatro concentrações cada (0, 225, 450 e 675 μM), além de 30 g.L^{-1} de sacarose, 0,2 g.L^{-1} de glutamina e de cisteína e 2,5 g.L^{-1} de carvão ativado, onde permaneceram por 240 dias em escuro. Para diferenciação de embriões somáticos, as concentrações das auxinas foram gradativamente reduzidas (2,26; 0,45; 0,045 μM) e os explantes mantidos em escuro. Para regeneração de plantas, os embriões somáticos obtidos foram inoculados em $\frac{1}{2}$ MS, sem reguladores de crescimento, com 1,5 g.L^{-1} de carvão ativado e transferidos para condição de luz (luminosidade de 50 $\mu\text{m.m}^{-2}.\text{s}^{-1}$ e fotoperíodo de 16 horas). Os subcultivos foram realizados mensalmente e o número de embriões somáticos foi contabilizado aos 150 dias em meio de diferenciação. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado em fatorial (estádios x auxinas x concentrações), totalizando 24 tratamentos (cada tratamento com 6 repetições com 5 explantes). Aos 30 dias em meio de diferenciação, observou-se o desenvolvimento de estruturas globulares e translúcidas, caracterizando embriões somáticos em fase semelhante a globular. A interação tripla não foi significativa, verificando-se somente diferenças entre os estádios de desenvolvimento testados, com destaque para estágio I que proporcionou um total de 97 embriões somáticos. Esse resultado confirma a efetividade da utilização de tecidos mais meristemáticos na ES de gueroa. O processo de ES foi relativamente lento (510 dias), assincrônico e marcado por anormalidades, como a fusão de embriões somáticos. Hipotetiza-se que a regeneração foi limitada em função da ocorrência de fusão e de germinação precoce, o que realça a necessidade da otimização futura de fases do processo, como a de maturação.

Palavras-chave: Arecaceae; propagação vegetativa; embriões somáticos.

Agradecimentos: Unb, Embrapa Cenargen, FAPDF.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

EMPREGO DE ÍNDICE DE SELEÇÃO EM GENÓTIPOS DE MACAÚBA PARA CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS

Silvia Ferreira de Sá¹; Léo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição^{2*}; Marcelo Fideles Braga²; Nilton Tadeu Vilela Junqueira²

¹Faculdade ICESP. ²Embrapa. *leo.carson@embrapa.br

A Macaúba tem sido apontada como a mais promissora oleaginosa entre as espécies nativas brasileiras. Diversos estudos afirmam seu potencial para inúmeras utilidades (alimentação, cosméticos e fármacos). Uma maneira de aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres utilizando índices de seleção. Os índices de seleção funcionam como um caráter adicional resultante da combinação de determinadas características escolhidas pelo melhorista, de acordo com os objetivos do programa de melhoramento. Neste sentido, o trabalho teve como objetivo estimar o ganho genético em características morfoagronômicas, por meio do emprego de índice de seleção via modelo misto. Foram avaliados os caracteres produção (Kg de frutos a base seca/planta), altura do estipe (m) e precocidade (medida em meses para o primeiro florescimento após o plantio) em 427 genótipos de 86 progênies do Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba (BAGMC). O delineamento experimental foi em blocos ao caso, com três repetições e composto por parcelas de 1 a 4 plantas. A estimativa dos valores genéticos preditos foi obtida via melhor predição linear não viciada (BLUP) e os componentes de variância e dos parâmetros genotípicos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), Selegen-REML/BLUP (Modelo nº 01). Para o ranqueamento das famílias foi empregado o índice de seleção Mulamba-Rank (Modelo nº 101). A média de produção foi de 5,7 Kg, a altura média de estipe foi de 2,76 m e a precocidade de 73,6 meses. A seleção das 10 famílias de meios-irmãos superiores, com base no índice Mulamba-Rank, proporcionou ganhos preditos de 78,5% de aumento da produção, e redução na altura do estipe e tempo para o florescimento de 27,3% e 13,1%, respectivamente. A redução da altura proporcionará melhorias no manejo da colheita, enquanto o aumento da produção e diminuição dos meses para o primeiro florescimento resultarão em acréscimos em produtividade e plantas mais precoces.

Palavras-chave: modelo misto; recursos genéticos; *Acrocomia aculeata*.

Agradecimentos: À Embrapa, Finep, Petrobrás, MCTIC e CNPq.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

EMPREGO DE UM ESPECTRÔMETRO PORTÁTIL DE INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA AVALIAR A VARIABILIDADE QUÍMICA DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE CAJU

Elenilson Godoy Alves Filho¹; Ynayara C. Lima¹; Gislane Mendes de Moraes²; Ebenézer Oliveira Silva¹; Edy Sousa de Brito¹; Ana Cecília Ribeiro Castro^{1*}

¹Embrapa Agroindústria Tropical. ²Universidade federal do Ceará *cecilia.castro@embrapa.br

O banco de germoplasma e o programa de melhoramento do cajueiro conservam e avaliam ampla variabilidade genética da espécie *Anacardium occidentale*. Apesar de muitas características morfo-agronômicas já terem sido avaliadas muitas informações sobre a variabilidade química dos frutos ainda não foram estudadas. Com isso, o objetivo do estudo foi avaliar a potencialidade do uso de um espectrômetro portátil de infravermelho próximo (micro-NIR) para desenvolver modelos quimiométricos para explorar e classificar frutos de cajus de acordo com a concentração de vitamina C, °Brix e acidez total. A análise quimiométrica exploratória permitiu observar importantes tendências de agrupamentos. Assim, foram observados quatro agrupamentos que apresentaram similaridades de acordo com o genótipo, mesmo considerando as variações morfológicas como formato, tamanho e/ou cor. As principais faixas de absorção relacionadas aos agrupamentos foram atribuídas as regiões de absorção entre 1150-1340, 1370-1850 e 1900-2020 nm. As absorções nas regiões 1150-1340 e 1650-1850 nm podem ser atribuídas às ligações C-H de carboidratos e outros compostos orgânicos presentes na casca e polpa do fruto. O modelo de regressão construído para predição da acidez total dos frutos baseada nos espectros de micro-NIR, foi melhor ajustado comparado aos modelos utilizando concentrações de vitamina C e °Brix. Portanto, foi demonstrado que a análise do caju intacto por micro-NIR pode fornecer resultados rápidos e de baixo custo, principalmente relacionados à acidez total de frutos, sem a aplicação de pré-tratamentos extenuantes que podem provocar alterações na composição química das amostras. No entanto, os dados para classificação quimiométrica revelaram que mais parâmetros relacionados a composição amostral, como homogeneidade das partículas na polpa, e densidade dos frutos, e fatores ambientais, como luminosidade, deverão ser levados em consideração para melhor compreensão da variabilidade físico-química de cajus do banco de germoplasma da Embrapa. Estas pequenas variações físicas dentre as amostras podem levar a dispersão da luz que influenciará as medições espectroscópicas e, conseqüentemente, comprometer futuras classificações e predições.

Palavras-chave: caju; micro-NIR; quimiometria.

Agradecimentos: CNPq e FUNCAP – 303791/2016-0; DCR-0024-01686.01.00/15.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ENTOMOFAUNA ASSOCIADA A CULTIVOS DE MILHO TRANSGÊNICO E APLICAÇÃO DE HERBICIDAS

Michael W. Rocha de Souza^{1*}; Lucilene G. dos Reis¹; Marcus A. Soares¹

¹Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri (UFVJM) Diamantina, MG, Brasil. *michaelsl2011@hotmail.com

O desenvolvimento de plantas geneticamente modificadas com resistência a insetos e herbicidas tem apresentado grande efetividade em diversas culturas. Entretanto, ainda são escassas informações sobre os efeitos de plantas transgênicas e herbicidas na riqueza e diversidade de insetos. Estudos faunísticos são de suma importância pois fornecem informações relevantes para a preservação da biodiversidade. Com isso, este estudo teve por objetivo avaliar a diversidade da entomofauna associada a cultivos de milho transgênico, genótipos Herculex[®] e Power Core[®] e o Isohíbrido, tratados com os herbicidas Atrazine (6,0 l/ha), Glufosinato de Amônio (2,0 l/ha), Nicosulfuron (1,5 l/ha) e a testemunha (sem aplicação). Armadilhas de queda (pitfall traps) foram colocadas no centro de parcelas experimentais para coleta dos insetos. Foram realizadas três avaliações ao longo da safra, na época de emergência das plântulas, de floração e enchimento de grãos. A comparação da diversidade e da riqueza de espécies - Índice de Simpson e a relação entre as famílias - Análise de correspondência canônica (CCA) foram avaliadas e analisadas por meio do software R. O total de indivíduos coletados no período de amostragem foi de 2.788, distribuídos em 8 ordens e 21 famílias. As principais ordens coletadas foram: Coleoptera, Hymenoptera, Hemiptera, Orthoptera, Diptera, Blattodea, Dermaptera e Araneae. As famílias mais abundantes foram: Formicidae seguida de Bostrichidae, Cicadellidae, Cercopidae, Staphylinidae, Bruchidae, Muscidae, Crysomelidae, Scarabaeidae, Tenebrionidae, Gryllidae, Sphecidae, Carabidae, Lagriidae, Forficulidae, Ulidiidae, Cydnidae, Apidae, Vespidae, Termitidae e Tetrigidae. A abundância de Coleoptera (Bostrichidae) e de Hymenoptera (Formicidae) encontrada nas parcelas experimentais deve-se as condições oferecidas pelo meio, como à presença de alimento, temperatura e umidade ideal, já que essas ordens passam parte do seu ciclo de desenvolvimento no solo. A diversidade de insetos e a riqueza de famílias aumentaram na época de floração no genótipo Herculex[®] nas parcelas tratadas com o herbicida Glufosinato de amônio e Atrazine, respectivamente. Possivelmente, os herbicidas testados não apresentam toxicidade para os insetos. Os genótipos de milho não afetaram negativamente a diversidade de artrópodes no solo.

Palavras-chave: diversidade; insetos não alvos; *Zea mays*.

Agradecimentos: A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e a Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri pelo apoio financeiro e as bolsas concedidas.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO NUCLEAR DA PALMA DE ÓLEO AMERICANA [*Elaeis oleifera* (Kunth) Cortés]

Jaire Alves Ferreira Filho^{1,3}; André Pereira Leão¹; Raimundo Nonato Vieira da Cunha²; Eduardo Fernandes Formighieri¹; Alexandre Alonso Alves¹; Manoel Teixeira Souza Junior^{1,3*}

¹Embrapa Agroenergia. ²Embrapa Amazônia Ocidental. ³Universidade Federal de Lavras.
*manoel.souza@embrapa.br

A Embrapa é detentora de um dos maiores BAGs da Palma de Óleo Americana (*Elaeis oleifera*) do mundo. São mais de 200 acessos coletados em seis macrorregiões da Floresta Amazônica. Com o enorme avanço das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS), têm-se hoje técnicas robustas que permitem a genotipagem de milhares de marcadores moleculares distribuídos ao longo de todo o genoma a custos bem reduzidos. Estas técnicas são conhecidas como genotipagem por sequenciamento (GBS). Uma aplicação importante de marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas é na seleção de subamostras que melhor representam a diversidade genética em um banco de germoplasma, gerando assim o que é conhecido como coleção nuclear. Com o desenvolvimento de uma coleção nuclear é possível diminuir o custo de manutenção do germoplasma e delimitar subamostras mais representativas de interesse do programa de melhoramento para fins de caracterização. Este estudo objetivou identificar e caracterizar marcadores PAVs e SNPs de *E. oleifera* com base no mapeamento de sequências polimórficas ao genoma de dendê (*E. guineensis*) e delinear coleções nucleares para o BAG de *E. oleifera*. Um banco de sequências gerados pela plataforma DArTSeq para 553 indivíduos de 206 famílias de *E. oleifera* foi mapeado contra o genoma público de dendê e os marcadores moleculares identificados. O genoma foi dividido em intervalos de 5Mb para uma análise da distribuição dos marcadores e modelos gênicos. Um conjunto de 500 SNPs foi selecionado para o estabelecimento de coleções nucleares, baseado na estratégia de maximização da diversidade (M). Os parâmetros genéticos avaliados foram: número de indivíduos (NI), subamostras (NS), total de alelos (NA), conteúdo informativo de polimorfismo (PIC), heterozigosidade observada (H_O), heterozigosidade esperada (H_E) e Índice de Diversidade de Shannon (Sh). Foram obtidos modelos de coleção nuclear com 16, 26, 37, 55, 109, 127, 138 e 276 indivíduos. Devido ao bom ajuste dos parâmetros validados, tendo simultaneamente mantido o menor número de subamostras, o modelo MS3 (20% da coleção inteira) foi escolhido como o ideal para compor a coleção nuclear de *E. oleifera*. O conjunto de marcadores PAVs/SNPs mapeados proporciona uma cobertura consideravelmente homogênea ao longo do genoma e de regiões gênicas de *E. guineensis*. O modelo de coleção nuclear gerado neste trabalho irá permitir uma melhor utilização das subamostras na conservação genética de *E. oleifera* na Embrapa.

Palavras-chave: GBS; germoplasma; maximização da diversidade.

Agradecimentos: CAPES-MEC e FINEP-MCTIC.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ESTABELECIMENTO DE *FINGERPRINT* MOLECULAR UTILIZANDO MARCADORES DE ISSR EM ACESSOS DE ABACAXI

Amanda Gabrielly Santana Silva^{1*}; Taís Araújo Santos¹; Jocilene dos Santos Pereira¹; Davi Theodoro Junghans²; Claudia Fortes Ferreira²; Andresa Priscila de Souza Ramos²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, ²Embrapa Mandioca e Fruticultura
*manda.gaby@hotmail.com

A fruticultura é um segmento do agronegócio brasileiro que movimentava bilhões de dólares por ano, se tornando cada vez mais um pilar consolidado na geração de empregos e economia do País. O abacaxizeiro (*ananas comosus*) possui grande representatividade nesse setor, atendendo às perspectivas do mercado interno e externo, onde o melhoramento genético torna-se uma ferramenta essencial, para que, tanto as demandas dos produtores, quanto consumidores, sejam atendidas. A biologia molecular tem permitido um avanço nas pesquisas, onde o uso de marcadores moleculares pode acelerar etapas do melhoramento genético por meio de seleção assistida, bem como a identificação de variabilidade, estudos de população e o *fingerprint* molecular de híbridos e variedades elite lançados no mercado. O abacaxizeiro é uma planta propagada vegetativamente, o que a torna uma excelente espécie candidata para estudos de *fingerprint* molecular. Portanto, o objetivo do presente trabalho foi elaborar o *fingerprint* molecular de híbridos a serem lançados pela Embrapa Mandioca e Fruticultura por meio de marcadores ISSR. Trinta e seis primers foram utilizados para as amplificações, e após as mesmas foi feita a eletroforese em gel de agarose a 2% em todas as amostras amplificadas com os respectivos primers. A análise de *fingerprint* foi realizada pelo software GENES na identificação de 14 genótipos. Outra metodologia, referida como de “acúmulo de bandas”, calculada pelo programa R, revelou a robustez do *fingerprint* gerado, indicando variabilidade genética entre os 14 acessos estudados. Diante da quantidade de primers com certo grau de polimorfismo, foi possível também selecionar os que fizeram uma maior distinção entre as variedades. Sendo assim, este trabalho preliminar revelou os principais primers capazes de diferenciar os genótipos em questão, podendo ser usados para resguardar a idoneidade do melhorista em casos de contestação de idoneidade de variedades, além de representar a divergência genética existente em 14 genótipos de abacaxi.

Palavras-Chave: abacaxizeiro; marcadores de DNA; identidade genética



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ESTÁDIO DE MATURAÇÃO DA INFLORESCÊNCIA PARA INDUÇÃO DE CALOS EMBRIOGÊNICOS EM PALMA DE ÓLEO

Marcília Gabriella Tavares Monteiro¹; Joanne Moraes de Souza²; Oriel Filgueira de Lemos³; Rui Alberto Gomes Junior³; Hugo Alves Pinheiro²; Hérica Santos de Oliveira²

¹Universidade Federal Rural da Amazônia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.

²Universidade Federal Rural da Amazônia. ³Embrapa Amazônia Oriental.

*gabytmonteiro@gmail.com

O cultivo da palma de óleo é limitado pela baixa eficiência de produção e homogeneidade de mudas, que é basicamente por sementes. A embriogênese somática é uma alternativa para propagação *in vitro*. Com o objetivo de explorar o potencial embriogênico, inflorescências de palma de óleo em diferentes estádios de maturação caracterizados pela emissão na base das folhas 9; 11; 12; 14 e 15 do híbrido BRS Manicoré foram introduzidas na Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, para cultivo *in vitro* em meio básico de cultura MS (Murashige e Skoog) com completa (MS) e metade da concentração dos sais ($\frac{1}{2}$ MS) e picloram (0; 225; e 450 μ M), constituindo os seguintes tratamentos: T1 – MS; T2 – MS + 225 μ M de picloram; T3 – MS + 450 μ M de picloram; T4 – $\frac{1}{2}$ MS; T5 – $\frac{1}{2}$ MS + 225 μ M de picloram; T6 – $\frac{1}{2}$ MS + 450 μ M de picloram. O experimento foi em delineamento inteiramente casualizado, sendo 6 repetições (frascos) com 5 explantes por tratamento. As inflorescências passaram por processos de pré-asepsia e asepsia antes da inoculação dos explantes, segmentos de ráquulas. Após 30 dias de cultivo foi avaliado o número de explantes com indução de calos embriogênicos e embriões somáticos. Os dados foram submetidos à análise estatística de percentagem de diferenciação de estruturas embriogênicas. A inflorescência da folha 12 se destacou com maior percentual de estruturas embriogênicas, 100% em cinco tratamentos (T1, T2, T4, T5 e T6); e 96,6% em T3. Isso demonstra que a composição do meio (MS e $\frac{1}{2}$ MS) com diferentes concentrações de picloram não influenciou no desenvolvimento de embriões nesse estágio de maturação. A inflorescência da folha 15 também induziu em 100% dos seus explantes nos tratamentos T2 e T3; seguidos por T5, T6 e T1 com 96,6%; 96% e 90% dos explantes, respectivamente; e os tratamentos sem picloram apresentaram as menores percentagens de indução de estruturas embriogênicas. Na inflorescência da folha 14, houve destaque para o T4 (100%), seguido por T3 (93,4%) e T1 (90%). Na inflorescência da folha 9, apenas três tratamentos apresentaram estruturas embriogênicas T6; T3 e T5 com 100%; 96,6% e 36,6%, respectivamente. A inflorescência da folha 11 não desenvolveu embrião em nenhum dos tratamentos. Os resultados indicam que o estágio de maturação da inflorescência influencia na formação de embriões somáticos sendo recomendado o estágio da inflorescência da folha 12.

Palavras-chave: embriogênese somática; *Elaeis guineenses*; inflorescência.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, Embrapa e Marborges Agroindústria pelo apoio no desenvolvimento da pesquisa.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE POPULAÇÕES LOCAIS DE FEIJOEIRO COMUM

Rafael Alfredo Heberle¹; Daniel Radin¹; Juliana Spezzatto¹; Yasmin Pincegher Siega^{1*}; Paulo Mafra de Almeida Costa¹; Volmir Kist¹

¹Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia. *yasminsiega@hotmail.com

A cultura do feijão comum é uma importante fonte de proteína e tradicionalmente cultivada no oeste catarinense em pequenas propriedades rurais sem a utilização de muita tecnologia. Para fins de subsistência, a maioria dos cultivos é realizada a partir de sementes próprias, constituindo novas populações em condições *in situ* e *on farm* com formas e cores de grãos variados. O conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos é primordial para o processo de seleção para fins de melhoramento genético e posterior obtenção de genótipos superiores. O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos em populações locais de feijoeiro comum a fim de avaliar seu potencial para melhoramento. Os experimentos foram instalados em três locais (região oeste de Santa Catarina), na safra 2017/18. Foram avaliados 12 tratamentos (10 variedades locais e 2 comerciais - testemunhas) em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por 4 fileiras de 5m, com espaçamento de 30cm entre fileiras, utilizando as duas centrais como parcela útil. A densidade populacional utilizada foi de 300.000 plantas ha⁻¹. As características analisadas a partir de 10 plantas da parcela útil foram: altura da primeira vagem (APV), comprimento da primeira vagem (CPV), número de vagens por planta (NVP) e número de grãos por vagem (NGV); a partir do total da parcela útil: peso de mil sementes (PMS) e produtividade de grãos (PRO). Os dados foram submetidos a análise de modelos mistos, utilizando modelo de avaliação de genótipos em vários locais e em uma safra. As estimativas de herdabilidade da média de genótipos foram iguais a 0,40; 0,91; 0,32; 0,96; 0,95 e 0,81 para APV, CPV, NVP e NGV, PMS e PRO, respectivamente, sendo viável a seleção de genótipos com base nos valores genotípicos preditos para as características, com exceção de NVP, de baixa magnitude. As estimativas da variância da interação genótipos *versus* ambientes (GxA) foram de baixa magnitude, variando entre 0,01 e 0,13, para NGV e APV, respectivamente. Esse resultado indica que a interação GxA pouco influenciou no valor fenotípico. Portanto, um genótipo com maior média para a característica em um ambiente tende a manter patamares similares nos demais ambientes. As estimativas de acurácia variaram entre 0,57 e 0,98, para NVP e NGV, respectivamente. Este resultado revela boa qualidade experimental e precisão na seleção de genótipos superiores. Os resultados deste trabalho indicam que populações locais apresentam potencial para melhoramento genético das características estudadas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; seleção; conservação *on farm*

Agradecimento: Ao IFC - Campus Concórdia, pelo suporte financeiro.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS DE POPULAÇÕES LOCAIS DE MILHO

Grace Karina Kleber Romani^{1*}; Yasmin Pincegher Siega¹; Juliana Spezzatto¹; Tais Helena Rogowski¹; Paulo Mafra de Almeida Costa¹; Volmir Kist¹

¹Instituto Federal Catarinense – Campus Concórdia. *grace.kromani@gmail.com

A região oeste do Estado de Santa Catarina (SC) é caracterizada pela agricultura familiar, praticada em propriedades rurais que ainda conservam ampla diversidade genética de plantas utilizadas na alimentação humana em condições *in situ* e *on farm*. Para fins de melhoramento, o conhecimento das estimativas dos parâmetros genéticos é primordial para o processo de seleção e posterior obtenção de genótipos superiores. O objetivo desse trabalho foi estimar parâmetros genéticos de produtividade em populações locais de milho a fim de avaliar seu potencial para melhoramento. Na safra 2017/18, foram conduzidos quatro ensaios em três municípios do oeste de SC, sendo: Novo Horizonte 1 (NH1), Iporã do Oeste (IPO), Novo Horizonte 2 (NH2) e Concórdia (IFC). Foram avaliados 12 tratamentos (10 variedades locais e 2 comerciais - testemunhas) em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por 4 fileiras de 5m, utilizando as duas centrais como parcela útil. A densidade populacional utilizada foi de 50.000 ha⁻¹. A produtividade foi estimada utilizando cinco plantas na parcela útil. Os dados foram submetidos a análise de modelos mistos, utilizando modelo de avaliação de genótipos em vários locais e em uma safra. As estimativas de herdabilidade da média de genótipos, da variância da interação genótipos versus ambientes (GxA) e da acurácia da seleção de genótipos foram iguais a 0,83; 0,13; e 0,91, respectivamente. Esses resultados indicam que a seleção de genótipos com base nos valores genotípicos preditos é possível, com boa qualidade experimental e precisão na seleção de genótipos superiores. A baixa magnitude de sua variância indica que a interação GxA pouco influenciou no valor fenotípico. Portanto, um genótipo com maior média para a característica em um ambiente tende a manter patamares similares nos demais ambientes. Os resultados deste trabalho indicam que as populações locais estudadas apresentam potencial para melhoramento genético.

Palavras-chave: *Zea mays*; seleção; conservação *on farm*.

Agradecimentos: Ao CNPq pela concessão de bolsa de estudo ao primeiro autor.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ESTUDO DE HERANÇA E PARÂMETROS GENÉTICOS DA RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-FUSÁRIO NA CULTIVAR BRS FP403

Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres¹; Ludivina Lima Rodrigues^{2*}; Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza²; Leonardo Cunha Melo²; Joaquim Geraldo Caprio da Costa²; Helton Santos Pereira²

¹Universidade Federal de Goiás. ²Embrapa Arroz e Feijão. *ludivinalrodrigues@gmail.com

A produção de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) pode ser afetada por diversos fatores, entre eles temos a murcha-de-fusário, doença vascular, causada pelo patógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. A resistência genética tem demonstrado ser o método mais eficiente e econômico de controle, e de menor impacto ambiental. Mas, para isso, são necessárias informações sobre controle genético da resistência ao patógeno e sua herdabilidade. Portanto, esse trabalho teve por objetivo estudar o controle genético da resistência à murcha-de-fusário da cultivar BRS FP403 e estimar seus parâmetros genéticos. Para isso, foram utilizadas 165 progênies obtidas do cruzamento entre as cultivares BRS FP403 (resistente) e BRS Horizonte (suscetível). As progênies (F_{2:3} e F_{2:4}), os genitores e as testemunhas foram avaliadas em área infestada naturalmente, nas safras inverno/2016 e 2017, sob o delineamento látice triplo 13x13, em Santo Antônio de Goiás. A resistência foi avaliada por meio de uma escala de notas variando de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível). Os dados foram submetidos às análises de variância individual e conjunta, e estimados os parâmetros herdabilidade e ganho esperado de seleção. As progênies foram classificadas em resistentes (<4,0), intermediárias (4,1 a 6,5) e suscetíveis (>6,5), por meio do teste chi-quadrado. Observaram-se diferenças significativas entre as progênies e entre as testemunhas, nas análises individuais e na conjunta, indicando a existência de variabilidade entre as progênies. O contraste entre a média dos genitores BRS FP403 (2,8) e BRS Horizonte (7,2) confirma a viabilidade dos estudos do controle genético. Não houve efeito de anos. A interação entre as progênies e os ambientes foi significativa, indicando que as progênies apresentaram comportamento diferente entre os anos, devido à diferença nas condições climáticas ou pela ocorrência de distintas raças do patógeno. As estimativas de herdabilidade foram altas nos dois anos (82%) e na conjunta (89%), indicando a eficiência de seleção dos melhores fenótipos para obtenção de ganhos genéticos. O ganho esperado com a seleção foi alto nos ambientes (44% e 47%) e na conjunta (46%), confirmando seu potencial genético. O teste de aderência se adequou ao modelo monogênico. Portanto, o controle genético da resistência à murcha de fusário da BRS FP403 é monogênico, com dominância do alelo que confere a resistência.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento vegetal; *Fusarium oxysporum*.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

FONTES DE RESISTÊNCIA À *Alternaria* spp. EM MELOEIRO

José Maria da Costa¹; Érica dos Santos Barreto^{1*}; Karmita Thainá Corrêia Ferreira¹; Alcileide Vieira Barreto¹; Márcia Michele de Queiroz Ambrósio¹; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *ericasb13@hotmail.com

Muitos problemas de natureza fitossanitária reduzem a produção e a qualidade dos frutos de melão, dentre eles destaca-se, a mancha de alternaria causada pelo fungo *Alternaria* spp. O uso de cultivares resistentes é um dos principais métodos recomendados para o controle do referido patógeno. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi identificar fontes de resistência de meloeiro à *Alternaria* spp. Foram realizados dois experimentos na Horta Didática do Departamento de Ciências Vegetais na Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), o primeiro foi executado no período de janeiro/março (época chuvosa) e o segundo, de junho a agosto (fim das chuvas), do ano de 2016. No primeiro experimento, foram avaliados 58 acessos de meloeiro da coleção ativa de germoplasma da UFERSA, o delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC) com três repetições em condições de campo. A ocorrência da mancha de alternaria deu-se de forma natural. No segundo experimento, foram avaliados os acessos que se mostraram promissores no primeiro ensaio, também em condições de campo. Foi realizada a inoculação artificial do fungo na concentração de $4,0 \times 10^4$ conídios mL⁻¹. Em ambos os ensaios as avaliações foram realizadas 50 dias após o transplante das mudas, quanto à severidade e incidência de plantas com mancha de alternaria, a escala de notas usada para classificação varia de 0 a 5. A análise estatística foi feita conforme o modelo estatístico 21 do software SELEGEN-REML/BLUP. Realizou-se análise de deviance (ANADEV) a qual substituiu o teste F de uma ANOVA nos casos de análise de modelos mistos. Concluiu-se que existe variabilidade no germoplasma de meloeiro para reação a mancha de alternaria. Os acessos C-AC-04, C-AC-08, C-AC-26, C-AC-31, I 162, I 173 e MR-1 com menores médias de severidade e incidência de plantas doentes são os mais promissores para uso em programas de melhoramento genético do meloeiro visando resistência ao patógeno em estudo.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; mancha de alternaria; resistência.

Agradecimentos: CNPQ e UFERSA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

GAMETAS NÃO REDUZIDOS EM HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Capsicum*

Elba Honorato Ribeiro^{1*}; Sara Iolanda Oliveira da Silva¹; Telma Nair Santana Pereira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF. *elba_hr@hotmail.com.

Gametas não reduzidos podem ser utilizados, no melhoramento genético, para a transferência de genes do conjunto gênico silvestre para o cultivado, visando aumentar a variabilidade e qualidade das culturas. O objetivo deste trabalho foi estimar a frequência de gametas não reduzidos (gametas 2n) em híbridos interespecíficos de *Capsicum*. Os híbridos utilizados foram obtidos dos cruzamentos entre a cultivar Casca Dura Ikeda (*Capsicum annuum*) e os acessos UENF 1495 (*Capsicum baccatum* var. *baccatum*), UENF 1624 e UENF 1496 (*Capsicum baccatum* var. *pendulum*). Botões florais foram coletados e fixados por 24 horas em solução de etanol: ácido acético (3:1), sendo posteriormente transferidos para etanol 70% e conservados a temperatura de 4°C. Cinco lâminas por genótipo foram preparadas, utilizando-se três anteras por botão floral, conforme protocolo utilizado no laboratório. As observações foram realizadas em microscópio óptico Olympus BX60. Um total de 2000 produtos pós-meióticos foram contados. A frequência de gametas 2n (FG2n) foi estimada de acordo com a seguinte expressão: $FG2n = (2D+Tr)/(2D+3Tr+4T)$, onde D é o número de díades, Tr é o número de tríades e T é o número de tétrades. O numerador (2D+Tr) representa o número total de gametas não reduzidos (2n), e o denominador (2D+3Tr+4T) representa o número total de gametas. Os resultados foram submetidos à análise de variância, considerando um delineamento inteiramente casualizado, em que cada lâmina foi considerada uma repetição. As médias foram comparadas pelo teste Tukey. Para “Casca Dura Ikeda” a frequência de gametas não reduzidos foi de 1,22%, corroborando com a literatura que relata uma ocorrência espontânea próxima a 1%. Nos híbridos variou de 6,21% a 6,53%, valor inferior à frequência de gametas não reduzidos, em híbridos, relatado na literatura (27,52%). Considerando as anormalidades meióticas, para “Casca Dura Ikeda” foram observadas 4,45% de tríades e 4,2% de mônades. Nos híbridos, as poliádes e tríades foram as mais frequentes, variando de 8,9% a 21,3% e 12,6% a 21,5%, respectivamente. A presença de tríades e díades pode explicar a ocorrência de gametas não reduzidos (2n), que resultam de um processo meiótico anormal, em que a redução do número cromossômico não ocorre. As poliádes podem gerar gametas desbalanceados pela presença de micronúcleos, considerados cromossomos retardatários perdidos durante a divisão celular. Produtos pós-meióticos anormais e desbalanceados são resultantes de irregularidades meióticas, e geram gametas inviáveis, o que explica a baixa viabilidade polínica (6,1% a 11,5%) observada nos híbridos.

Palavras-chave: pimentão, gametas 2n, viabilidade polínica.

Agradecimentos: CAPES; FAPERJ.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

GENÉTICA DA CONCENTRAÇÃO DE POTÁSSIO, FÓSFORO E CÁLCIO EM LINHAGENS DE FEIJÃO ANDINO

Henrique Caletti Mezzomo^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Skarlet De Marco Steckling¹;
Iuri Paulo Somavilla¹; Greice Godoy dos Santos¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM).
*hc_mezzomo@hotmail.com

O desenvolvimento de cultivares de feijão Andino com variabilidade genética para a concentração de potássio (K), fósforo (P) e cálcio (Ca) nos grãos atende à demanda por alimentos que podem ser usados para prevenir a deficiência de minerais, além de promoverem a diversificação de recursos genéticos desta leguminosa. Os objetivos deste trabalho foram obter estimativas de herdabilidade para a concentração de K, P e Ca e avaliar o padrão de herança desses minerais, visando a biofortificação do feijão Andino. As hibridações controladas foram realizadas entre as linhagens de feijão Andino Cal 96 (tegumento vermelho escuro com listras creme) e Hooter (tegumento creme com listras vermelhas). Os segregantes obtidos foram avançados até a geração F₅ pelo método Descendência de uma Única Semente. Um experimento foi instalado em cultivo de safra 2017/2018 em delineamento de blocos aumentados, com três repetições. Os tratamentos avaliados consistiram de 61 genótipos de feijão, sendo 57 linhagens F_{5,6}, duas linhagens parentais (Cal 96 e Hooter) e duas cultivares (Pérola e Iraí). A concentração de K, P e Ca foi determinada por digestão nítrica-perclórica (3:1). A leitura dos minerais foi realizada em espectrofotômetro de chama para K, espectrofotômetro de emissão ótica para P e espectrofotômetro de absorção atômica para Ca. Na análise de variância foi constatado efeito significativo para genótipo para a concentração de K, P e Ca. Portanto, foram obtidas linhagens de feijão Andino com variabilidade genética para a concentração desses minerais. Estimativas de herdabilidade em sentido amplo de alta magnitude foram observadas para a concentração de K ($h^2 = 86,90\%$), P ($h^2 = 83,42\%$) e de Ca ($h^2 = 81,85\%$) em geração F_{5,6}, pois a variância genética apresentou maior proporção na variância fenotípica. A concentração de macrominerais nas linhagens de feijão Andino variou de 6,51 a 13,79 g kg⁻¹ de matéria seca (MS) para o K, de 2,53 a 5,33 g kg⁻¹ de MS para o P e de 0,28 a 1,84 g kg⁻¹ de MS para o Ca, sendo constatada distribuição contínua em geração F_{5,6} para a concentração de K, P e Ca. A seleção de linhagens de feijão Andino com alta concentração de K, P e Ca nos grãos é facilitada devido a alta herdabilidade. A concentração de K, P e Ca nos grãos em linhagens de feijão Andino em geração F_{5,6} apresenta padrão de herança quantitativa.

Palavras-chave: variabilidade genética; herdabilidade; padrão de herança.

Agradecimentos: CNPq; CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

GERMINAÇÃO IN VITRO DE SEMENTES DE MAMÃO

Mércia Lima Rodrigues da Silva¹; Cristina Ferreira Nepomuceno^{1*}; Karine da Silva de Deus¹; Andréza de Souza Lima¹; Antônio da Silva Souza²; Sebastião de Oliveira e Silva¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.
[*cfnbio@gmail.com](mailto:cfnbio@gmail.com)

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de mamão, fruto que possui caracteres nutricionais de grande relevância para a dieta, sendo consumido preferencialmente in natura, mas também utilizado nas indústrias alimentícia, farmacêutica e de ração animal. O objetivo desse trabalho foi avaliar a germinação in vitro de sementes de mamão dos genótipos Aliança, THB e BS. As sementes foram obtidas de frutos em cinco estádios de maturação (1 - fruto com até 15% da casca amarela; 2 - fruto com 15% a 25% da casca amarela; 3 - fruto com 25% a 50% da casca amarela; 4 - fruto com 50% a 75% da casca amarela; 5 - fruto com 75% a 100% da casca amarela). As sementes foram desinfestadas em câmara de fluxo laminar e inoculadas em tubos de ensaio contendo 15 mL de meio MS sólido (sem e com 1,0 g L⁻¹ de carvão ativado), meio de cultivo constituído apenas por ágar, e em papel *germtest* umedecido com água destilada e autoclavada, em placas de Petri (controle). As sementes foram colocadas para germinar em sala de crescimento, no escuro, sob temperatura de 25° ± 2 °C. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com arranjo fatorial 4 x 5 (meio de cultivo x estádios de maturação), totalizando 20 tratamentos, com 5 repetições, cada uma com 4 sementes. A germinação das sementes foi avaliada aos 30 dias, sendo consideradas germinadas aquelas que apresentaram protrusão da radícula. As maiores porcentagens de germinação de sementes para o genótipo Aliança ocorreram quando as sementes foram provenientes do estádio 3 de maturação e inoculadas no meio MS sem carvão ativado (95%) e com as sementes do estádio 2 de maturação e inoculadas em meio MS com carvão ativado (90%), sendo que o controle apresentou taxa máxima de 50% de germinação. Quanto ao genótipo THB, as sementes do estádio 4 de maturação apresentaram elevadas taxas de germinação (90% – 100%) em todos os meios testados. Já no genótipo BS as maiores porcentagens de germinação (95%) ocorreram quando as sementes foram dos estádios 1 e 2 de maturação e inoculadas em meio MS sem e com carvão ativado, respectivamente. Enquanto, que o controle teve taxa de germinação de 85% para o estádio 1 de maturação e 50% de germinação para o estádio 2 de maturação. De modo geral, tanto o estádio de maturação dos frutos quanto o meio de germinação influenciaram no processo germinativo das sementes para os três genótipos de mamão.

Palavras-chave: *Carica papaya*; genótipos; cultivo in vitro.

Agradecimentos: Os autores agradecem a UFRB (Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais), a Embrapa pela infraestrutura cedida, ao CNPq e a Capes pela concessão das bolsas.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

HERANÇA DA ACIDEZ TOTAL TITULÁVEL EM MELÃO

Antônia Eliziana Augusta da Silva¹; Juliana Maria Costa da Silva¹; Alcileide Vieira Barreto¹; Adriano Ferreira Martins¹; Ana Cyntia da Silva Rocha^{1*}; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *cyntia.rocha00@hotmail.com

Em razão da exigência de qualidade de fruto de melão pelo mercado europeu, os programas de melhoramento em todo o mundo têm realizado esforços para conhecer a genética de caracteres relacionados à qualidade de frutos. Existe a tendência de mercado para obter cultivares de melão com maior teor de acidez. Por conta disso, é necessário estudar o controle genético do referido caráter. O objetivo deste trabalho foi estudar a herança da acidez total titulável no melão. Foram avaliadas em um delineamento em blocos casualizados com três repetições as gerações F₁, F₂ e os retrocruzamentos a partir dos genitores AC-16 (subsp. melo var. *acidulus*), com elevado teor de acidez total titulável, e 'Vendrantais' (subsp. melo var. *reticulatus*), com baixo teor de acidez total titulável. As amostras foram analisadas em duplicatas, os materiais que constituíram essas amostras foram: Vendrantais (15 indivíduos), AC-16 (15 indivíduos), Geração Filial 1 (15 indivíduos), Geração Filial 2 (172 indivíduos), RC1 (46 indivíduos), RC2 (45 indivíduos). A herança foi identificada utilizando modelos genéticos hierárquicos. O genitor Vendrantais de baixo acumulo de acidez, obteve valores extremos na escala de 1 a 7, concentrados na maior parte na escala entre 3 a 7, sendo os valores expressos em percentagem. Enquanto que o AC-16 apresentou valores baixos que variaram entre 0,5 a 3,5 com genótipos extremamente ácidos. Verificou-se que as plantas da geração F₁ apresentaram acidez total titulável com média superior a dos genitores, indicando a presença de heterose. A segregação nas gerações F₂ e retrocruzamentos indicou que o teor de acidez total titulável em melão é determinados por um gene de maior efeito, com efeitos aditivos e dominância associada a poligenes com efeitos aditivos e de dominância.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, qualidade, melhoramento vegetal.

Agradecimentos: CNPq e Ufersa.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

HERANÇA DO TEOR DE β -CAROTENO EM MELÃO

Juliana Maria Costa da Silva¹; Anânkia de Oliveira Ricarte¹; Carla Caroline Alves Pereira¹; Ana Cyntia da Silva Rocha^{1*}; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹; Patrícia Lígia Dantas de Moraes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *cyntia.rocha00@hotmail.com

O meloeiro é uma olerícola apreciada em diversas regiões do mundo. Suas características funcionais e nutritivas produzem benefícios para a saúde. É um alimento rico em vitaminas A, C e E, além de ácido fólico, ácidos orgânicos e, sais minerais como cálcio, fósforo e ferro. O β -caroteno é um carotenoide que recebe a denominação de provitamina A e que também é considerado um antioxidante natural. Sua importância está associada a correlação positiva entre o consumo e o menor risco do acometimento de doenças. O objetivo deste trabalho foi estudar o controle genético do β -caroteno no melão. Foram obtidas as populações segregantes F2 e retrocruzamentos entre o acesso AC-16 (subsp. *melo* var. *acidulus*) - uma cultivar com baixo teor de β -caroteno e com mesocarpo branco e Vendrantais (subsp. *melo* var. *reticulatus*) - cultivar com alto teor de β -caroteno e mesocarpo salmão. A colheita foi realizada e seguiu-se com o material para o laboratório de Pós-Colheita da UFERSA-CPVSA sendo extraída a polpa de meloeiro e realizado o armazenamento em freezer a -20° C. O β -caroteno foi extraído e quantificado em sistema de HPLC (high performance liquid chromatography). Os resultados indicaram que nove locos e uma dominância parcial estão envolvidos com o acúmulo de β -caroteno. As segregações nas gerações F2 (0,02 a 23,5 $\mu\text{g/g}$) e retrocruzamentos (0,08 a 21,4 $\mu\text{g/g}$) indicaram que o acúmulo de β -caroteno em melão é conferido por um gene de efeito maior, com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes, com efeitos aditivos.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, melhoramento vegetal, β -caroteno.

Agradecimentos: CNPq e UFERSA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

IDENTIFICAÇÃO DAS PRIORIDADES DE MELHORAMENTO E COLETA DE GENÓTIPOS DA CULTURA DA MANDIOCA

Emanuel Ferreira Alves da Silva¹; Gustavo Henrique Silveira de Souza¹; Thaís Rodrigues dos Santos¹; Luiz Henrique Costa Mota¹; Nancy Farfan Carrasco^{1*}

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Mato Grosso do Sul.
*nancy.carrasco@ifms.edu.br

A mandioca é cultivada nos trópicos, sendo a sexta maior cultura produzida no mundo, principalmente pelo conteúdo de amido presente em suas raízes tuberosas. Tem sua origem no Brasil, sendo o Centro Oeste uma região que apresenta alta diversidade genética como é observada no estado do Mato Grosso do Sul (MS). Entretanto, no Vale do Ivinhema – MS, existem muitos agricultores tradicionais que cultivam mandioca utilizando poucas variedades, o que leva a baixos rendimentos e suscetibilidade ao ataque de pragas e doenças. Neste contexto, este estudo teve como objetivos identificar as prioridades de melhoramento para esta cultura, baseado nas necessidades dos agricultores, e coletar as variedades de mandioca presentes no Assentamento Santa Olga do Vale do Ivinhema. Para a identificação das prioridades de melhoramento foram realizados dias de campo no Assentamento, com aplicação de entrevistas estruturadas e não estruturadas, para assim, identificar as principais variáveis consideradas pelos agricultores no momento da adoção de uma variedade melhorada de mandioca. A coleta de amostras de manivas de diferentes genótipos presentes no assentamento foi realizada mediante visitas aos campos dos agricultores e posteriormente incluídas à coleção de germoplasma de mandioca do Instituto Federal de Mato Grosso do Sul – Campus Nova Andradina, visando o desenvolvimento de programas de melhoramento participativo voltados para a região. Como resultado desta pesquisa, foi possível identificar que 100% dos assentados produzem mandioca mansa e vendem a produção ao Programa Nacional de Alimentação Escolar, supermercados e direto ao consumidor em feiras livres. Dentre as características a serem melhoradas na qualidade da raiz observamos que as variáveis com maior importância foram: raízes livres de ataque de doenças e insetos, capacidade de cozimento rápido, ausência de fibras na massa cozida e facilidade de descascamento. Com relação as características da planta foram identificadas como prioridades a obtenção de variedades precoces, alto rendimento, resistência a doenças e pragas, como Fusarium e Mandarová. Dentre as variedades coletadas, foram obtidas manivas das variedades Baianinha, Amarelinha e Cascudinha.

Palavras-chave: *Manihot esculenta*; diversidade; melhoramento participativo.

Agradecimentos: IFMS; ESALQ e COOPAOLGA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA A DOENÇAS EM LINHAGENS PROMISSORAS DE FEIJÃO DO GRUPO CARIOCA

Ana Rafaela Gouvêa^{1*}; Vania Moda Cirino¹

¹Instituto Agronômico do Paraná. *anarafaelag@icloud.com

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância na alimentação mundial pelo alto teor de proteína, ferro e carboidratos contidos nos grãos. O melhoramento genético tem contribuído para o desenvolvimento de cultivares resistentes às principais doenças que podem comprometer significativamente a produção, tais como antracnose (*Colletotrichum lindemuthianum*), cretamento-bacteriano-comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*), mancha-angular (*Pseudocercospora griseola*), ferrugem (*Uromyces appendiculatus*) e oídio (*Erysiphe polygoni*). O objetivo deste trabalho foi avaliar linhagens promissoras de feijão do grupo comercial carioca, identificar e selecionar novas fontes de resistência para serem utilizadas em programas de melhoramento. As avaliações foram efetuadas em 15 ensaios preliminares conduzidos no estado do Paraná na safra das águas de 2017, nos municípios de Londrina e Santa Tereza do Oeste, e na safra da seca de 2018 nos municípios de Ponta Grossa e Santa Tereza do Oeste. Cada ensaio foi constituído por 18 linhagens desenvolvidas pelo IAPAR e as cultivares IPR Tangará e IPR Campos Gerais, utilizadas como controle. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com três repetições e parcelas constituídas de duas linhas de 4 metros, espaçadas 0,5 metros entre linhas e uma população de 12 plantas por metro linear. Os dados de rendimento foram transformados para kg ha⁻¹ e corrigidos para 13% de umidade. A reação às doenças foi avaliada de acordo com a metodologia proposta pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT (1987). Durante o desenvolvimento da cultura não foi realizado o controle químico de doenças. Do total das 270 linhagens avaliadas, 129 superaram o rendimento da melhor testemunha, apresentaram ampla adaptabilidade e previsibilidade de comportamento e dentre estas, 23 apresentaram-se como resistentes a antracnose, três resistentes ao cretamento-bacteriano-comum, duas resistentes a mancha angular e 117 resistentes ao oídio. Todas as 129 linhagens foram classificadas como resistentes à ferrugem. As linhagens promissoras que se destacaram poderão ser utilizadas como fontes de resistência às doenças que afetam a cultura do feijão e também futuramente registradas como novas cultivares.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; melhoramento genético; reação às doenças.

Agradecimentos: Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR e ao CNPq.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

ÍNDICES DE SELEÇÃO EM VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO

Lucas Alexandre dos Santos Rocha^{1*}; Olavo José Marques Ferreira¹; Renata Silva-Mann¹; Lucas Henrique da Silva Amancio¹; João Pedro Ferreira Santos¹

¹Universidade Federal de Sergipe, Campus São Cristóvão, Cidade Univ. Prof. José Aloísio de Campos, São Cristóvão/SE. *lucas1404_2411@outlook.com.

A seleção massal consiste na escolha de um número de indivíduos com características fenotípicas superiores para constituir a próxima geração. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi a distinção de indivíduos de variedades crioulas de milho através de índices de seleção. O estudo foi realizado na área experimental do Campus Rural da Universidade Federal de Sergipe – UFS, em São Cristóvão - SE, utilizando duas variedades crioulas de milho (Pé-de-boi e Paulistão). Para melhor condução das populações de variedades crioulas, o plantio ocorreu com distância superior a 400 m e cultivadas em três blocos com seis fileiras espaçadas em 0,80 m e 0,30 m entre plantas. O sistema de manejo adotado foi de cultivo convencional, sem uso de sistema de irrigação. As populações de plantas foram caracterizadas quanto à altura da flor feminina, diâmetro de colmo, altura da planta, posição relativa da espiga, peso da espiga, peso de grãos, fileira de grãos, comprimento e diâmetro de espigas, além da verificação de acamamento. Após a maturidade fisiológica das espigas, foi realizada a colheita. A umidade dos grãos estava em torno de 30%, portanto, a secagem para armazenamento do milho foi feita em estufa de ventilação forçada a 40°C, até que atingissem o teor de umidade de 13%. Com a finalidade de identificar genótipos com melhores combinações de caracteres, foram aplicados os índices de seleção para os caracteres agronômicos, índice soma de ranks e índice de seleção por peso econômico (ISPE) e aplicando uma intensidade de seleção de 10% para a obtenção do material genético para o próximo ciclo. Foi verificado que as plantas de milho Paulistão são mais susceptíveis ao acamamento, sendo objeto de seleção, plantas com menor porte. As variáveis que mais contribuíram na análise de componentes principais, foram a altura de plantas, altura de espigas e posição relativa da espiga. A média de seleção para as variáveis relacionadas à produção (peso de grãos e peso de espiga) foi maior utilizando o ISPE para as duas variedades. A seleção massal utilizando o índice de seleção por peso econômico assegura maiores médias na seleção para as duas variedades de milho.

Palavras-chave: melhoramento de plantas; *Zea mays* L.; seleção massal.

Agradecimentos: Campus Rural da Universidade Federal de Sergipe e Associação Guardiões de Sementes



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

INDUÇÃO *IN VITRO* E CARACTERIZAÇÃO DE CALOS EM EXPLANTES DE GAVINHA DE MELOEIRO

Frederico Inácio Costa de Oliveira¹; Alexya Vitoria Felix Carvalho^{1*}; Ana Cristina Portugal Pinto de Carvalho²; Fernando Antonio Souza de Aragão².

¹Universidade Federal do Ceará. ²Embrapa Agroindústria Tropical.
*alexycarvalho2@gmail.com.

O melão (*Cucumis melo* L.) se destaca no mercado mundial de hortaliças. Nos programas de melhoramento que visam à fixação de características de interesse presentes em acessos dessa espécie, é fundamental que sejam desenvolvidos métodos eficientes de regeneração *in vitro* de plantas por meio da cultura de tecidos. Na literatura estão disponíveis protocolos para a regeneração de plantas de meloeiro, entretanto, poucos tratam da utilização de explantes excisados de plantas mantidas em casa de vegetação. Para a indução de calos a maioria dos protocolos recomendam a combinação de auxinas e citocininas. Objetivou-se com esse trabalho estudar o efeito de auxinas e citocininas na indução *in vitro* e caracterização de calos em explantes de gavinha (~1,0 cm) provenientes de plantas cultivadas em casa de vegetação, do híbrido de meloeiro Amarelo Goldex. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial (2 x 6), sendo duas condições de luminosidade (claro e escuro) e seis meios de cultivo: MS + 0,88 uM 6-benzilaminopurina (BAP); MS + 1,07 uM ácido naftalenoacético (ANA); MS + 2,00 uM ácido 2,4 diclorofenoxiacético (2,4-D); MS + 0,88 uM BAP + 1,07 uM ANA; MS + 0,88 uM BAP + 2,00 uM 2,4-D e MS sem regulador de crescimento. Os tratamentos foram compostos de 15 tubos, com um explante cada. As culturas foram mantidas em sala de crescimento a 25 ± 1 °C. Os tratamentos que receberam luz permaneceram em fotoperíodo de 16 horas de luz. Aos 60 dias, foi avaliada a presença de calos nos explantes. Para aqueles que formaram calos, foram avaliadas: massa fresca, área, intensidade de oxidação, cor, textura e presença de raiz. Para área e massa fresca, os dados foram transformados, submetidos à análise de variância e ao teste de Tukey. Os fatores foram significativos, mas não houve interação entre eles. Os explantes cultivados em meio MS + 0,88 uM BAP + 1,07 uM ANA apresentaram os maiores valores de área (2245,50 mm²) e massa fresca (440,89 mg), com textura friável. Em todos os meios testados, as cores verde e bege foram predominantes nas condições de claro e escuro, respectivamente. Foi observada presença de raiz no meio suplementado apenas com ANA, nas duas condições de luminosidade. Na condição de claro houve intensa oxidação apenas no meio sem regulador de crescimento. Já na condição de escuro, os meios que continham 2,4-D apresentaram os menores níveis de oxidação. Portanto, recomenda-se para a indução *in vitro* de calos em gavinhas o meio de cultivo composto pela combinação de BAP e ANA na condição de claro.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; auxina; citocinina.

Agradecimentos: CNPq e EMBRAPA.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

INFLUÊNCIA DA DENSIDADE DE PLANTAS NO DESENVOLVIMENTO REPRODUTIVO DO ALGODÃO DE FIBRA COLORIDA

Gabriela Santana de Souza¹; Gabriel Amaral Alves¹; Myllena Fernandes Garcia¹; Henrique Francisco Pires¹; Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso¹; Larissa Barbosa de Sousa¹

¹Universidade Federal de Uberlândia/Uberlândia-MG/Brasil.

*gabriela.santana.souza1@gmail.com

O algodoeiro herbáceo possui uma notável importância econômica mundial e também no Brasil pela sua produção de fibra natural, além de fornecer alimento para animais e matéria prima (sementes) para a produção de óleo. O algodoeiro possui fibras naturalmente coloridas e com as pesquisas que foram desenvolvidas foram adquirindo variedades de cores padrões de algodões. O objetivo deste trabalho foi avaliar a interferência densidades de semeadura no desenvolvimento reprodutivo do algodoeiro de fibra colorida. O experimento foi realizado na cidade de Uberlândia-MG, na Fazenda Experimental Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), na área do Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG), na safra 2017/2018, a campo. Foi avaliado um genótipo de algodão de fibra colorida (UFUJP-16) com populações de plantas utilizando-se 4; 8; 10; 12 e 14 plantas por metro. O experimento foi realizado em blocos casualizados (DBC), com quatro repetições. As unidades experimentais apresentaram 4 x 5 metros e 4 linhas espaçadas em um metro entre linhas, sendo as duas centrais caracterizadas como área útil. Os caracteres morfológicos avaliados foram: a) número de botões (NB), b) Número de flores (NF), c) número de Maça (NM), d) número de capulho (NC) e e) produtividade de algodão em caroço (PAC) (kg ha⁻¹). Os dados foram submetidos ao teste de médias (Teste de Tukey) com o auxílio do programa Sisvar. Houve variação entre as densidades avaliadas na quantidade de partes reprodutivas avaliadas. Em geral, as densidades apresentaram alto potencial produtivo. Dentre as densidades promissoras, densidades com 4 e 8 plantas⁻¹, apresentaram maior quantidade de partes reprodutivas em NB, NF, NM e NC. A densidade de 10 plantas⁻¹ apresentou uma quantidade maior de NM e NC. Em PAC não apresentaram diferença entre as densidades. Com os resultados obtidos, recomenda-se as densidades 8 a 10 plantas⁻¹, já que apresentaram bom desenvolvimento reprodutivo e PAC.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*; adensamento; competição intraespecífica.

Agradecimento: FAPEMIG e AMIPA



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

INFLUÊNCIA DOS ESPAÇAMENTOS ENTRE LINHAS SOBRE O ABORTAMENTO DE ESTRUTURAS REPRODUTIVAS NO ALGODOEIRO

Patricia de Sousa Soares^{1*}; Izabela Motta Pimentel¹; Vinícius Mendes Parreira Cruz¹; Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso¹; Larissa Barbosa de Sousa¹

¹Universidade Federal de Uberlândia/Uberlândia-MG/Brasil. *patriciasoaresb@hotmail.com

Com uma crescente demanda mundial pela fibra de algodão, tornou-se de suma importância determinar os vários fatores que podem influenciar no desenvolvimento desta cultura, sendo um deles, o espaçamento entre linhas. Uma menor distância entre linhas pode proporcionar um melhor aproveitamento da radiação solar, em contrapartida, a transpiração das plantas em cultivo adensado aumenta, o que, conseqüentemente eleva o risco da ocorrência de estresse hídrico no período inicial do desenvolvimento reprodutivo da cultura, podendo causar o abortamento das estruturas reprodutivas. Portanto, este trabalho tem por objetivo, avaliar o efeito do espaçamento entre linhas no abortamento de estruturas reprodutivas na cultura do algodoeiro. O preparo da área foi feito com um subsolador da forma convencional, uma aração e duas gradagens. Realizou-se a correção de acidez do solo e adubação conforme a necessidade da cultura. Foram avaliados quatro espaçamentos, sendo de 0,50; 0,65; 0,75; 0,85m entre linhas de plantio. O material avaliado foi o genótipo UFUJP-17 de fibra colorida, pertencente ao Programa de Melhoramento Genético do Algodoeiro (PROMALG-UFU). O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições, totalizando 16 parcelas. As avaliações foram semanais, contando a quantidade de estruturas reprodutivas por planta. Os resultados pela análise de variância mostram que independente do espaçamento utilizado as médias de abortamento não foram significativas. O tempo entre avaliações foi significativo pelo teste f, pois, com o avanço do tempo houveram diferenças de abortamento entre os espaçamentos, o que pode ser explicado pela fenologia do algodoeiro, uma vez que, o crescente pegamento das estruturas no decorrer das avaliações, acarretou na diminuição desta queda. Conclui-se que, os espaçamentos não interferiram na taxa de abortamento de estruturas, mas sim, o tempo entre as avaliações.

Palavras-chave: adensamento; PROMALG; *Gossypium hirsutum* L.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Associação Mineira de Produtores de Algodão (AMIPA).



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

LIMPEZA CLONAL VIA TERMOTERAPIA DE PLANTAS DE MANDIOCA INFECTADAS POR PATÓGENOS SISTÊMICOS

Jocilene dos Santos Pereira^{1*}; Maria Selma Alves Silva Diamantino²; Danilo Almeida Brito¹; Amanda Gabrielly Santana Silva¹; Saulo Alves Santos de Oliveira²; Eder Jorge de Oliveira²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.

*jocilenepereira@outlook.com.br

A mandioca (*Manihot esculenta* Cranz) é uma das principais fontes de carboidratos para países em desenvolvimento, especialmente para o Brasil. A propagação vegetativa é a principal estratégia utilizada pelos produtores garantindo a uniformidade genética da cultura, entretanto, este modelo de propagação contribui para o acúmulo e disseminação de doenças sistêmicas, como o couro de sapo e mosaico das nervuras (*Cassava vein mosaic virus* – CsVMV) que causam perda de produtividade e redução da qualidade do material propagativo. O couro de sapo da mandioca possui etiologia complexa, atribuída principalmente à fitoplasma. Dessa forma é de suma importância desenvolver técnicas para resgatar genótipos infectados por meio da limpeza varietal, assim como testar a eficiência destes tratamentos. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a viabilidade do uso da termoterapia para limpeza de acessos de mandioca infectados por fitoplasma e vírus. Foram coletadas manivas de 10 acessos de mandioca (BGM 0331, BGM 0343, BGM 0599, BGM 0667, BGM 0821, BGM 1138, BGM 1160, BGM 1311, BGM 1539, BGM 1593) pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, infectados com couro de sapo e CsVMV, identificadas por meio dos sintomas característicos da doença. Em seguida foram plantadas em câmara térmica com condições que atingem temperaturas de até 55 °C e umidade relativa de 90%, em substrato areia lavada e vermiculita, efetuando-se dois subcultivos. Após o crescimento das plantas foram realizadas amostragens de folhas, organizadas em amostras compostas com 5 plantas por amostra de cada genótipo avaliado. O DNA total foi extratido e utilizado em reações de PCR visando a amplificação das sequências-alvo relativas ao fitoplasma e a CsVMV. Dos diferentes acessos submetidos à termoterapia em câmara térmica, três foram positivos com amplificação do fragmento esperado (1200 pb): BGM 0331, BGM 0821 e BGM 1160. De acordo com as análises para CsVMV os genótipos BGM 0331, BGM 0667 e BGM 1311 encontram-se infectados com o vírus apresentando o fragmento esperado (750 pb), os demais mostraram-se livres destes patógenos, indicando um percentual de 70% de limpeza para ambas as doenças. O tratamento termoterapia mostrou-se eficiente na maioria dos acessos analisados para o fitoplasma e CsVMV, indicando o potencial de uso da técnica para a limpeza clonal de plantas de mandioca. No entanto a presença de acessos infectados indica a necessidade de ajustes no protocolo de termoterapia visando a limpeza completa de patógenos sistêmicos.

Palavras-chave: couro de sapo; patógenos; tratamento.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

MANDIOCAS DE MESA EM ÁREA DE MATA ALTERADA DE RORAIMA NA SAFRA 2017/2018

Everton Diel Souza^{1*}

¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa. *everton.souza@embrapa.br

Em 2009, a Embrapa Roraima começou a participar de um projeto de rede de mandioca de mesa, também conhecida como macaxeira, mandioca mansa ou aipim, a qual é bastante cultivada no Estado, sendo destinada notadamente ao consumo in natura. No projeto que tem abrangência nacional, participam cultivares introduzidas dos Bancos de Germoplasma das Embrapas de Cruz das Almas-BA, Manaus-AM e Planaltina-DF, além de cultivares coletadas no Estado que atuam como testemunhas para comparação de comportamento. As avaliações consistem em ensaios com repetições, nos ecossistemas de mata alterada e de Cerrado para melhor caracterização dos materiais adaptados. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar o comportamento de cultivares de mandioca de mesa em área de mata alterada de Roraima. Foram avaliadas 16 cultivares na safra 2017/2018: Aciolina, Aipim Brasil, Aipim Manteiga, Branquinha, BRS Dourada, BRS Gema de Ovo, BRS Jari, BRS 398, BRS 399, BRS 401, Conquista 2, Manteiga, Folha Fina, Pioneira, Retrói e Roxona. Os genótipos foram avaliados em delineamento de blocos casualizados com três repetições e a colheita foi realizada aos 12 meses do plantio. Por ocasião da colheita foram realizadas as medições dos dados de produção incluindo-se a produção de raízes, o peso das raízes com tamanho comercial (média de 30 cm de comprimento e entre 4 e 5 cm de diâmetro) e o teor de matéria seca e de amido das raízes. Com os dados da produção total de raízes e da porcentagem de amido de cada cultivar foram obtidas as médias de produtividade de amido e convertidas em toneladas por hectare. As médias foram comparadas estatisticamente pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade. As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso de raízes comerciais foram a Branquinha (8,2 t.ha⁻¹), Conquista 2 (8,0 t.ha⁻¹), BRS 398 (7,5 t.ha⁻¹), BRS 399 (7,4 t.ha⁻¹), Folha Fina (6,5 t.ha⁻¹) e BRS Dourada (5,9 t.ha⁻¹). As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso total de raízes foram a Conquista 2 (18,1 t.ha⁻¹), Pioneira (15,9 t.ha⁻¹), BRS 399 (15,8 t.ha⁻¹), Folha Fina (14,9 t.ha⁻¹), Manteiga (13,3 t.ha⁻¹) e BRS Dourada (13,2 t.ha⁻¹) não diferindo estatisticamente entre si, porém apresentando produtividades acima da média do experimento que foi de 11,1 t.ha⁻¹. As maiores produções de amido em toneladas por hectare foram das cultivares Folha Fina (2,97 t.ha⁻¹), Conquista 2 (2,65 t.ha⁻¹), BRS Dourada (2,59 t.ha⁻¹), BRS Gema de Ovo (2,33 t.ha⁻¹), Retrói (1,78 t.ha⁻¹), Aipim Manteiga (1,70 t.ha⁻¹) e Roxona (1,65 t.ha⁻¹), que não diferiram significativamente entre si. As cultivares Folha fina, Conquista 2, BRS Dourada e BRS Gema de Ovo mostraram-se mais promissoras para indicação de plantio em área de mata alterada no estado de Roraima.

Palavras-chave: *Manihot esculenta* Crantz; macaxeiras; produtividade de raízes.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

MEIO DE CULTURA PARA INDUÇÃO DE CALOS EMBRIOGÊNICOS EM PALMA DE ÓLEO

Marcília Gabriella Tavares Monteiro^{1*}; Joanne Moraes de Souza²; Oriel Filgueira de Lemos³; Rui Alberto Gomes Junior²; Hugo Alves Pinheiro²; Gabriela Tavares Pires⁴

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ¹Embrapa Amazônia Oriental. *gabytmonteiro@gmail.com

A embriogênese somática em palma de óleo (híbrido interespecífico *Elaeis oleífera* x *E. guineensis*) é uma alternativa para a propagação em massa de plantas elites e a indução de calos embriogênicos é uma fase importante nesse processo. Com o objetivo de determinar a composição do meio de cultura para indução de embriogênese somática em palma de óleo foi conduzido na Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, pesquisas com diferentes estádios de maturação de inflorescências (9; 11; 12; 14 e 15) do híbrido BRS Manicoré em meio básico de cultura MS (Murashige e Skoog) com completa (MS) e metade da concentração dos sais (½ MS) e picloram (0; 225; e 450 µM), constituindo os seguintes tratamentos: T1 – Meio MS; T2 – Meio MS + 225 µM de picloram; T3 – Meio MS + 450 µM de picloram; T4 – Meio ½ MS; T5 – Meio ½ MS + 225 µM de picloram; T6 – Meio ½ MS + 450 µM de picloram. Cada tratamento composto de 6 repetições (frascos) com 5 explantes. As inflorescências passaram por processos de pré-asepsia e asepsia antes da inoculação dos explantes, segmentos de ráquias. Após 30 dias, foram avaliados o percentual de oxidação e de indução de calos embriogênicos. No meio T4 foi observado maior porcentagem de oxidação para todos os explantes, exceto a inflorescência 11 que não teve oxidação. A composição do meio para a inflorescência 12 foi muito semelhante na indução de calos embriogênicos, pois cinco dos seis tratamentos apresentaram estruturas embriogênicas em 100% dos explantes e apenas o T3 apresentou em 96,6%. A concentração do picloram tanto em meio ½ MS quanto MS influenciou na formação de estruturas embriogênicas em todos os explantes viáveis, e a 450 µM variou de 83,4 a 100% ficando evidente na inflorescência 9 (96,6 e 100%). A composição do meio teve maior influência na indução de estruturas embriogênicas nos explantes das inflorescências mais velhas (12; 14 e 15), principalmente contendo picloram na composição do meio de cultura e na inflorescência mais jovem (9) somente ocorreu estruturas embriogênicas em meio de cultura contendo picloram. Portanto, a composição do meio de cultura é importante na indução de estruturas embriogênicas e independente da concentração dos sais de MS recomenda-se 450 µM de picloram.

Palavras-chave: micropropagação; MS; Picloram.

Agradecimentos: Ao CNPq pelo financiamento da pesquisa, a CAPES pela concessão de bolsa de doutorado do primeiro autor, a Embrapa pelo apoio no desenvolvimento da pesquisa e a Marborges Agroindústria pela doação do material vegetal.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

OTIMIZAÇÃO DA EXTRAÇÃO PROTEICA DE RAÍZES DE MELOEIRO VISANDO ANÁLISE PROTEÔMICA

Pedro Sidarque Lima Pinto^{1*}; Jorge Alves da Silva Neto¹; Rhut Mikaella Alves Dantas Medeiros¹; Gilsivan Sales Medeiros de Aquino¹; Suzana Marjorie freire e Silva¹; Ioná Santos Araújo Holanda¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *pedrosidarque@hotmail.com

A utilização e otimização de métodos que possam ser utilizados e que confiram uma maior quantidade e qualidade de proteínas é algo essencial para diversas linhas de estudos proteômicos. O uso de tampões adequados em protocolos é essencial para o sucesso da extração, pois possibilitam a obtenção do extrato de qualidade. Isolar proteínas com eficiência é uma etapa precursora na identificação de proteínas associadas a caracteres agrônômicos de importância, tornando-se assim, uma relevante ferramenta na seleção de plantas superiores como fonte de recursos genéticos. Objetivou-se nesse estudo selecionar tampões adequados para extração de proteínas de raízes de meloeiro. Inicialmente sementes dos acessos de melão CH FROM 1 e A-50 foram semeadas em casa de vegetação onde foram dispostas em vasos de 750 mL contendo 1:1 de areia e substrato Tropstrato®. As raízes dos acessos foram coletadas no trigésimo dia após a semeadura para posterior extração das proteínas. Essas foram inicialmente higienizadas e secas em estufa a 37 °C por 1 hora. Em seguida, 500mg das amostras foram maceradas em cadinhos contendo nitrogênio líquido e adicionadas em microtubos contendo diferentes tampões para as extrações, sendo estes, tampão salino [50 mM Tris, 500 mM NaCl, 50 mM EDTA, 5 mM MgCl₂, 2 mM PMSF, pH 7.5], tampão sacarose [700 mM sacarose, 500 mM Tris, 50 mM EDTA, 100 mM KCl, 2 mM PMSF, pH 8.0] e o tampão glicerol [50 mM Tris-HCl, 5% glicerol, 100 mM KCl, 100 mM β-mercaptoetanol, 4% Triton, 2 mM PMSF, pH 8.0]. Logo após, as amostras foram agitadas com gelo em agitadores orbitais por 1 hora e em seguida centrifugado a 10.000g por 40 minutos. Os sobrenadantes foram colocados em microtubos e armazenados em freezer a -20 °C. Para a quantificação das proteínas, foi utilizado o espectrofotômetro pelo método de Bradford. O tampão identificado como melhor em nível de concentração foi o tampão glicerol, com 18,92 µg/µL de proteínas para o acesso CH FROM 1 e 19,96 µg/µL para o A-50, os demais tampões foram menos satisfatórios, tampão salino, 2,52 µg/µL de proteínas para o CH FROM 1 e 3 µg/µL para o A-50, e o tampão sacarose, 3,4 µg/µL para o CH FROM 1 e 3,36 µg/µL para o A-50. Os resultados obtidos são de grande relevância para estudos futuros com proteômica de raízes de meloeiro como SDS-PAGE, eletroforese bidimensional e sequenciamento de proteínas, sendo de grande utilidade para diminuir os custos de tempo e recursos para pesquisas posteriores.

Palavras-chave: tampão glicerol; quantificação; *Cucumis melo* L.



OTIMIZAÇÃO DO PROTOCOLO DE EXTRAÇÃO DE PROTEÍNAS DE RAÍZ DE MELANCIA

Gilsivan Sales Medeiros de Aquino¹; Suzana Marjorie Freire e Silva¹; Jorge Alves da Silva Neto¹; Pedro Sidarque Lima Pinto¹; Anna Luisa de Carvalho Brito¹; Ioná Santos Araújo Holanda¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *gilsivan.sales@gmail.com

A cultura da melancia (*Citrullus lanatus*) é de grande importância agrônômica para o Semiárido brasileiro. A proteômica surge como uma ferramenta que permite a identificação de proteínas que podem estar associadas a diferentes respostas fisiológicas vegetais. Nesse sentido, a extração de proteínas torna-se uma importante etapa para tal estudo. Este trabalho teve como objetivo otimizar um método de extração de proteínas de raízes de melancia visando futuros estudos proteômicos. Assim, sementes de melancia Crimson Sweet foram germinadas e após 30 dias foram coletadas amostras de raízes para posterior extração. O método de extração de proteínas por TCA/Acetona modificado foi empregado. No método I, o tecido vegetal foi seco em temperatura ambiente e o pulverizado (0,2 g) foi ressuspenso em 1 mL de tampão de extração (40 mM TrisHCl (pH 7,5), 0,2% (m/v) Polivinil pirrolidona (PVP) (Sigma), 250 mM sacarose, 10mM EDTA, 1% (v/v) triton X-100, 1 mM PMSF e 2% (v/v) β-mercaptoetanol). A amostra foi mantida sob agitação constante em gelo por 2 horas e centrifugado a 12.000 g a 4 °C por 15 minutos. Ao sobrenadante foram acrescentados 4 volumes de solução 10% de TCA em acetona e incubado a -20 °C por 12 horas. Posteriormente, centrifugou-se as amostras nas mesmas condições descritas acima e lavado por três vezes com solução de 10% de TCA/acetona e uma vez em etanol 80%. O precipitado foi seco e ressuspenso em tampão de solubilização em 50uL (7M ureia, 2M tioureia e 2% de Triton x-100) e em seguida armazenados a -20 °C. No método II, a extração das proteínas foi submetida ao mesmo protocolo descrito com exceção ao tratamento dado ao tecido vegetal, que foi liofilizado antes da extração e ao final do processo foi sonificado quatro vezes por 30 segundos. A concentração proteica foi determinada de acordo com o método de Bradford utilizando espectrofotômetro. Como resultado, pôde-se observar que o método II apresentou-se mais satisfatório com relação à concentração proteica (1,45 µg/µL) que o método I (0,45 µg/µL). Estes resultados sugerem que, com a liofilização dos tecidos, a remoção da água presente na amostra pode ter corroborado em facilitar o isolamento das proteínas. Além disso, a sonicação pode ter favorecido a dissociação das proteínas de outras biomoléculas e/ou eventuais contaminantes. Assim, podemos concluir que liofilizar tecidos vegetais antes da extração proteica bem como sonicar as proteínas após o seu isolamento favorecem a obtenção de proteínas em maior concentração. Os resultados aqui apresentados são de grande relevância em futuras análises proteômicas.

Palavras-chave: TCA/Acetona; *Citrullus lanatus*; proteômica.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PADRÃO DE HERANÇA DA CONCENTRAÇÃO DE FERRO E DE ZINCO EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO

Skarlet De Marco Steckling^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Henrique Caletti Mezzomo¹; Iuri Paulo Somavilla¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS.
*kati_ste@hotmail.com

O desenvolvimento de cultivares de feijão com variabilidade genética para a concentração de ferro e de zinco nos grãos, atende à demanda de consumidores que apresentam exigências nutricionais diferentes. Os objetivos deste trabalho foram avaliar o padrão de herança da concentração de ferro e de zinco em feijão Mesoamericano e selecionar linhagens com baixa e alta concentração desses minerais. As hibridações controladas foram realizadas entre as linhagens CNFP 10104 (grãos preto) x CHC 01-175 (grãos carioca: tegumento creme com estrias marrons). As gerações segregantes foram avançadas até geração F_5 pelo Método Descendência de uma Única Semente. As linhagens F_5 obtidas foram avaliadas em experimentos de campo no cultivo de safrinha 2017 (geração $F_{5.6}$) e de safra 2017/2018 (geração $F_{5.7}$). O primeiro experimento foi conduzido em delineamento de blocos aumentados, com duas repetições, sendo avaliados 103 genótipos de feijão: 100 linhagens $F_{5.6}$ e três testemunhas (CNFP 10104, CHC 01-175 e Pérola). O segundo experimento foi instalado em delineamento látice simples 11 x 11. Os tratamentos foram constituídos por 121 genótipos de feijão, sendo 100 linhagens $F_{5.7}$, dois parentais (CNFP 10104 e CHC 01-175) e 19 cultivares (testemunhas). As concentrações de ferro e de zinco foram determinadas por digestão nítrica-perclórica e leitura em espectrofotômetro de absorção atômica. Efeito significativo para tratamento foi observado na análise de variância para a concentração de ferro e de zinco nas gerações $F_{5.6}$ e $F_{5.7}$, evidenciando que foram obtidas linhagens de feijão Mesoamericano com variabilidade genética para esses minerais. A concentração de ferro variou de 57,95 a 91,85 mg kg⁻¹ de matéria seca (MS) na geração $F_{5.6}$ e de 49,52 a 102,82 mg kg⁻¹ de MS na geração $F_{5.7}$ e as distribuições de frequência obtidas demonstraram uma variável aleatória contínua. Para a concentração de zinco foi observada uma amplitude de variação maior na geração $F_{5.6}$ (21,50 a 44,70 mg kg⁻¹ de MS) em relação a geração $F_{5.7}$ (17,42 a 29,33 mg kg⁻¹ de MS), sendo constatada distribuição contínua em ambas gerações. A concentração de ferro e de zinco em linhagens de feijão Mesoamericano em geração $F_{5.6}$ e $F_{5.7}$ apresenta padrão de herança quantitativa. A partir do cruzamento entre CNFP 10104 x CHC 01-175 foram obtidas linhagens de feijão Mesoamericano com baixa e alta concentração de ferro e de zinco. Isso possibilita a seleção e o lançamento de novas cultivares de feijão para uso em dietas que precisam restringir ou aumentar a concentração desses minerais.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; distribuição de frequência; seleção.

Agradecimentos: CNPq e CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PARÂMETROS GENÉTICOS DA CONCENTRAÇÃO DE FÓSFORO E DE FITATOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO

Nerineia Dalfollo Ribeiro^{1*}; Skarlet De Marco Steckling¹; Henrique Caletti Mezzomo¹; Greice Godoy dos Santos¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS.
*nerineia@hotmail.com

O desenvolvimento de linhagens de feijão com variabilidade genética para a concentração de fósforo e de fitatos nos grãos proporciona a oferta de feijão com variação na composição nutricional, atendendo diferentes necessidades alimentares. O objetivo deste trabalho foi obter estimativas de parâmetros genéticos para a concentração de fósforo e de fitatos nos grãos de feijão Mesoamericano para subsidiar o programa de melhoramento de biofortificação do feijão. Para tanto, foram realizadas hibridações controladas entre duas linhagens de feijão Mesoamericano, a CNFP 10104 que possui grãos pretos e a CHC 01-175 que tem grãos carioca (tegumento creme com estrias marrons). As progênies obtidas foram avançadas pelo método Descendência de uma Única Semente até a geração F_5 . A geração $F_{5,6}$ foi avaliada em cultivo de safrinha 2017, em delineamento de blocos aumentados, com duas repetições. Os tratamentos foram constituídos por 103 genótipos de feijão, sendo 100 linhagens $F_{5,6}$ e três testemunhas (CNFP 10104, CHC 01-175 e Pérola). A geração $F_{5,7}$ foi conduzida em cultivo de safra 2017/2018, em delineamento látice simples 11 x 11. Nesse experimento foram avaliados 121 genótipos de feijão: 100 linhagens $F_{5,7}$, dois parentais (CNFP 10104 e CHC 01-175) e 19 cultivares (testemunhas). A concentração de fósforo foi obtida por digestão em solução de ácido nítrico-perclórico (3:1) e leitura em espectrofotômetro de emissão ótica. A concentração de fitatos foi determinada pelo porcentual de ácido fítico em espectrofotômetro UV/visível, na faixa de 500 nm. Na análise de variância foi constatado efeito significativo para tratamento para a concentração de fósforo e de fitatos nas gerações $F_{5,6}$ e $F_{5,7}$, indicando que há variabilidade genética para esses caracteres em feijão Mesoamericano. Estimativas de herdabilidade de alta magnitude foram obtidas para a concentração de fósforo ($h^2 = 98,68\%$) e de fitatos ($h^2 = 97,47\%$) em geração $F_{5,6}$, pois a variância genética apresentou maior proporção na variância fenotípica. No entanto, em geração $F_{5,7}$ menores valores de herdabilidade foram observados para a concentração de fósforo ($h^2 = 30,31\%$) e de fitatos ($h^2 = 73,63\%$) em feijão Mesoamericano. A partir do cruzamento entre CNFP 10104 x CHC 01-175 se espera maiores dificuldades para a seleção de linhagens de feijão biofortificadas para fósforo, devido a maior expressão da variância do ambiente. A seleção de linhagens de feijão Mesoamericano com baixa e alta concentração de fitatos nos grãos é facilitada devido a alta herdabilidade desse caráter.

Palavras-chave: variabilidade genética; herdabilidade; seleção.

Agradecimentos: CNPq; CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS EM ACESSO DE AMENDOIM

Maria Valnice de Souza Silveira^{1*}; Larissa Maria Chaves de Oliveira¹; Matheus Lima Oliveira¹; Ana Kelly de Sousa Julião¹; Maryssol Torres Gadelha¹; Lucas Nunes da Luz¹

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Desenvolvimento Rural, Redenção-CE, Brasil. *valnicesilveira@gmail.com

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.), cultivar oleaginosa de relevância mundial, expandiu-se nos segmentos in natura e de confeitaria devido seu alto valor nutricional, bem como sua variedade de consumo. A leguminosa possui expressivo potencial para o desenvolvimento regional sustentável, uma vez que se adapta bem ao ambiente do semiárido Brasileiro e tem seu ciclo de produção entre 90 e 120 dias, do plantio à colheita, a depender da subespécie escolhida. Buscou-se neste trabalho, estimar os parâmetros genéticos que mais se destacam significativamente em uma coleção de 50 acessos de amendoim proveniente de um banco de germoplasma, capaz orientar no programa de melhoramento, para o desenvolvimento de acessos adaptados à macrorregião do Maciço de Baturité, Ceará. Foram avaliados 50 acessos pertencentes a diferentes regiões e países. O experimento foi realizado na Fazenda Experimental Piroás, em Redenção/CE em blocos casualizados com três repetições. As plantas foram espaçadas em 0,4 x 0,7 m e cultivadas em regime de sequeiro. A colheita se deu a partir dos 90 dias após o plantio. Foram avaliados sete descritores agrônômicos ligados à produção. Os dados coletados foram submetidos à análise de variância e teste de média no software *Genes*. Os descritores, número de ginóforo total (NGT), peso de 100 vagens (P100V) e peso de 100 sementes (P100S) foram significativos ao teste F. A herdabilidade média de família para estes descritores foi de 33,94 %, 62,66 % 73,25%, respectivamente. Esses valores de herdabilidade, embora com valor mediano para NGT, demonstram a variabilidade da população e amplo aspecto de identificação de genótipos com alta média para formação de população segregante. As melhores médias para NGT foram UNILAB 05 e UNILAB 70. Para P100V foram UNILAB 138 e UNILAB 125 e para o P100S foram 138 e 130. O acesso UNILAB 70, UNILAB 113 e UNILAB 138 apresentam características satisfatórias para a formação de uma população segregante com destaque em média de produção e excelente comportamento de campo.

Palavras-chave: *Arachis hypogaea* L.; melhoramento; recursos genéticos.

Agradecimentos: à UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

POTENCIAL GENÉTICO DE VARIEDADES DE MILHO PIPOCA CONSERVADAS *IN SITU* ON FARM NO EXTREMO OESTE DE SANTA CATARINA

Rose Mari Seledes^{1*}; Juliana Bernardi Ogliari¹; Estêvão Augusto Lomberti Melhorança¹; Rosenilda de Souza¹; Wagner Bastos dos Santos Oliveira¹

¹Universidade Federal de Santa Catarina/UFSC. *rosemariseledes@gmail.com

O Extremo Oeste de Santa Catarina é considerado um reservatório de genes para o melhoramento de milho. Recentemente, foram identificadas 1.513 variedades locais, em Anchieta e Guaraciaba, SC. A caracterização, avaliação morfológica e avaliação agrônômica destas variedades permitem a identificação de atributos de interesse para o melhoramento, por meio do germoplasma local adaptado, podendo estimular o uso e manutenção da conservação deste recurso genético. Objetivou-se com este trabalho identificar materiais promissores para o desenvolvimento de um programa de melhoramento genético participativo de milho pipoca. Para tanto, um experimento foi conduzido, na safra 2016/2017, na Fazenda Experimental da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), em Florianópolis/SC, constituído por 10 variedades catarinenses de milho pipoca. O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram constituídas por três fileiras de 5 m, com densidade de 50.000 plantas ha⁻¹ e área útil de 4 m². Foram apreciadas características morfológicas e agrônômicas, a saber: altura de planta (AP), altura (AE), posição relativa (PR=AP/AE) e peso de espiga (PE), espessura (E), largura (L), comprimento (C) e índice de circularidade (IC=E/(L+C)) de grão. As variáveis que apresentaram diferença significativa pelo Teste F foram submetidas ao Teste de Skott e Knott à 5%. Houve diferenças para todas as variáveis avaliadas. A variedade 2489D apresentou as menores medidas de altura (AP e AE), bem como a menor PR (0,47). As variedades 880A, 977A, 574A e 2489D tiveram os maiores valores de PE, com média de 52,25 g e elevados valores de IC, com média de 0,33. As demais variedades apresentam médias intermediárias. AP e PR estão estreitamente ligadas à resistência ao acamamento; a variedade 2489D destacou-se nestes critérios, apresentando valor médio próximo à 0,5, muito semelhante aos estimados para cultivares comerciais. Considerando que as variáveis IC e capacidade de expansão são correlacionadas, as variedades 880A, 977A, 574A e 2489D apresentaram elevado potencial para a qualidade da pipoca. Existe diversidade entre as variedades de milho pipoca avaliadas, podendo servir como fonte de alelos a variedade 2489D, para reduzir a altura das plantas e aumentar a resistência ao acamamento; e as variedades 880A, 977A, 574A e 2489D, para elevar a produção e a capacidade de expansão, através do índice de circularidade dos grãos.

Palavras-chave: avaliação morfológica e agrônômica; pré-melhoramento genético; *Zea mays* L.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PRÉ-ACLIAMATIZAÇÃO *IN VITRO* DE SISAL HÍBRIDO 11648

Ila Adriane Maciel de Faro^{1*}; Fabio Ribeiro Garcia²; Cristina Ferreira Nepomuceno¹;
Moema Angélica Chaves da Rocha¹; Maria Angélica Pereira de Carvalho Costa¹;
Francieli da Silva¹

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste.
*ilafaro@hotmail.com

O sisal é um vegetal que apresenta características morfoanatômicas que contribuem para minimizar a perda de água, contudo, estas características morfoanatômicas não são suficientes para favorecer a sobrevivência de mudas micropropagadas durante a fase de aclimatização. Este trabalho teve como objetivo avaliar as respostas morfológicas de plantas micropropagadas do sisal híbrido 11648 durante a fase de pré-aclimatização e aclimatização. Como explantes, foram utilizadas brotações de sisal híbrido 11648 com 3,0 cm de altura. Os explantes foram transferidos para tubos de ensaio contendo meio de cultura MS com diferentes concentrações dos sais ($\frac{1}{2}$ MS ou MS) e de sacarose (15 ou 30 g L⁻¹) e vedados com tampa plástica ou fita hipoalergênica micropore[®] 3M. As culturas foram mantidas em sala de crescimento com temperatura de 25 ± 2 °C, densidade de fluxo de fótons de $60 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ e fotoperíodo de 16 h. O delineamento experimental utilizado foi em esquema fatorial $2 \times 2 \times 2$ (concentrações de sais do MS, concentrações de sacarose e tipo de vedação) totalizando 8 tratamentos. Cada tratamento foi composto por 10 repetições, sendo que cada repetição composta por uma planta por tubo. Para as avaliações morfofisiológicas, foram avaliados o número de folhas, comprimento de parte aérea, porcentagem de explantes enraizados, número de raízes, comprimento da maior raiz, fitomassa fresca de parte aérea, fitomassa fresca de raiz, massa seca da parte aérea, massa seca de raiz e área foliar e porcentagem de sobrevivência. O número de folhas e número de raízes foram avaliados através da contagem manual. O comprimento de parte aérea e comprimento da maior raiz foram medidos com o auxílio de régua graduada. As fitomassa fresca de parte aérea, fitomassa fresca de raiz foram mensuradas através de balança analítica de precisão. Para mensuração das massas secas, as amostras permaneceram em estufa de circulação forçada de ar por 72 horas, a 70 °C até peso constante. A área foliar foi obtida através do Scanner foliar CI-202 Portable Laser Leaf Area Meter CID Bio-science. A concentração de 30 gL⁻¹ de sacarose combinada com a concentração de 50% de sais do meio MS favoreceu o crescimento e porcentagem de sobrevivência de plantas do híbrido 11648, independente do tipo de vedação dos tubos.

Palavras-chave: meio de cultura; sacarose; vedação.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PRODUTIVIDADE E QUALIDADE DE SELEÇÕES AVANÇADAS DE UVAS DE MESA NO VALE DO SÃO FRANCISCO

Patrícia Coelho de Souza Leão^{1*}; Witalo da Silva Sales²; Francine Hiromi Ishikawa²

¹Embrapa Semiárido. ²Universidade do Vale do São Francisco. *patricia.leao@embrapa.br

As principais cultivares de uva de mesa sem sementes cultivadas no semiárido brasileiro foram introduzidas, sendo necessário o desenvolvimento de novas cultivares apirênicas adaptadas as condições edafoclimáticas dessa região, com o intuito de superar características indesejáveis das cultivares tradicionais, como baixa fertilidade de gemas, alternância de safras e sensibilidade à rachadura de bagas e doenças. Este estudo teve como objetivo avaliar seleções do programa de melhoramento de uvas de mesa sem sementes da Embrapa Semiárido, para características agrônômicas e comerciais, permitindo avanços no desenvolvimento de cultivares adaptadas ao semiárido brasileiro. Os experimentos foram conduzidos em dois locais: Campo Experimental de Mandacaru, pertencente à Embrapa Semiárido, em Juazeiro – BA (experimento 1), e área comercial, localizada no Projeto de Irrigação Maria Teresa, em Petrolina – PE (experimento 2). No experimento 1 foram avaliadas 10 seleções de melhoramento: CPATSA 05.03; 15.03; 15.04; 15.05; 15.06; 02.14; 40.05; 23.103; 42.101; 21.07), por duas safras, no segundo semestre de 2016 e no primeiro semestre de 2017. O experimento 2 foi realizado em dois locais: área comercial e campo experimental de Mandacaru, onde foram avaliadas cinco seleções de melhoramento: CPATSA 05.03; 15.03; 15.04; 15.05; 15.06, na safra do segundo semestre de 2016. Ambos os experimentos foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados com três repetições, tendo a cultivar Sugaone como testemunha. No experimento 1, a cultivar comercial Sugaone foi a menos produtiva em ambas as safras, sendo inferior em 8,6 e 9,6 vezes as seleções de melhoramento mais produtivas (CPATSA 05.03, CPATSA 21.07), na primeira e segunda safras, respectivamente. As variáveis brotação e fertilidade de gemas evidenciaram grande influência do ambiente em que os genótipos foram cultivados. Indica-se os indivíduos CPATSA 15.04 e 15.06 como os mais promissores, podendo avançar para a etapa de validação em áreas comerciais, a fim de subsidiar o lançamento dessas seleções como novas cultivares de uvas sem sementes adaptadas à região tropical semiárida brasileira.

Palavras-chave: *Vitis vinifera*; melhoramento genético; uvas apirênicas.

Agradecimentos: À CAPES pela concessão de bolsa de mestrado para o segundo autor.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

PROSPECÇÃO DE GENÓTIPOS DE INTERESSE EM UM BANCO DE GERMOPLASMA DE AMENDOIM

Ana Kelly de Sousa Julião¹; Maryssol Torres Gadelha¹; Matheus Lima Oliveira¹, Carlos Eduardo Duarte da Silva¹; Samuel Felipe Azevedo de Oliveira Castro¹, Lucas Nunes da Luz¹.

¹Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira, Instituto de Desenvolvimento Rural, Redenção-CE, Brasil. *anakelly.juliao@gmail.com

O amendoim (*Arachis hypogaea* L), cultivar oleaginosa de relevância mundial, expandiu-se nos segmentos in natura e de confeitaria devido seu alto valor nutricional, bem como sua variedade de consumo. A leguminosa possui expressivo potencial para o desenvolvimento regional sustentável, uma vez que, adapta-se bem ao ambiente do semiárido Brasileiro e têm seu ciclo de produção entre 90 e 120 dias, do plantio à colheita, a depender da subespécie escolhida. Nesse trabalho, buscou-se selecionar progênies em uma coleção de amendoim proveniente de um banco de germoplasma, para orientar um programa de melhoramento no desenvolvimento de genótipos adaptados à macrorregião do Maciço de Baturité/CE. Foram avaliados 50 acessos pertencentes a diferentes regiões e países. O experimento foi realizado na Fazenda Experimental Piroás em Redenção/CE em blocos casualizados com três repetições. As plantas foram espaçadas em 0,4 x 0,7 m e cultivadas em regime de sequeiro. A colheita ocorreu a partir dos 90 dias após o plantio. Foram avaliados sete descritores agrônômicos (número de vagens maduras, número de vagens imaturas, número de vagens totais, número de ginóforos totais (NGT), número de ginóforos do terço inferior (NGTI), peso de 100 vagens e peso de 100 sementes) ligados à produção por meio do índice de seleção clássico de Smith e Hazel. A prospecção selecionou os melhores 10 genótipos para as características avaliadas, sendo eles: UNILAB 138, UNILAB 38, UNILAB 130, UNILAB 111, UNILAB 116, UNILAB 70, UNILAB 113, UNILAB 124, UNILAB 115 e UNILAB 128. O acesso que mais se destacou foi UNILAB 138, expressivo para os descritores de peso de 100 vagens e peso de 100 sementes, mostrando-se altamente produtivo no diz respeito aos critérios básicos de comercialização. Em contrapartida, o genótipo UNILAB 113 apresentou os melhores resultados para número de vagens maduras, o que pode estar relacionado aos seus resultados quanto ao NGTI. Esses valores, no que diz respeito a NGT e NGTI são particularmente interessantes, uma vez que quanto mais ginóforos totais (NGT) e mais ainda, quanto mais esses ginóforos se localizam no terço inferior da planta, mais próximos ao solo, aumenta o número de vagens maduras.

Palavras-chave: Semiárido; melhoramento; *Arachis hypogaea* L.

Agradecimentos: à UNILAB.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE LOTE COMERCIAL DA CULTIVAR BRS MEL DO CERRADO (*Passiflora alata* Curtis)

Vera Lúcia Martins Lima^{1*}; Fábio Gelape Faleiro¹; Jamile da Silva Oliveira¹; Nelson da Cruz Barbieri¹; Roberto Viera de Carvalho²; Nilton Tadeu Vilela Junqueira¹

¹Embrapa Cerrado. ²Embrapa Produtos e Mercado. *veraluciam.lima20@gmail.com

Um dos problemas enfrentados pelos produtores de maracujazeiro está relacionado com a propagação, realizada com sementes que apresentam baixa e desuniforme germinação, dificultando assim a formação de mudas de qualidade. Para melhorar a germinação das sementes é importante que as fases da germinação, envolvendo o emprego de reguladores vegetais, sejam estudadas. Além disso a temperatura ambiental, isoladamente ou em associação com a umidade relativa do ar, tem apresentado interferências na conservação das sementes de maracujá. Objetivou-se avaliar a germinação e o índice de velocidade de germinação de um lote comercial da cultivar BRS Mel do Cerrado (*Passiflora alata*). O estudo foi realizado na Unidade de Apoio da Fruticultura da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF. Para tanto, foram testados dois tratamentos de sementes ([1- água destilada e 2- uso do regulador vegetal GA4+7 + N-(fenilmetil)-aminopurina (15 ml L⁻¹)], com quatro repetições de 50 sementes. As sementes foram colocadas para germinar em papel Germitest[®], sendo as sementes mantidas em câmara do tipo B.O.D. à 28 °C. Foram realizadas contagens para a porcentagem de germinação das sementes e para o índice de velocidade de germinação, como preconizado pelas Regras para Análises de Sementes, para o maracujazeiro azedo. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias dos tratamentos comparadas pelo teste de Tukey a 5% de significância. A utilização de regulador vegetal não apresentou efeito significativo sobre a porcentagem de germinação das sementes de BRS Mel do Cerrado armazenadas por um ano, essa ficou em média de 69,00 %. Pela análise dos resultados, houve efeito significativo apenas para o índice de velocidade de germinação, ou seja, para o lote de semente estudado, a utilização do regulador vegetal, intensificou a velocidade de germinação do lote de sementes, mas não influenciando na porcentagem final de germinação. A utilização do regulador vegetal é indispensável, pensando na uniformização de lotes de mudas e na produção mais rápida de mudas.

Palavras-chave: recursos genéticos; qualidade fisiológica de sementes; melhoramento genético.

Agradecimentos: A Embrapa, a Fapdf e a UPIS.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

RECOMENDAÇÃO DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DE FIBRA COLORIDA QUANTO A PRODUTIVIDADE

Cláudio Ricardo da Silva^{1*}; Larissa Mayara Abadia Alves¹; Thatiane de Sousa Paiva¹; Vádio Neves Belchior Júnior¹; Melissa Cristina de Carvalho Miranda¹; Daniel Bonifácio Oliveira Cardoso¹

¹Universidade Federal de Uberlândia. *claudio.ricardo@ufu.br.

O algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.) é a principal fibra têxtil natural utilizada no mundo e a fibra colorida vem ganhando destaque por apresentar coloração natural. No país devido sua importância, o algodoeiro vem se expandindo para todas as regiões do país, estabelecendo-se principalmente no bioma Cerrado. Em decorrência dessa expansão, faz-se necessário analisar a influência do ambiente sobre o potencial produtivo dos genótipos. Com base no exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a utilização do método AMMI (*Additive Mean Effects and Multiplicative Interaction Analysis*), na seleção de genótipos de algodoeiro de fibra colorida com alta adaptabilidade e estabilidade. O experimento foi conduzido em uma área experimental da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S, 48°20'W e 805m de altitude), nas safras 2013/2014, 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017, sendo cada safra considerada um ambiente de 1 a 4, respectivamente. Houve interação entre genótipos e ambientes para produtividade (GxA). O ambiente 4 (safra 2016/2017) foi o que menos contribuiu para a interação entre os genótipos e ambientes. Os genótipos UFUJP-16 e UFUPJ-17 demonstraram serem promissores para produtividade, pois apresentaram desempenho superiores e estabilidade nos ambientes testados.

Palavras-Chave: *Gossypium hirsutum*; melhoramento de plantas; interação GxA.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Associação Mineira de Produtores de Algodão (AMIPA).



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

RELAÇÃO DE PARENTESCO ENTRE VARIEDADES E PORTA-ENXERTOS DE HÍBRIDOS TRIFOLIATA EM CITROS UTILIZANDO MARCADORES SSR

Amanda Gabrielly Santana Silva^{1*}; Claudia Fortes Ferreira²; Walter Santos Soares Filho³; Andresa Priscila de Souza Ramos⁴; Taís Araújo Santos⁵;

^{1,5}Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, manda.gaby@hotmail.com*;

^{2,3,4}Embrapa Mandioca e Fruticultura.

A citricultura exerce grande importância econômica no Brasil e no Mundo, sendo responsável pela geração de empregos diretos e indiretos, contribuindo para o fortalecimento da economia, o que faz da citricultura o principal segmento econômico da fruticultura nacional e o quinto maior representante do agronegócio brasileiro. Os Porta-enxertos (PEs) de citros são em grande parte, responsáveis por esse sucesso, uma vez que a combinação copa-PE é que forma a base dos pomares e são responsáveis pela alta produtividade. As opções de PE disponíveis ainda é restrita, fazendo com que outros PEs de interesse sejam desenvolvidos. Sendo assim, a Embrapa Mandioca e Fruticultura, nos últimos 30 anos, tem selecionado PEs por apresentarem características desejáveis, como resistência/tolerância aos principais fatores bióticos e abióticos. Com a ocorrência de cruzamentos aleatórios, no Banco germoplasma, o parentesco é indeterminado. Portanto, o principal objetivo desse trabalho é fazer uso de marcadores SSR (*Simple Sequence Repeats*) para avaliar o grau de parentesco entre dois grupos de HTRs, auxiliando o subsídio de informações de registro ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Os dois grupos de PEs foram divididos da seguinte maneira: O grupo 1, composto por 4 porta-enxertos e 8 variedades, e o grupo 2, composto por 3 porta-enxertos, e 8 variedades. Foram utilizados 21 primers para a fase de amplificação do DNA, onde 11 desses apresentaram polimorfismo. Após a amplificação e eletroforese, a genotipagem das amostras foi feita, e o polimorfismo gerado foi analisado utilizando o método de número de alelos. A matriz de dissimilaridade genética, com base nos dados polimórficos, foi gerada pelo programa PowerMarker, o agrupamento pelo método, *Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages*, (UPGMA) e os dendrogramas pelo programa Statistica. Através dessas análises foi possível determinar que no primeiro grupo houve a divisão de 4 grupos distintos geneticamente, enquanto no segundo grupo, foram gerados 6 grupos distintos. Para alguns cruzamentos, havia a informação do parental feminino, entretanto, para a maioria, não havia informação do parental masculino. O possível parentesco foi baseado nas menores distâncias entre os possíveis pais e híbridos, tomando como base a matriz de dissimilaridade. A análise inicial permitiu apontar os possíveis pais dos HTRs em questão, entretanto, mais primers serão utilizados para dar mais robustez aos resultados.

Palavras-Chave: produtividade; citricultura; dissimilaridade genética.

Agradecimentos: Ao CNPq pela bolsa concedida.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

REPETIBILIDADE PARA O CARÁCTER NÚMERO DE CACHOS EM GENÓTIPOS DE MACAÚBA

Silvia Ferreira de Sá¹; Léo Duc Haa Carson Schwartzhaupt da Conceição^{2*}; Marcelo Fideles Braga²; Nilton Tadeu Vilela Junqueira²

¹Faculdade ICESP. ²Embrapa. *leo.carson@embrapa.br

A Macaúba é uma palmeira de ampla distribuição nas américas tropical e subtropical e nativa de diversas regiões brasileiras, sobretudo do cerrado. Esta espécie destaca-se por possuir diversas aplicações, principalmente no uso de seus frutos, e é considerada de elevado potencial oleaginoso na produção de matéria prima para biodiesel. A repetibilidade é um parâmetro associado à correlação fenotípica entre medidas repetidas, mede a capacidade do indivíduo repetir a expressão do caráter no tempo ou no espaço. Neste sentido, objetivou-se estimar o coeficiente de repetibilidade do caráter número de cachos em genótipos de macaúba. Foram avaliadas três safras: 2015/16, 2016/17 e 2017/2018. Os dados foram coletados de 427 plantas, entre 86 progênies de meio-irmãos, cultivadas desde dezembro de 2008 no Banco Ativo de Germoplasma de Macaúba da Embrapa Cerrados (BAGMC), em Planaltina-DF. Este foi estabelecido em delineamento experimental blocos ao caso, com três repetições e composto por parcelas de 1 a 4 plantas. O coeficiente de repetibilidade foi estimado pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML), e a predição dos valores genotípicos aditivos pela melhor predição linear não viciada (BLUP), com auxílio do software Selegen (Modelo 08). O coeficiente de repetibilidade individual foi baixo, de 0,21 para uma medição, e a acurácia seletiva foi de apenas 42%. A repetibilidade da média de três safras foi 0,44, com uma acurácia de 61%, aumentando a eficiência da seleção em 45,7%. A seleção de 40 indivíduos resultou em um ganho genético predito com o aumento de 49,4% para o caráter avaliado. Entretanto, a seleção de plantas para estabelecer uma população de melhoramento seria adequada atingir a acurácia mínima de 80%. Para tanto, será necessário o aumento do número de medições em acima de dez safras, considerando o caráter número de cachos e o conjunto de indivíduos avaliados.

Palavras-chave: modelo misto; recursos genéticos; *Acrocomia aculeata*.

Agradecimentos: À Embrapa, Finep, Petrobrás, MCTIC e CNPq.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO COMBINADA PARA ARQUITETURA DE PLANTA E COMPONENTES DA PRODUTIVIDADE EM LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO (*Phaseolus vulgaris* L.)

Greice Godoy dos Santos^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Henrique Caletti Mezzomo¹; Greice Rosana Kläsener¹; Iuri Paulo Somavilla¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS.

*godoy.greice@gmail.com

A seleção combinada para arquitetura ereta de planta e maiores valores dos componentes da produtividade possibilita significativos avanços nos programas de melhoramento de feijão, pois esses recursos genéticos raramente são encontrados na natureza. Os objetivos desse trabalho foram selecionar linhagens de feijão Mesoamericano para arquitetura ereta e alto potencial de produtividade de grãos. Dois experimentos foram instalados em cultivo de safra (2016 e 2017), em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Um total de 17 genótipos de feijão de grãos carioca e preto foram avaliados, sendo 13 linhagens e as cultivares Carioca, Pérola, BRS Valente e Guapo Brilhante utilizadas como testemunhas. A arquitetura de planta foi analisada pela inserção da primeira vagem e da última vagem em 10 plantas coletadas aleatoriamente na área útil. Os componentes da produtividade (número de vagens por planta, número de grãos por planta, número de grãos por vagem e massa de 100 grãos) e a produtividade de grãos, em kg/ha, foram avaliados. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância conjunta e o índice multiplicativo foi aplicado para a seleção combinada de genótipos superiores. Efeito significativo de genótipo ou da interação genótipo x ambiente foi observado para todos os caracteres avaliados, portanto há variabilidade genética entre as linhagens de feijão para os caracteres da arquitetura de planta e componentes da produtividade. Estimativas de herdabilidade variando de 77,75 (inserção da primeira vagem) a 89,19% (produtividade de grãos) foram verificadas, indicando possibilidades de ganho com a seleção. A soma total de ganhos obtidos pelo índice multiplicativo foi de 55,50%, com ganhos individuais adequados aos objetivos desse estudo para todos os caracteres, exceto para a inserção da primeira vagem (GS = -2,03%). Os cinco genótipos de feijão superiores selecionados pelo índice multiplicativo foram IAC Netuno, Carioca, SM 0312, BRS Valente e LP 11-117. A linhagem SM 0312, de grãos carioca, apresentou arquitetura de planta mais ereta do que a cultivar Carioca e superou essa testemunha quanto à produtividade de grãos. Do grupo preto, IAC Netuno e LP 11-117 exibiram arquitetura de planta e valores dos componentes da produtividade similares à cultivar BRS Valente (melhor testemunha deste grupo). As linhagens SM 0312, IAC Netuno e LP 11-117 possuem arquitetura de planta ereta e alta produtividade de grãos, sendo selecionadas pelo índice multiplicativo.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; índice multiplicativo; ganho com a seleção.

Agradecimentos: CNPq; CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO COMBINADA PARA MACROMINERAIS EM FEIJÃO ANDINO (*Phaseolus vulgaris* L.)

Iuri Paulo Somavilla^{1*}; Henrique Caletti Mezzomo¹; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Skarlet De Marco Steckling¹; Greice Godoy dos Santos¹

¹Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria – RS.
*iuri.somavila@hotmail.com

O desenvolvimento de linhagens de feijão com alta concentração de potássio (K), fósforo (P) e cálcio (Ca) em grãos de feijão Andino representa avanços para o programa de melhoramento, pois esses recursos genéticos são raros na natureza. O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de feijão Andino biofortificadas para K, P e Ca. Para tanto, foram realizadas hibridações controladas entre as linhagens de feijão Andino Cal 96 e Hooter. Essas linhagens apresentam grãos rajados e foram contrastantes para a concentração de minerais. Os segregantes obtidos foram avançados pelo método Descendência de uma Única Semente até a geração F₅. As linhagens F_{5,6} foram avaliadas em um experimento de campo conduzido em cultivo de safra em 2017/2018. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados, com três repetições. Os tratamentos avaliados consistiram de 61 genótipos de feijão: 57 linhagens F_{5,6}, duas linhagens parentais (Cal 96 e Hooter) e duas cultivares (Pérola e Iraí). Os macrominerais K, P e Ca foram determinados por digestão em ácido nítrico e ácido perclórico (3:1). A leitura da concentração de K foi realizada em espectrofotômetro de chama, o P em espectrofotômetro de emissão óptica e o Ca em espectrofotômetro de absorção atômica. As linhagens feijão Andino diferiram estatisticamente para os três caracteres avaliados e isso possibilita a seleção com base na concentração de K, P e Ca. A herdabilidade variou de 81,85 (Ca) a 86,90% (K), indicando a possibilidade de obtenção de ganhos significativos com a seleção para os caracteres da qualidade nutricional do feijão. A soma total de ganhos obtidos pelo índice multiplicativo foi de 61,82%, representando ganhos individuais adequados aos objetivos desse estudo: K (9,54%), P (12,61%) e Ca (39,67%). As cinco linhagens superiores selecionadas pelo índice multiplicativo foram L 11, L 18, L 33, L 16 e L 37. Dessas linhagens, a L 16 apresentou alta concentração de K (> 12 g Kg⁻¹ de matéria seca – MS) e P (> 5 g Kg⁻¹ de MS) e as linhagens L 18 e L 37 mostraram alta concentração de K e de Ca (> 1,4 g Kg⁻¹ de MS). A L 11, pela mais alta concentração de K, P e Ca, será selecionada pelo programa de biofortificação do feijão Andino. O índice multiplicativo é eficiente para selecionar linhagens de feijão Andino biofortificadas para minerais.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; biofortificação; índice multiplicativo.

Agradecimentos: CNPq; CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAJUEIRO COMUM A PARTIR DE PLANTIOS COMERCIAIS EM MUNICÍPIOS DO ESTADO DO PIAUÍ

Carlos Humberto Aires Matos Filho¹; Ediel Antunes Barbosa Rodrigues¹; Raimunda Vieira de Pinho^{1*}; Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹; Angela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *raimundinha.p@hotmail.com

O cajueiro comum (*A. occidentale*) é uma espécie de grande importância sócio-econômica, adaptada e amplamente distribuída na região Nordeste do Brasil. A variabilidade genética existente nos plantios em regiões produtoras deve ser descrita para fins de melhoramento. Assim, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e selecionar genótipos promissores de cajueiro comum em plantios comerciais, em quatro ambientes do estado do Piauí, nos municípios de Piracuruca, Barro Duro, Teresina e Ipiranga do Piauí. Na predição dos valores genotípicos, utilizou-se a abordagem de modelos mistos. As variâncias genéticas entre plantas, para todos os caracteres, nos ambientes avaliados foram significativas, com exceção do peso de amêndoa no município de Barro Duro. Os caracteres acidez titulável, sólidos solúveis totais e a relação sólidos solúveis totais/acidez titulável apresentaram mais variabilidade genética e foram menos influenciados pelo ambiente que os demais ($h^2 > 0,80$). As estimativas de correlação genética foram significativas, positivas e de média a alta magnitude ($r > 0,40$), com exceção da acidez titulável e sólidos solúveis totais, que apresentaram valores não significativos com os demais caracteres e entre si. Existe variabilidade genética para os caracteres avaliados, nas populações de cajueiro comum, nos quatro ambientes, o que é fundamental para a prática de seleção. A seleção indireta, por meio de descritores de fácil mensuração no fruto, amêndoa e pseudofruto pode proporcionar a seleção de genótipos com teores satisfatórios relação de sólidos solúveis totais/acidez titulável. Os genótipos indicados morfoagronômicos foram 115, 110, 92, 38, 108 e 103; para acidez titulável, os 31, 118 e 74; para sólidos solúveis totais, os genótipos 124 e 112; e para sólidos solúveis totais/acidez titulável, os genótipos 109 e 47. O genótipo selecionado 115 apresentou desempenho superior para a maioria dos caracteres.

Palavras-chave: *Anacardium occidentale*; BLUP; herdabilidade.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), e à Universidade Federal do Piauí pelo financiamento da pesquisa.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MANDIOCA RESISTENTES À PODRIDÃO DE MANIVA EM AMBIENTE CONTROLADO

Bruno Santos Louzado das Neves¹; Maria Selma Aves Silva Diamantino²; Jocilene dos Santos Pereira^{1*}; Danilo Almeida Brito¹; Saulo Alves Santos de Oliveira²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*jocilenepereira@outlook.com.br

A ocorrência de pragas e doenças são fatores limitantes a cultura da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), com destaque para a podridão radicular da mandioca causada por um complexo de patógenos, que pode levar até 100% de perda na produção. O uso de variedades resistentes é a prática de manejo mais eficaz para o controle desta doença. Este trabalho objetivou avaliar genótipos do Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca da Embrapa CNPMF, quanto a resistência a podridão radicular da mandioca (PRM), incitada por espécies de patógenos causadores de podridão seca (PRS) e negra (PRN). Para infestação do substrato foram utilizados seis isolados de patógenos causadores da (PRS) *Fusarium oxysporum* (SERGIPE, FM 01, FM 06, FM 09 e FM 12), *F. verticillioides* (PR2), e quatro isolados causadores de (PRN) *Lasiodyplodia theobromae* (COLO 3) e *Neoscytalidium hyalinum* (SYM 01, SYM 02 e C. CITROS). Culturas monospóricas foram crescidas em meio batata dextrose ágar (BDA), em BOD a 26±2 °C, fotoperíodo de 12 h, por sete dias. Em seguida foram obtidas suspensões de esporos e 30 mL de cada um dos isolados foram transferidos para sacos plásticos, contendo 500 g de arroz lavado, autoclavado a 120 °C, por 1 h e crescido nas mesmas condições anterior. Manivas de 8 cm foram plantadas em copos plásticos de 400 mL contendo 100 g vermiculita e adicionado 5 g do mix da fonte de inoculo arroz, em seguida foi umedecido com 30 mL (ADE). O delineamento foi em blocos casualizados, quatro repetições e 50 genótipos. A sobrevivência das plantas, apresentaram diferenças quanto a germinação, variando de 0 a 100 % entre os genótipos. A incidência de colonização externa de fungos causadores da (PRM) variou de 95 a 100%, indicando que quase todas as plantas foram colonizadas pelo patógeno, já a incidência interna apresentou uma média mínima de 25% e a máxima de 100%, enquanto o índice de colonização interno da maniva apresentou uma variação referente a 58,3 a 100%. Conforme a dispersão gráfica obtida por meio das características de resistência/suscetibilidade foi possível a formação de quatro grupos distintos: (G1) suscetível, (G2) levemente resistente, (G3) moderadamente resistente e (G4) resistente. Os grupos (G1) e (G4) destacaram semelhanças entre si, sendo possível observar uma interseção entre os dois grupos, logo apresentou um maior número de acessos, quando comparado aos outros grupos que diferiram dos demais. A metodologia aplicada, possibilitou a seleção de genótipos resistentes em estágio inicial de muda e houve variabilidade genética em relação a resistência a podridão de maniva.

Palavras-chave: patógenos; suscetibilidade; resistência.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO MESOAMERICANO COM BASE EM QUALIDADE TECNOLÓGICA E DE COZIMENTO

Greice Rosana Kläsener^{1*}; Nerinéia Dalfollo Ribeiro¹; Henrique Caletti Mezzomo¹; Iuri Paulo Somavilla¹; Greice Godoy dos Santos¹; Skarlet De Marco Steckling¹

¹Universidade Federal de Santa Maria (UFSM). *rosanaklasener@hotmail.com

O desenvolvimento de cultivares de feijão carioca e preto com caracteres de qualidade tecnológica e de cozimento que atendam às preferências dos consumidores representa avanços para o programa de melhoramento e disponibiliza recursos genéticos de ampla variabilidade genética. Por isso, foram objetivos desse trabalho selecionar linhagens de feijão carioca e preto de alta qualidade tecnológica e de cozimento. Os experimentos foram conduzidos em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, nos cultivos de safra 2016, safrinha 2017 e safra 2017. Os tratamentos avaliados consistiram de 17 genótipos de feijão, sendo sete linhagens carioca (SM 03-12, LEC 01-16, GEN 45-2F-293P, CNFC 15097, LP 09-33, LEC 02-16 e BRS MG Uai), seis linhagens de grãos preto (IAC Netuno, LP 11-117, TB 02-19, CHP 01-182-48, CHP 04-239-52 e TB 03-11) e quatro cultivares testemunhas (Carioca, Pérola, BRS Valente e Guapo Brilhante). A qualidade tecnológica foi determinada pela massa de 100 grãos e pela coloração dos grãos que foi quantificada em um colorímetro portátil pelos valores de L, a* e b*. Já, a qualidade de cozimento foi avaliada pelos caracteres grãos normais, absorção de água e tempo de cozimento em um cozedor de Mattson. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância conjunta e o índice \bar{Z} foi aplicado para selecionar as três linhagens superiores de feijão carioca e preto. Efeito significativo de genótipo ou da interação genótipo x ambiente foi observado para todos os caracteres avaliados e isso possibilita a seleção de linhagens superiores. A linhagem GEN 45-2F-293P apresentou a maior média do índice \bar{Z} , seguida pela linhagem LP 09-33 e cultivar Carioca, dentre os genótipos de feijão carioca avaliados. Ambas linhagens apresentaram grãos mais claros (maior valor de L) e menos vermelhos (menor valor de a*) do que a Carioca. A GEN 45-2F-293P se destacou ainda pelo reduzido tempo de cozimento e a LP 09-33 possui maior massa de 100 grãos. Para os genótipos de feijão preto, os maiores valores médios do índice \bar{Z} foram obtidos pela linhagem LP 11-117 e as cultivares IAC Netuno e BRS Valente. A LP 11-117 possui maior massa de 100 grãos e grãos mais escuros (menor valor de L) do que a BRS Valente. Já, a IAC Netuno se destacou pela maior massa de 100 grãos e apresentou coloração de grãos e tempo de cozimento similares à BRS Valente. As linhagens GEN 45-2F-293P, LP 09-33 e LP 11-117 apresentam alta qualidade tecnológica e de cozimento e serão selecionadas pelo programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*; índice \bar{Z} ; variabilidade genética.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO DE PRIMERS MICROSSATÉLITES PARA MAPEAMENTO DE MARCADORES ASSOCIADOS À FÁCIL ABSCISÃO DE FRUTOS DE *Capsicum chinense*.

Nayara Carvalho^{1*}; Felipe M. Canela¹; Claudia S. da C. Ribeiro²; Márcio de C. Moretzsohn³; Nara O. S. Souza¹; Gláucia S. C. Buso³

¹Universidade de Brasília. ²Embrapa Hortaliças. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
[*nayaracarvalho87@gmail.com](mailto:nayaracarvalho87@gmail.com)

A fácil abscisão de frutos, que permite as colheitas semimecanizada e mecanizada, é uma característica de grande interesse para o melhoramento da pimenta. O fruto da pimenta não tem uma camada de abscisão do pecíolo como do tomate, por exemplo, e a ligação do pedicelo ao fruto pode ser muito forte em algumas cultivares de pimenta. Várias vezes há rompimento do fruto e/ou considerável quebra na colheita manual. No programa de melhoramento da Embrapa Hortaliças foram selecionados parentais de *C. chinense* contrastantes para essa característica, porém a seleção tradicional sob efeito das amplas interações genótipo-ambiente se torna difícil. Uma forma de facilitar a seleção é a identificação de marcadores moleculares ligados à característica de interesse, por meio do mapeamento genético de marcadores em população F₂, originária de parentais contrastantes para a característica e avaliação da população F₃ para mapeamento da característica. Marcadores microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeats) têm sido amplamente utilizados como uma eficiente ferramenta para a construção de mapas genéticos. Dessa forma, o objetivo desse estudo foi avaliar o polimorfismo de primers SSR entre os parentais selecionados e híbridos. Os mesmos foram provenientes do Programa de Melhoramento da Embrapa Hortaliças (CNPH) e consistiram em dois híbridos (H1 e H2) oriundos de cruzamentos alternados de dois parentais, CNPH 4337-4 (de fácil abscisão de frutos) e CNPH 40001-1 (de difícil abscisão de frutos). Os locos SSR foram amplificados por meio de reações de PCR (Polymerase Chain Reaction) e a separação dos fragmentos foi realizada por eletroforese em gel de poliacrilamida 5%. Foram testados 478 primers SSR, desenvolvidos para *C. annuum*, para os quatro genótipos utilizados. Dos 478 locos, 128 apresentaram polimorfismo, 249 não apresentaram diferenças entre os acessos e 101 não amplificaram, representando 26,8%, 52,1% e 21,1% dos primers testados, respectivamente. Esses 128 primers polimórficos estão sendo utilizados para a construção de um mapa genético de ligação, visando à identificação de marcadores associados à fácil abscisão de frutos para uso de seleção assistida no melhoramento genético da cultura.

Palavras Chave: SSR; mapa genético; pimenta.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Embrapa Hortaliças; Universidade de Brasília; CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SELEÇÃO RECORRENTE FENOTÍPICA PARA AUMENTO DO NÚMERO DE ESTIGMAS EM FLORES DO MARACUJAZEIRO SILVESTRE *Passiflora cincinnata* MAST.

Francisco Pinheiro de Araujo^{1*}; Fábio Gelape Faleiro²; Saulo de Tarso Aidar¹; Onildo Nunes de Jesus³; Nataniel Franklin de Melo¹

¹Embrapa Semiárido. ²Embrapa Cerrados. ³Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*pinheiro.araujo@embrapa.br

O maracujazeiro silvestre *Passiflora cincinnata* Mast. é cultivado comercialmente nas regiões do Semiárido e Cerrado e a primeira cultivar, BRS Sertão Forte, foi lançada em 2016 pela Embrapa. No gênero *Passiflora*, as espécies são caracterizadas por possuírem flores com três estigmas, havendo poucos relatos de espécies com quatro ou mais estigmas. Em *P. cincinnata* observa-se a presença de algumas flores com quatro ou cinco estigmas, cuja alteração resulta em uma maior área de aderência de pólen, podendo subsidiar meios que conduzam a uma melhor produtividade. Sendo assim, neste trabalho, objetivou-se aumentar o número de estigmas em flores pelo avanço de gerações via seleção recorrente fenotípica do maracujazeiro silvestre *P. cincinnata*. O trabalho foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Produtos e Mercado, em Petrolina, PE, nas coordenadas do sistema UTM 24 L – 0358788 m; 8999545 m, altitude de 354 m, durante o período de 2015 a 2018 com polinização cruzada controlada. Neste caso, botões florais em pré-antese de matrizes previamente selecionadas para maior desempenho agrônômico foram isolados previamente com sacos de papel, identificando-se o tipo de flor após sua abertura para, em seguida, realizarem-se os cruzamentos planejados. Na geração 1, 14,7% das flores apresentavam quatro ou cinco estigmas, número que aumentou para 67,6% na geração 2, e 95% na geração 3. Flores na antese para polinização aberta na geração 3 com 4 ou 5 estigmas foram quantificadas em 93,2%. Foi possível aumentar o número de 3 para 4 ou 5 estigmas em até 95% das flores das matrizes selecionadas.

Palavras-chave: melhoramento genético, espécie silvestre, Caatinga.

Agradecimentos: A CHESF, pelo apoio às atividades de pesquisa.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SOBREVIVÊNCIA DE *Acromyrmex balzani* EXPOSTAS AO ÓLEO ESSENCIAL DE PROGÊNIES DE *Lippia alba*

Daniela Aparecida de Castro Nizio^{1*}; Vanderson dos Santos Pinto¹; Alisson Marcel Souza de Oliveira¹; José Carlos Freitas de Sá Filho¹; Leandro Bacci¹; Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *danielanizio@yahoo.com.br

Lippia alba (erva-cidreira brasileira) é uma espécie medicinal originária da América do Sul com grande ocorrência no Brasil. Além das propriedades medicinais, o óleo essencial presente nas folhas apresenta grande potencial de uso para o controle de insetos. Um dos objetivos dos programas de melhoramento genético de espécies medicinais consiste na obtenção de cultivares cujos óleos essenciais apresentem características químicas específicas. Neste sentido, o objetivo do presente estudo foi avaliar a toxicidade dos óleos essenciais de progênies de *L. alba* provenientes de um ciclo de seleção recorrente e de seus acessos genitores (quimiotipo limoneno-carvona) sobre formigas cortadeiras *Acromyrmex balzani*, através da obtenção de curvas de sobrevivência. As formigas foram expostas via fumigação, à concentração de 1,0 µL de óleo essencial por litro de ar. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com 14 tratamentos, sendo 11 progênies (LA-56-01, LA-56-03, LA-56-04, LA-57-01, LA-57-02, LA-57-03, LA-57-07, LA-57-09, LA-57-10, LA-70-01 e LA-70-03), 3 genitores (LA-56, LA-57 e LA-70) e seis repetições. Cada repetição foi constituída por um pote de vidro (250 mL) forrado no fundo por papel filtro umedecido com 0,5 mL de água destilada contendo sete operárias. Os potes foram fechados hermeticamente com tampa plástica e filme de PVC e posteriormente colocados em estufa incubadora tipo B.O.D. As avaliações de mortalidade foram realizadas a cada 2 h até 24 h, a cada 4 h até 48 h e, posteriormente, a cada 6 h até a morte de todos os indivíduos. As curvas de sobrevivência foram obtidas através de estimadores de Kaplan-Meier gerados a partir da proporção de insetos sobreviventes do início até o fim do experimento. Foram determinados os tempos necessários para causar mortalidade em 50% (TL₅₀) das formigas para cada tratamento. As progênies LA-57-01, LA-57-07, LA-57-10 se destacaram com as menores TL₅₀ (7,57 h; 17,52 h; 10,90 h) quando comparadas ao genitor feminino LA-57 (18,43 h) e em relação às demais progênies e genitores. As progênies LA-56-01, LA-56-03, LA-56-04 (TL₅₀ média de 17,77 h), LA-70-01 e LA-70-03 (TL₅₀ média de 23,40 h) exibiram menores TL₅₀ que seus respectivos genitores LA-56 e LA-70 (27,86 e 26,05 h, respectivamente). Os óleos essenciais das progênies de *L. alba*, sobretudo as progênies obtidas do genitor feminino LA-57 são fontes potenciais para a obtenção de bioprodutos para o controle de formigas cortadeiras *A. balzani*.

Palavras-chave: erva-cidreira brasileira; melhoramento genético; formigas cortadeiras.

Agradecimentos: UFS, FAPITEC/SE, CNPq e CAPES.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

SOBREVIVÊNCIA E CRESCIMENTO INICIAL DE PROGÊNIES DE MANGABEIRA

Milena Nascimento Cardoso¹; Ana Letícia Sirqueira Nascimento¹; Adrielle Naiana Ribeiro Soares¹; Ana da Silva Ledo²; Josué Francisco da Silva Júnior²; Ana Veruska Cruz da Silva^{2*}

¹Universidade Federal de Sergipe. ²Embrapa Tabuleiros Costeiros. *ana.veruska@embrapa.br

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma frutífera nativa do Brasil, da família Apocynaceae. O fruto é altamente apreciado por suas características organolépticas e a espécie apresenta diversos potenciais de uso, entretanto sua exploração ainda é quase que totalmente extrativista. O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a sobrevivência e o crescimento inicial de progênies de mangabeira durante o período de 2015 a 2017. As progênies foram produzidas a partir de sementes oriundas de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado em Itaporanga d'Ajuda, SE. Após o plantio em campo avaliou-se a sobrevivência; a altura, com auxílio de uma régua graduada e o diâmetro do coleto, com paquímetro digital. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 36 tratamentos (12 acessos e 3 tempos de avaliação) e 20 repetições. Para comparação entre os anos de avaliação utilizou-se o Teste de Tukey (5%), o agrupamento dos acessos foi feito pelo teste de Skott Knott (5%) e o estudo da sobrevivência pelo Teste t (5%). Não houve interação significativa entre os acessos e os tempos de avaliação na altura das plantas, que foi superior nos acessos TCP6 e PTP5 (34,47 e 59,55cm, respectivamente). Houve interação entre os fatores para o diâmetro do coleto, porém, não houve diferença estatística entre os dois primeiros anos. No terceiro ano, os acessos BIP2 e TCP6 foram superiores (7,18 e 17,95 mm, respectivamente). A taxa de sobrevivência foi significativamente baixa, sendo as maiores registradas nos acessos TCP2, PTP5 e TCP6 (45%, 27,2% e 25% respectivamente). As diferenças iniciais no desenvolvimento das progênies em campo é um indicativo para seleção de matrizes no ambiente natural e poderá resultar em genótipos apropriados para plantios comerciais. Nesse caso, os acessos TCP5 e PTP5 são os mais recomendados.

Palavras-chave: *Hancornia speciosa* Gomes; frutas nativas; conservação.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPITEC, Embrapa Tabuleiros Costeiros e UFS.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

TAMANHO GENÔMICO DE *Clitoria fairchildiana* R. A. HOWARD (FABACEAE)

Leonardo Oliveira Silva da Costa^{1*}; Leonardo Carlos Jeronimo Corvalan¹; Fernando Roa¹; Mariana Pires de Campos Telles^{1,2}; Carolina Ribeiro Diniz Boaventura Novaes¹

¹Universidade Federal de Goiás. ²Pontifícia Universidade Católica de Goiás.
*leo.oliveirasc@outlook.com

O sombreiro (*Clitoria fairchildiana* R. A. Howard) é uma espécie florestal amplamente distribuída no Brasil, ocorrendo em todas as fitofisionomias do Cerrado. Devido ao seu rápido crescimento e fixação de nitrogênio, a espécie é utilizada na arborização urbana e recuperação de áreas degradadas. Como recurso genético, a espécie possui lacunas nos estudos em genética básica. A citometria de fluxo é uma das técnicas utilizadas para a estimativa do conteúdo de DNA nuclear e permite a determinação do tamanho genômico pela conversão de picogramas (pg) em pares de bases. Assim, o objetivo desse estudo foi estimar o tamanho genômico de *C. fairchildiana* em picogramas e pares de base, por citometria de fluxo. Para isso, foram coletadas folhas jovens de indivíduos de *C. fairchildiana* localizados na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, no fim da estação chuvosa. Os núcleos das células do sombreiro e da espécie escolhida como padrão, *Vicia faba* ssp. *faba* var. *equina* cultivar Inovec (26.90 pg/2C) foram extraídos com 150 µL de tampão Marie. O processamento das amostras ocorreu pelo picotamento individual e conjunto às folhas do padrão. Os núcleos foram corados com 20 µL do fluorocromo iodeto de propídeo. As suspensões nucleares foram analisadas em um citômetro de fluxo BD Biosciences Accuri™ C6, do Laboratório Multiusuário do Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás. A comparação da fluorescência relativa nuclear referente à G1/G0 da espécie alvo com a fluorescência relativa do padrão estimou um tamanho genômico de 1,66 pg quando os núcleos foram processados concomitantemente e 1,55 pg quando os núcleos foram processados separadamente e misturados apenas no momento da leitura no citômetro. O coeficiente de variação foi de 5,6% para os picos de *V. faba* e de 12,3 para os picos de *C. fairchildiana*. A média das 6 amostragens testadas estimou o tamanho genômico de 1,62 pg de DNA 2C. O peso médio de *C. fairchildiana* convertido em um tamanho genômico haploide é de 794 Mpb. Os resultados indicam que há interação entre compostos presentes nas folhas de *C. fairchildiana* e *V. faba* que interferem na fluorescência, mas com variação de apenas 7%. Estes dados são úteis para estratégias de estudos em biodiversidade e evolução e um importante dado para o sequenciamento de genomas.

Palavras-chave: conteúdo de DNA; sombreiro; valor C.

Agradecimentos: Programa Nacional de Pós-Doutorado/Capes; INCT em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade, MCTIC / CNPq (proc. 465610 / 2014-5) e FAPEG.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

TEOR E COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE PROGÊNIES DE *Lippia alba* EM DIFERENTES ÉPOCAS DE COLHEITA

Daniela Aparecida de Castro Nizio^{1*}; Vanderson dos Santos Pinto¹; José Carlos Freitas de Sá Filho¹; Alisson Marcel Souza de Oliveira¹; Mércia Freitas Alves¹; Arie Fitzgerald Blank¹

¹Universidade Federal de Sergipe. *danielanizio@yahoo.com.br

Lippia alba (erva-cidreira brasileira), é uma espécie aromática cujo óleo essencial (OE) apresenta diversas atividades biológicas. Dentro de um programa de melhoramento, busca-se selecionar genótipos com capacidade de produzir altos teores de OE durante todo o ano. O objetivo do trabalho foi avaliar o teor e a composição química dos OE's de progênies de *L. alba* em duas épocas. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com 14 genótipos (11 progênies e 3 acessos genitores), duas épocas de colheita: verão (12/2016) e inverno (07/2017), com três repetições. A partir do volume de OE obtido por hidrodestilação foi calculado o teor (%) e através de cromatografia gasosa (CG/MS) foram detectados os constituintes químicos. Os dados de Teor foram comparados pelo teste de Scott Knott. Os dados de composição química das duas épocas foram submetidos à análise de agrupamento, pelo método de Ward, com base na distância euclidiana. De forma geral, houve uma redução no teor de OE na época de colheita do inverno (1,49% em média) comparativamente à colheita do verão (1,82% em média). As progênies LA56_03 e LA57_10 se destacaram das demais por apresentarem teores de OE semelhantes aos acessos genitores LA56 (2,46%) e LA57 (2,64%), na época do verão. No inverno, se destacaram as progênies LA57_01 e LA57_02 com teores semelhantes ao acesso LA 57 (1,87%). Pela análise de agrupamento, foram definidos dois grupos em ambas as épocas de colheita. O grupo 1, caracterizou-se pela presença de maiores teores dos compostos limoneno (23,55% no verão e 25,03% no inverno) e carvona (55,88% no verão e 51,31% no inverno), e foi constituído por 9 genótipos no verão (3 genitores e 6 progênies) e 10 genótipos no inverno. O grupo 2, caracterizou-se, comparativamente ao grupo 1, por menores teores de limoneno (21,51% no verão e 21,84% no inverno) e carvona (19,09% no verão e 6,95% no inverno) e maiores teores dos compostos sabineno, mirceno, piperitenona e germacreno D; e foi constituído por 5 e 4 genótipos no verão e inverno, respectivamente (todas progênies coletadas do genitor LA_57). A única variação observada entre os grupos de uma época para outra, foi a progênie LA57_10, que pertencia ao grupo 2 no verão, e passou a integrar o grupo 1 no inverno, devido ao aumento do teor de carvona. Em geral, a colheita no verão favorece maiores teores de OE, entretanto não são observadas grandes variações na composição química. Em ambas as épocas os genótipos mantiveram limoneno e carvona como compostos majoritários.

Palavras-chave: erva-cidreira-brasileira; sazonalidade; melhoramento genético.

Agradecimentos: UFS, FAPITEC/SE, CNPq, CAPES e FINEP.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

VALIDAÇÃO DE PROTOCOLO DE EXTRAÇÃO DE DNA SEM USO DE NITROGÊNIO LÍQUIDO

Taís Araújo Santos^{1*}; Ana Cláudia Oliveira Barbosa²; Jan Kreuze³; Marie-Line Iskra-Caruana⁴; Saulo Alves Santos de Oliveira⁵; Claudia Fortes Ferreira⁵

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Universidade Estadual de Santa Cruz. ³CIP – Centro Internacional de la Papa, Lima, Peru. ⁴CIRAD, UMR BGPI, F-34398 Montpellier, França and BGPI, Univ Montpellier, CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, Montpellier, França. ⁵Embrapa Mandioca e Fruticultura. *tai.19@hotmail.com

Com o avanço das técnicas de Biologia molecular, surge a necessidade de se aprimorar protocolos de extração de DNA para que sejam mais rápidos e baratos, possibilitando a inclusão de novas metodologias que tendem a beneficiar seus usuários. Nos protocolos de rotina, o uso do nitrogênio líquido é indispensável para o rompimento da parede celular e retirada dos ácidos nucleicos do interior das células durante o processo de maceração. No entanto, sabe-se que o custo do nitrogênio líquido é bastante elevado. As furadeiras de bancada fazem a mesma função do nitrogênio líquido e são extremamente baratas, duráveis e fáceis de serem utilizadas e o seu uso em relação ao nitrogênio permite uma economia de R\$20.000-R\$30.000,00/ano a depender do número de amostras quando se compara aos gastos em laboratório ao final do ano. Portanto, o objetivo deste trabalho foi validar um protocolo de extração de DNA com o uso da furadeira de bancada na extração de DNA das principais culturas da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Após a coleta do material vegetal, foram realizadas as extrações de DNA das seguintes culturas: bananeira, abacaxi, citros, mamão, maracujá e mandioca. Para cada cultura foram utilizados três genótipos, totalizando três repetições cada. A quantificação para verificar a quantidade e a qualidade do DNA foi feita em gel de agarose 1% por meio de eletroforese. Em seguida foram realizadas as amplificações com dez marcadores moleculares, sendo: cinco marcadores SSR (*Simple Sequence Repeats*) e cinco ISSR (*Inter-simple Sequence Repeats*) para cada cultura com o intuito de validar o protocolo. A extração de ácidos nucleicos com uso da furadeira de bancada foi idealizada no CIRAD – Baillarguet em Montpellier – França e CIP-Lima Peru. O método de extração de DNA com auxílio da furadeira de bancada foi eficiente na obtenção de DNA de qualidade em comparação com o método tradicional que faz uso do nitrogênio líquido e sua validação foi confirmada por meio das amplificações via marcadores ISSR e SSR. A nova metodologia irá contribuir para a redução de custos nos laboratórios de Biologia Molecular, principalmente em épocas de recursos escassos para a pesquisa.

Palavras-chave: marcadores moleculares; furadeira de bancada; *Manihot esculenta*.

Agradecimentos: FAPESB pela bolsa concedida.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

VALIDAÇÃO DE PROTOCOLO DE EXTRAÇÃO DE RNA SEM USO DE NITROGÊNIO LÍQUIDO E AVALIAÇÃO DA “VIDA DE PRATELEIRA” DE *PELLETS*

Taís Araújo Santos^{1*}; Ana Cláudia Oliveira Barbosa²; Amanda Gabrielly Santana Silva¹; Dina Gutierrez³; Matthieu Chabannes⁴; Claudia Fortes Ferreira⁵

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Universidade Estadual de Santa Cruz. ³INIA: Instituto Nacional de Innovación Agraria, Lima, Peru; ⁴CIRAD, UMR BGPI, F-34398 Montpellier, França and BGPI, Univ Montpellier, CIRAD, INRA, Montpellier SupAgro, Montpellier, França. ⁵Embrapa Mandioca e Fruticultura. *tai.19@hotmail.com.

A extração de RNA de plantas a partir de tecidos específicos é o primeiro passo para estudos de expressão gênica e caracterização de transcritos. Nos protocolos de rotina, o uso do nitrogênio líquido é indispensável para auxiliar a retirada dos ácidos nucleicos do interior das células durante o processo de maceração. No entanto, sabe-se que o custo do de nitrogênio líquido é bastante elevado. A possibilidade de aliar rapidez à robustez e baixo custo aos protocolos, contribui para o dinamismo e contenção de gastos em laboratórios, que, ao final de um ano, podem trazer muitos benefícios. Com o aumento do uso de técnicas de sequenciamento de alto high-throughput (HTS), muitas vezes conduzido no exterior, o RNA acaba sendo degradado na chegada ao destino final – principalmente com a proibição recente das companhias aéreas do uso do gelo seco para manter a integridade da molécula. Portanto, o objetivo da proposta foi validar um novo protocolo para extração de RNA com uso de furadeira de bancada, bem como avaliar a “vida de prateleira” dos *pellets* de RNA de forma a promover um transporte mais adequado permitindo menor degradação da molécula. Para isso foram feitas as extrações do RNA de folhas e raízes das principais culturas da Embrapa Mandioca e Fruticultura, a citar: bananeira, abacaxi, citros, mamão, maracujá e mandioca. A integridade do RNA total das folhas e raízes foram validadas via géis de agarose 1%. Uma vez obtidos os *pellets* de RNA, foi avaliada a “vida de prateleira” dos mesmos, onde as amostras foram submetidas à temperatura ambiente por 21 dias. A extração de ácidos nucleicos com uso da furadeira de bancada foi idealizada no CIRAD – Baillarguet em Montpellier – França e CIP-Lima Peru. O método de extração com auxílio da furadeira de bancada mostrou-se eficiente na obtenção de RNA de qualidade, que está contribuindo para redução de gastos no laboratório de Biologia Molecular. O teste de conservação do *pellet* de RNA “vida de prateleira” foi altamente satisfatório, com manutenção da integridade da molécula visualizada em gel de agarose 1% após 3 semanas em bancada em temperatura ambiente. Certamente essa informação é de grande valia também para os pesquisadores que dependem do transporte de RNA para outros países visando análises HTS.

Palavras-chave: furadeira de bancada; *Manihot esculenta*; fruteiras.

Agradecimentos: FAPESB pela bolsa concedida.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

VARIABILIDADE DOS METABOLÓLITOS SECUNDÁRIOS DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE FRUTOS DE CAJU POR UPLC-HRMS

Elenilson Godoy Alves Filho¹; Ynayara C. de Lima¹; Lorena Mara Alexandre e Silva¹; Selene Maia de Moraes²; Edy Sousa de Brito¹; Ana Cecília Ribeiro Castro^{1*}

¹Embrapa Agroindústria Tropical. ²Universidade Estadual do Ceará. *cecilia.castro@embrapa.br

O caju (*Anacardium occidentale*) possui compostos fenólicos que apresentam efeitos benéficos à saúde humana, como propriedades antitumorais, antimicrobianas, inibidor da urease e atividade de lipoxigenase. Neste sentido, o banco de germoplasma do cajueiro (BAG-Caju) e muitos genótipos em avaliação no programa de melhoramento são uma grande fonte de variabilidade genética para estas características de interesse. Portanto, devido à necessidade de investigação de cajueiros que produzem frutos com composição cada vez mais benéfica à saúde, o objetivo deste estudo foi avaliar a variabilidade do perfil de metabólitos de 24 diferentes genótipos de cajueiro oriundos do BAG-Caju e do programa de melhoramento do cajueiro da Embrapa. Os sucos de cada tipo de caju foram filtrados (membrana de 0,22 µm) e uma alíquota de 5.0 µL foi injetada em um cromatógrafo UPLC acoplado a espectrometria de massas de alta resolução (HRMS). Os cromatogramas foram exportados para análises quimiométricas por PCA (exploratória) e PLS-DA (classificatória), utilizando o programa The Unscrambler X™. De acordo com os resultados quimiométricos, os cajus com genótipos B967, B963, 2001/3, 2001/6 e 2005/122 apresentam as maiores concentrações de galoilhexose I (1,60 min, 331,0650 m/z) e digaloilhexosideo I (2,82 min, 483,0741 m/z). Este último composto favorece a adstringência nos frutos. Já os genótipos 2005/102, 2005/111, 2005/127, 2005/133, 2005/223, 2001/13, B741, CP76, 98/101, 98/116 e BRS226 apresentam as maiores concentrações de miricetina-3-O-glicosídeo (3,83 min, 479,0826 m/z) e miricetina-3-O-raminosídeo (4,25 min, 463,0875 m/z). Os derivados da miricetina apresentam potencial benéfico à saúde, como redução de doenças cardiovasculares e risco de câncer. Os frutos oriundos dos genótipos CP06, CP09, BRS 275 e B393, além dos já reportados 2005/102, 2005/127, 2005/133, CP76, 98/101 e BRS226 apresentam as maiores concentrações de um derivado hexosídeo do ácido hidroxibutanóico (3,28 min, 293,1242 m/z), o qual é considerado precursor de compostos voláteis. Além disso, foi detectado o comportamento oposto entre as concentrações de galoilhexose I e do derivado do ácido hidroxibutanóico. Assim, o uso da UPLC-HRMS acoplado a quimiometria permitiu a observação de diferentes compostos bioativos nos frutos, demonstrando que as mudanças metabólicas à luz do melhoramento genético promovido pela Embrapa podem ser utilizadas para agregar valor aos frutos, aumentar o entendimento do efeito do melhoramento genético nestes metabólitos, além de incrementar a caracterização do BAG-Caju.

Palavras-chave: caju; UPLC-HRMS; quimiometria.

Agradecimentos: CNPq e FUNCAP.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

VARIABILIDADE ENTRE VARIEDADES DE MILHO CRIOULO

Yrle da Rocha Fontinele^{1*}; Vanderley Santos Borges¹; Marilene Santos de Lima¹; Matheus Matos do Nascimento¹; Moacir Haverroth²; Suzy Anne de Araújo e Silva¹.

¹Universidade Federal do Acre – UFAC, ²Pesquisador na Embrapa – AC, Rio Branco – AC.
*yrlerochoa@gmail.com

O milho é uma das espécies produtoras de grãos mais cultivadas no Brasil e de grande importância para alimentação humana e animal, além de matérias-primas para diversas agroindústrias. Esse cultivo varia de grandes a pequenos produtores. Também é cultivado por índios, que a utilizam em sua culinária. O uso de variedades crioulas permite que as sementes sejam guardadas para plantios seguintes, o que diminui o custo de produção. Atualmente, muitos produtores rurais, assim como índios, mantêm Banco de Germoplasma de sementes de milho crioulo, uma vez que se utiliza menos custo na sua produção do que híbridas ou transgênicas. Ademais, o uso de variedades crioulas, adaptadas localmente, mantém a diversidade genética das espécies, podendo servir de fonte para o melhoramento genético. O objetivo da pesquisa foi avaliar a variabilidade genética entre as variedades de milho crioulo, sendo três chamadas de milho duro “Nawa Sheki” (V1, V2 e V4) e uma de milho massa “Sheki Kui” (V3). O presente trabalho foi conduzido na área experimental da Universidade Federal do Acre, situada no Município de Rio Branco – AC, a latitudes de 07°07’S e 11°08’S, e longitudes de 66°30’W e 74°WGr e o clima da região, segundo a classificação de Köppen, é do tipo Am, caracterizado por ser quente e úmido. O desenho experimental foi em blocos casualizados, com cinco blocos e quatro tratamentos, e as parcelas foram organizadas por duas fileiras de 5 m com espaçamento de 1 m x 0,3 m. As populações foram provenientes de genótipos de milho crioulo oriundos da aldeia indígena Kaxinawa do Vale do Juruá - Acre. As variáveis avaliadas foram: Altura da Planta, Altura da Inserção da Espiga e Diâmetro da Espiga. Utilizou-se o programa GENES para estimar os parâmetros genéticos (herdabilidade - h^2 , variâncias fenotípicas, genotípicas e ambientais e a relação Coeficiente de Variação Genética e Coeficiente de Variação Ambiental - Cve/Cvg) que é de grande importância no melhoramento vegetal. Observou-se diferença significativa ($P < 0,01$), pelo teste F, apenas para as variáveis Alturas da Planta e Altura da Inserção da Espiga. Para h^2 houve variação de 56% a 91% o que indica que a variância fenotípica da semente de milho é devida à variância genética nas condições ambientais em que foram obtidos os dados. A relação Cve/Cvg foi superior a 1 o que indica condição favorável para a seleção. Para todas as variáveis medidas, o CVg foi superior a 5%, o que significa que existe variabilidade para todas as características avaliadas.

Palavras-chave: genética; *Zea mays*; herdabilidade.

Agradecimentos: CAPES pelo apoio financeiro.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE CÁRTAMO PARA ALTA PRODUTIVIDADE

Guilherme Gonçalves Machado^{1*}; Sebastião Soares de Oliveira Neto^{1,2}; Nasser Felipe El Gadban²; Maurício Dutra Zanotto¹

¹Universidade Estadual Paulista - UNESP; ²Faculdades Integradas de Bauru - FIB;
*guisax10@hotmail.com

O cártamo (*Carthamus tinctorius* L.) é uma espécie oleaginosa que vem ganhando destaque nos últimos anos, principalmente devido ao seu elevado teor de óleo de alta qualidade e por apresentar elevada tolerância à deficiência hídrica. No entanto, no Brasil o cártamo ainda é pouco conhecido, sendo escassos os genótipos utilizados, sendo primordial a exploração dos recursos genéticos (variabilidade genética) para a produção de novas variedades adaptadas às condições brasileiras, bem como, introduzindo aos materiais, caracteres de rendimento, tais como, alto teor de óleo e altas produtividades. O objetivo do estudo foi avaliar o desempenho de progênies avançadas de cártamo, a fim de selecionar as melhores para indicação aos testes de VCU e adaptabilidade e estabilidade. Após o cruzamento de materiais comerciais com acessos importados de cártamo, foram avaliados os componentes relacionados à produção de grãos: número de capítulos e rendimento de 48 plantas de oito populações em F4 no avanço de geração realizado através do método SSD (*Single Seed Descent*). Os dados foram tabulados e submetidos à análise de componentes principais pelo software Minitab 16[®]. As progênies 3.2.1 (19 capítulos e 23,32 g.planta⁻¹), 1.3.1 (22 capítulos e 26,31 g.planta⁻¹), 6.2.2 (28 capítulos e 34,43 g.planta⁻¹), 4.3.2 (30 capítulos e 40,14 g.planta⁻¹) 7.1.2 (39 capítulos e 59,95 g.planta⁻¹) e 3.1.1 (56 capítulos e 81,1 g.planta⁻¹) destacaram-se por apresentar os melhores potenciais de rendimento e serão indicadas para novas avaliações a fim de obter novas variedades para registro no RNC/MAPA.

Palavras-chave: *Carthamus tinctorius* L.; rendimento de grãos; melhoramento genético do cártamo.



V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos
De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

VARIABILIDADE GENÉTICA DE UMA COLEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MACIEIRA DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DO IAPAR

Lívia Costa Mariano¹; Jhonnatan de Oliveira Santos¹; Clandio Medeiros da Silva²; Paulo Roberto Da Silva^{1*}

¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO. Laboratório de Genética e Biologia Molecular Vegetal. ²Instituto Agrônomo do Paraná, IAPAR. *prsilva@unicentro.br

A maçã (*Malus × domestica* Borkh) é uma das frutas mais cultivadas e apreciadas no mundo. Esta espécie é originária de regiões de clima temperado, o que faz com que apresente problemas de adaptação ao Brasil, por este apresentar clima tropical. O Instituto Agrônomo do Paraná (IAPAR) desenvolveu cultivares de macieira que apresentam baixa necessidade do frio, além de resistência a sarna. Dos mesmos cruzamentos que desenvolveram estas cultivares há outros genótipos que fazem parte de uma coleção de genótipos do IAPAR que ainda não foi caracterizada quanto a variabilidade genética existente. O uso de marcadores moleculares pode auxiliar nesta caracterização. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo a caracterização genética-molecular da coleção de genótipos de maçã do IAPAR. Para as análises moleculares, o DNA de 60 genótipos, fornecidos pelo IAPAR, foi extraído e amplificado por PCR utilizando nove *primers* ISSR previamente selecionados. Os *primers* utilizados nas análises foram, UBC-815, UBC-817, UBC-823, UBC-834, UBC-807, UBC-826, UBC-836, UBC-843 e UBC-873. Com os resultados obtidos, foram realizadas análises de agrupamento com o software NTSYS, Análise de Coordenadas Principais (PCoA) com o software GeneAlex e análise Bayesiana com o software Structure. A avaliação destes nove *primers* ISSR nos 60 genótipos permitiu observar que a similaridade genética entre os genótipos variou de 11% (entre os genótipos 53-80-149 e Castel Gala) a 80% (entre os genótipos Fuji Suprema e 2-80-59). A similaridade média entre todos os genótipos foi de 46%. O dendrograma obtido resultou na formação de grupos de acordo com os cruzamentos, os quais originaram os genótipos. A análise de Coordenadas Principais (PCoA) demonstrou alta variabilidade genética. A análise Bayesiana evidenciou que esta variabilidade está distribuída em quatro grupos genéticos. Os dados aqui obtidos poderão auxiliar os melhoristas na escolha de genótipos para realização de cruzamentos para obtenção de cultivares superiores e que sejam tolerantes ao clima do Brasil, apresentando baixa necessidade do frio e resistência a doenças.

Palavras-chave: *Malus*; ISSR; Melhoramento de Plantas.