



**V SIMPÓSIO**  
**REDE DE RECURSOS GENÉTICOS**  
**VEGETAIS DO NORDESTE**  
Recursos Genéticos Vegetais:  
**Inovação com Sustentabilidade**

ON-LINE

**10 a 12**  
DE NOVEMBRO 2021

Universidade Federal Rural do Semi-Árido  
Mossoró-RN

## 6. PRÉ-MELHORAMENTO E MELHORAMENTO



## ANÁLISE CONJUNTA DE CARACTERES QUANTITATIVOS E QUALITATIVOS EM PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA

João Vitor Morais Sousa<sup>1\*</sup>; Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Maruzanete Pereira de Melo<sup>1</sup>; Carlos Humberto Aires Matos Filho<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail do autor apresentador: vitor@ufpi.edu.br.

O feijão-fava ou feijão-lima (*Phaseolus lunatus* L) tem se mostrado bastante promissor para a agricultura familiar brasileira, tendo importante papel social e econômico, sua utilização é tanto para alimentação humana como animal. No feijão-fava, a antracnose pode ser causada, principalmente pela espécie *Colletotrichum truncatum*. O Nordeste apresenta condições favoráveis para o desenvolvimento da doença, podendo haver perdas de até 100% da produção. Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi avaliar simultaneamente os dados morfoagronômicos e fitopatológicos de progênies de feijão-fava. O experimento foi conduzido em DIC, em telado, com trinta e quatro progênies, sete genitores e vinte e sete progênies da geração F<sub>2</sub>, utilizando-se o método SSD. A caracterização morfoagronômica foi realizada com base em 11 descritores quantitativos e 16 qualitativos. Para avaliação da análise de agrupamento dos dados, empregou-se o método hierárquico UPGMA utilizando a distância de Gower, como medida de dissimilaridade por meio dos pacotes biotools e cluster, realizada com auxílio do programa R. A análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA, indicou a formação de cinco grupos, a uma distância de 0,37. O grupo I, formado pelo acesso 61, mostrou-se divergente dos outros grupos, apresentando valores altos para CV (comprimento de vagem), LV (largura de vagem), CS (comprimento de semente) e LS (largura de semente) e, suas sementes e vagens foram maiores em relação ao estado biológico do feijão-fava cultivado. O grupo II, formado pelos acessos 41, 22, 28, 30, 29, 23, 24, 25, 27, 51 e 59, possuem formas do folíolo oval, oval-lanceolado, redondo e, ligeiramente pubescente. O grupo III foi formado pelo maior número de acessos, sendo esses: 19, 26, 28, 30, 29, 23, 24, 25, 27, 51 e 59, com relação a resistência à *C. truncatum*, este grupo foi considerado moderadamente susceptível. O grupo IV, formado pelo acesso 10, assim como o grupo I, mostrou-se divergente dos demais grupos, possuindo vagens menores, com poucas sementes e estas menores quando comparado aos outros grupos, possuindo assim, baixos valores para CV, LV, NS, CS e LS. O grupo V, formado pelos acessos 6, 12 e 15 diferenciam-se dos demais grupos por apresentarem sementes de espessura pequena. Os resultados da análise conjunta dos caracteres quantitativos e qualitativos mostram que as progênies mais divergentes podem ser utilizadas em avanço de gerações em programas de melhoramento genético de feijão-fava.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; melhoramento genético; UPGMA.

**Agradecimentos:** UFPI e FAPEPI (Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado do Piauí).



## ANÁLISE DE TRILHA VISANDO O ENTENDIMENTO DOS EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE VARIÁVEIS MORFOAGRONÔMICAS SOBRE A PRODUÇÃO DE BIOMASSA DE FOLHAS EM VINCA (*Catharantus roseus* (L.) G. DON)

Igor Nunes Barcellos da Costa<sup>1\*</sup>; Gustavo Torres dos Santos Amorim<sup>2</sup>; Mayara de Mello Marques<sup>2</sup>; Thaisa de Oliveira Silveira<sup>3</sup>; Mariana Caroline Guimarães Xavier<sup>3</sup>; Pedro Corrêa Damasceno Junior<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. \*E-mail do autor apresentador: igornunesbarcellos@gmail.com.

A vinca (*Catharantus roseus* [L.] G. Don) é uma espécie que se destaca pela sua capacidade na produção de alcaloides utilizados no tratamento de tumores, leucemias e linfomas. No Brasil, embora exista uma elevada demanda por esses alcaloides, programas de melhoramento relacionados com a vinca são escassos. Nesse sentido, essa pesquisa teve por finalidade propor e normatizar uma lista de descritores para a caracterização das plantas, estimar o tamanho mínimo amostral, estabelecer coeficientes de correlação de Pearson e de trilha entre os descritores. Os descritores normatizados propostos foram relativos às folhas, ramos, flores e sementes. Todos os dados foram coletados na coleção de germoplasma de vinca da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ). Estimou-se o tamanho mínimo amostral via intervalos de confiança. Após padronização, obtiveram-se os coeficientes de correlação de Pearson. Após ajustes de multicolinearidade, as correlações foram utilizadas para se estimar os coeficientes de trilha, desdobrados em efeitos diretos e indiretos sobre a variável principal: biomassa de folha seca (BFOs). Foi proposto um total de 23 descritores quantitativos e cinco qualitativos. O tamanho mínimo amostral foi de 78 plantas. As correlações de Pearson sugeriram que o pecíolo da folha é uma variável de significativa importância na seleção indireta de plantas. Visto que, o pecíolo tende a se reduzir com o aumento da BFOs. Em síntese, os efeitos diretos da trilha revelaram que plantas mais ramificadas na base, com a presença de ramos mais grossos e com menor comprimento de entrenó, de flores e de pecíolo foliar, tendem a produzir maior peso de BFOs.

**Palavras-chave:** Correlação de Pearson; melhoramento genético; plantas medicinais.

**Agradecimentos:** CNPq e UFRRJ.



## ATIVIDADE ANTIOXIDANTE EM ACESSOS DE MELOEIRO ASSOCIADA À TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO INDUZIDO POR PEG 6000

Luma Rayane de Lima Nunes<sup>1\*</sup>; Karla Nascimento de Souza<sup>1</sup>; Lineker de Sousa Lopes<sup>1</sup>; Enéas Gomes Filho<sup>1</sup>; Fernando Antonio Souza de Aragão<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Ceará. <sup>2</sup>Embrapa Agroindústria Tropical.  
\*E-mail da autora apresentadora: lumanunes20@hotmail.com.

Pesquisas que visam à elucidação dos mecanismos relacionados aos estresses abióticos ainda são muito escassas, todavia, fundamentais para obtenção de cultivares tolerantes. Nesse contexto, a compreensão de mecanismos adaptativos ao déficit hídrico é necessária para subsidiar o melhoramento genético na introgressão da tolerância à seca em genótipos-elite. Sob estresse ocorre aumento na fotorrespiração e perturbações nos componentes celulares elevando a produção de espécies reativas de oxigênio (EROS). Para evitar a ocorrência desses danos, as plantas são capazes de ativar o sistema de defesa enzimático por meio de alterações nas atividades como superóxido dismutase (SOD), catalase (CAT), peroxidase do ascorbato (APX), as peroxidases (G-POD). A peroxidação lipídica (MDA) funciona como um marcador molecular eficiente na designação da deterioração das células quando submetidas a diferentes estresses. Nesse contexto, esse trabalho tem como objetivo caracterizar acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) quanto à tolerância ao estresse hídrico com base em atividade enzimática. O experimento foi conduzido no Laboratório de Bioquímica da Universidade Federal do Ceará, no qual foram avaliados 22 acessos de meloeiro, oriundos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Melão da Embrapa Hortaliças e do BAG de Melão do Semiárido da Embrapa Semiárido. Os acessos foram submetidos a condições com e sem estresse hídrico. O estresse foi simulado pelo uso do PEG (polietilenoglicol) 6000, com o qual se obteve o potencial hídrico -0,8 Mpa. A condição sem estresse foi obtida apenas pelo uso de água, mantendo-se o potencial em 0,0 Mpa. As sementes foram postas para germinar em papel Germitest® e, após a formação dos rolos, mantidas em câmara BOD sob temperatura de 25°C, por um período de oito dias. O delineamento foi inteiramente casualizado com quatro repetições, compostas por 30 sementes. Foram avaliados os seguintes descritores: MDA, APX, G-POD, CAT e proteína (PROT). Os acessos apresentaram modificações fisiológicas perante as condições com e sem estresse. Os resultados evidenciaram ampla variabilidade genética entre os acessos estudados, com destaque para CNPH 09-205 e CNPH 09-919 que foram classificados como tolerantes. A atividade enzimática destes acessos aumentou na condição de déficit hídrico em relação ao controle. Portanto, no germoplasma avaliado há potencial para introgressão da tolerância ao estresse hídrico em genótipos-elite de meloeiro.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; estresse hídrico; sistema antioxidante.

**Agradecimentos:** EMBRAPA, PPGAF-UFC, Funcap e Capes.





## AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS NA FASE JUVENIL: SUBSÍDIO PARA A SELEÇÃO PRECOCE DE ESPÉCIES FLORESTAIS

Dandara Yasmim Bonfim de Oliveira Silva<sup>1\*</sup>; Séfora Gil Gomes de Farias<sup>2</sup>; Poliana Coqueiro Dias Araujo<sup>3</sup>, Clarice Ribeiro Cardoso<sup>2</sup>; Romário Bezerra e Silva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual Paulista. <sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí. <sup>3</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido. \*E-mail da autora apresentadora: dandara.bonfim@unesp.br

Um grande oponente dos programas de melhoramento genético de espécies arbóreas é o longo ciclo de seleção. Desse modo, o desenvolvimento de estratégias que otimize, viabilize e assegure a seleção precoce de materiais genéticos superiores ainda na fase juvenil, com base em estimativas/predições de valor genético, com maior acurácia, pode ser uma alternativa eficiente para a seleção precoce e redução de custos com a implantação e condução de experimentos. Nesse contexto, objetivou-se verificar o índice de coincidência entre progênies com melhor desempenho para caracteres morfofisiológicos de plântulas, mudas e plantas em campo, assim como a possibilidade de seleção precoce, na fase juvenil, para progênies de *Parkia platycephala*. As sementes de polinização livre utilizadas foram coletadas de 45 matrizes localizadas em três populações naturais. Para verificar a variabilidade genética das progênies foram instalados testes de progênies em três fases: a) laboratório, plântulas aos 15 dias; b) viveiro: muda aos cinco meses; e c) campo: aos 30 meses. Para cada teste estimou-se os seguintes parâmetros genéticos: herdabilidades individual, dentro e média de progênies, acurácia individual e média de famílias, coeficientes de variação genético aditivo, de progênies, ambiental e relativo, e média geral. Foi realizado a correlação de Pearson entre os parâmetros genéticos e correlação genética entre os BLUP's. O índice de coincidência (IC) entre 25, 50 e 75% das progênies com maior média foi calculado com base nos BLUP's dos caracteres de vigor de plântulas e diâmetro do coleto, seguindo como critério as maiores correlações genéticas e maior acurácia. As correlações entre os parâmetros genéticos foram todas positivas e significativas, com 66,67% dos valores superiores a 0,50, 23,80% entre 0,19 e 0,40. As correlações genéticas também foram significativas e variaram de -0,20 a 0,90. O IC de 25, 50 e 75% das progênies com melhor desempenho nas três fases de desenvolvimento foram: 2,22, 22,22 e 44,44%, respectivamente. Ao verificar os IC's das progênies entre ambientes obteve-se, para o laboratório e viveiro 6,60, 33,33 e 60%, laboratório e campo de 8,80, 28,89 e 57,78%, e viveiro e campo de 6,67, 31,11 e 55,55%, respectivamente. A estratégia de seleção precoce na fase juvenil para a *P. platycephala*, com base nos caracteres avaliados, foi eficiente para direcionar a seleção de progênies superiores, portanto, a metodologia utilizada pode ser testada para outras espécies florestais e objetivos de melhoramento genético, visando a otimização do tempo e redução nos ciclos de melhoramento.

**Palavras-chave:** Pré-melhoramento; parâmetros genéticos; BLUP's.



## AVALIAÇÃO DE POPULAÇÃO DE FEIJÃO-FAVA VIA METODOLOGIA REML/BLUP

Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho<sup>1\*</sup>; Maria de Fatima Brito Vieira<sup>1</sup>; Tainá Mendes de Albuquerque<sup>1</sup>; Guilherme Alexandre Luz da Costa<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>; Angela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail da autora apresentadora: [jhessica.lanna@hotmail.com](mailto:jhessica.lanna@hotmail.com).

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie mais importante do gênero, caracterizada por apresentar diversidade genética e potencial para produção. Bem como, valor nutricional e econômico, sendo considerada alternativa alimentar e de renda. O objetivo do trabalho é aplicar o método REML/BLUP para estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos em populações F<sub>3</sub> de feijão-fava para precocidade e qualidade do grão. Foram avaliados doze caracteres em cinco populações de hábito de crescimento indeterminado (H39, H72, H53, H90 e H56). O modelo utilizado foi 83 do programa SELEGEN. Considerando os parâmetros genéticos estimados, os maiores valores de variância genética foram para altura de planta e número de vagem por planta, indicando a possibilidade de êxito na transmissão do caráter. Espessura de vagem, e largura de sementes, também demonstraram uma situação favorável ao programa de melhoramento. Os ganhos de seleção foram maiores e significativos em largura de sementes nas populações 56 e 90 com 11,26 cm e 10,50 cm, respectivamente. Quanto ao comprimento e espessura de sementes os ganhos foram inferiores e a população 53 foi a que apresentou o maior ganho, comparado as demais. A metodologia REML/BLUP mostrou-se eficiente na estimação dos parâmetros genéticos e predição de ganhos em populações de feijão-fava. As estimativas obtidas demonstraram a existência de variabilidade genética e potencial seletivo entre as progênes F<sub>3</sub> de feijão-fava. Os ganhos de seleção estimados indicam que os maiores ganhos foram obtidos para os caracteres altura de plantas, número de vagens por planta, espessura de vagem, largura de semente e número de dias para a maturação. As populações H53 e H56 se destacaram por apresentar sementes grandes e brancas sendo assim populações promissoras no melhoramento da espécie.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L; parâmetros genéticos; modelos mistos.

**Agradecimentos:** UFPI e CNPq/UFPI.



## AVALIAÇÃO FENOTÍPICA DE COMBINAÇÕES HÍBRIDAS DE MELANCIA EM SISTEMA AGROECOLÓGICO DE PRODUÇÃO

Elder Rodrigues Silva<sup>1\*</sup>; Izaias da Silva Lima Neto<sup>1</sup>; Mariana Neto Rosa Lima<sup>1</sup>; Milenna Silva Guirra<sup>1</sup>; Mayane Mendes do Nascimento<sup>1</sup>; Amanda Esdras Oliveira Fernandes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. \*E-mail do autor apresentador: elderrodriguesamorim@gmail.com

A avaliação fenotípica é um instrumento muito útil para o melhorista, pois em conjunto com outras ferramentas, permitem subsidiar sua tomada de decisão, na escolha de estratégias para o desenvolvimento do programa de melhoramento de uma cultura. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi realizar a seleção fenotípica de genótipos de melancia cultivados em sistema agroecológico, com base na avaliação conjunta de características gerais de planta e fruto utilizando notas subjetivas. O experimento foi desenvolvido, de agosto a dezembro de 2017, no Setor de Olericultura da Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf), situada no município de Petrolina-PE. Foram avaliados 19 tratamentos, representados por quatro genitores, seus 12 cruzamentos, incluindo híbridos e recíprocos, e três cultivares comerciais (*Crimson Sweet*, *Pérola* e *Charleston Gray*). Os genitores utilizados foram compostos por três acessos BGH-UNIVASF 177 (genitor 1), 189 (genitor 2) e 67 (genitor 3) (oriundos da agricultura familiar do sertão pernambucano) mais a cultivar *Sugar Baby* (genitor 4). O delineamento adotado foi o de blocos ao acaso com três repetições e parcelas contendo cinco plantas úteis. Avaliou-se conjuntamente os aspectos gerais da planta e do fruto utilizando uma escala de notas, aplicadas por, no mínimo, três avaliadores. A escala de notas se subdividia em: não selecionado, atribuindo nota zero (0), eventualmente selecionado, atribuindo nota um (1) e selecionado, atribuindo a nota dois (2). As plantas e os frutos selecionados possuíam, respectivamente, uma boa cobertura foliar e apresentavam-se atrativos do ponto de vista comercial (formato e coloração externa). Os dados (qualitativos ordinais) foram submetidos a análise de variância e o agrupamento de médias de teste de Scott-Knott a 5% de significância. A análise de variância evidenciou diferenças significativas a 1% de significância e o teste de agrupamento de médias apontou que todos os híbridos, com exceção do híbrido 1x4, estão no grupo com as melhores médias diferindo estatisticamente das cultivares comerciais. Assim, os resultados além de evidenciar a superioridade dos híbridos quanto à caracteres visíveis podem subsidiar, em conjunto com outros parâmetros, a escolha de genótipos que apresentem características desejáveis do ponto de vista comercial e agrônômico, adaptados ao semiárido nordestino e ao sistema agroecológico de produção.

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*; seleção fenotípica; agricultura orgânica.

**Agradecimentos:** Ao CNPq, pelo financiamento do projeto (Nº do processo: 462355/2014-4) e concessão de bolsas a duas estudantes.





## AValiação Físico-Química de Frutos em Genótipos de Mamoeiro

Maria Luiza Miranda dos Santos<sup>1\*</sup>; Hellen Cristina da Paixão Moura<sup>1</sup>; Diego Fernando Marmolejo Cortes<sup>2</sup>; Liliane Santana Luquine<sup>2</sup>; Tamara Rocha dos Santos<sup>1</sup>; Carlos Alberto da Silva Ledo<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*E-mail da autora apresentadora: luiza\_pssantos@hotmail.com.

Os estudos com o mamoeiro apresentam grande relevância, pôr o mesmo ser uma das culturas tropicais mais importantes economicamente do mundo, sendo que no Brasil seu cultivo ocorre em todos os estados, principalmente no Espírito Santo e Bahia. Porém existe poucas cultivares disponíveis, o que torna a cultura vulnerável a fatores bióticos e abióticos e que influência na qualidade dos frutos. Sendo assim busca-se com a caracterização e a exploração da variabilidade genética existente no gênero *Carica* recursos genéticos de grande valor, que venha contribuir para o desenvolvimento de novas cultivares. Esse trabalho teve como objetivo selecionar genótipos de mamoeiro com base na avaliação físico-química de frutos. Foi utilizado uma base de dados de genótipos integrantes do Ensaio Nacional de Mamão, em duas regiões do estado da Bahia, Cruz das Almas e Eunápolis, no ano agrícola 2013/2014. No ensaio foram avaliados 21 genótipos, disponibilizados pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) e Caliman Agrícola S.A., East West Seed International e pelo Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). Duas cultivares, Golden e Tainung n° 1, foram utilizadas como testemunhas. Os caracteres avaliados foram: comprimento de fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), peso de fruto (PF), diâmetro da cavidade interna do fruto (DCI), firmeza do fruto (FF), firmeza da polpa (FP), sólidos solúveis (SS), pH, acidez titulável (AT), ratio (RAT). Os dados foram submetidos à metodologia de modelos lineares mistos, utilizando os modelos 23 e 25 de blocos completos em vários locais via REML/BLUP e Índice de seleção envolvendo os vários caracteres (modelo 101) com auxílio do programa Selegen-REML/BLUP. De acordo com os resultados para Índice de seleção aditivo, a testemunha Tainungn n°1 apresentou o segundo melhor ganho, sendo o primeiro o genótipo UC-16, seguidos do EW-2747, UC-13 e UC-11 com melhores ganhos nas características avaliadas.

**Palavras-chave:** *Carica papaya*, melhoramento genético, seleção.

**Agradecimentos:** Ao CNPq, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura.





## AValiação DE DIFERENTES PROTOCOLOS DE ISOLAMENTO DE MICRÓSPOROS VIÁVEIS DE PIMENTEIRAS ORNAMENTAIS (*Capsicum annuum L.*)

Sabrina Trajano Pereira da Silva<sup>1\*</sup>; José Matheus da Silva Barbosa<sup>1</sup>; Witalo da Silva Sales<sup>1</sup>; Elizanilda Ramalho Do Rego<sup>1</sup>; Mailson Monteiro do Rego<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal da Paraíba. \*E-mail da autora apresentadora: [sabrina.trajano2@academico.ufpb.br](mailto:sabrina.trajano2@academico.ufpb.br)

As pimenteiras ornamentais pertencem ao gênero *Capsicum* e a família *Solanaceae*. Possui diversidade genética e que combinado ao aumento da demanda por novas cultivares, requer o desenvolvimento de novas técnicas que possibilitem o lançamento de novas variedades em intervalo de tempo cada vez mais curto. Uma técnica promissora na obtenção rápida de novas linhagens é a androgênese, que possibilita a formação de duplo-haplóides. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes metodologias de isolamento de micrósoros a partir de acessos de pimenteiras ornamentais do banco de germoplasma da UFPB via androgênese. Para tal, foram coletados botões florais de três acessos, o UFPB-001, UFPB-004 e UFPB-099, contendo micrósoros no estágio uninucleado, os quais, após desinfestados, foram submetidos a dois protocolos de isolamento de micrósoros. O primeiro método foi adaptado do isolamento de micrósoros para espécies da família das brássicas (FERRIE, 2003) e o segundo método avaliado foi desenvolvido para a cultura de pimenta (KIM, 2012) O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado em esquema fatorial 3 x 2, com 4 repetições por tratamento. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e quando significativo, as médias foram agrupadas pelo teste de Skott-Knott. Os resultados obtidos neste estudo evidenciam que houve interação significativa entre os genótipos e métodos de isolamento ao nível de 5% de probabilidade. O acesso UFPB-004 apresentou melhor performance quanto ao número de micrósoros isolados e também melhor resposta androgênica quando comparado aos outros dois acessos, UFPB-001 e UFPB-099. Dentre os métodos de isolamento de micrósoros, o método 2 foi mais eficiente do que o método 1, em relação os três acessos avaliados. Em conclusão, indica-se a utilização do acesso UFPB-004 e do método de isolamento 2, para obtenção de micrósoros embriogênicos com potencial para a formação de plantas haploides de pimenteiras ornamentais, a partir do cultivo seu cultivo in vitro.

**Palavras-chave:** Haplóides; *Capsicum*; Androgênese; Melhoramento genético.



## AValiação de Genótipos de Feijão-caupi do Banco Ativo de Germoplasma da UFC para a Produção de Grãos Secos

Italo Magalhães da Costa Evangelista<sup>\*</sup>; Angela Maria dos Santos Pessoa<sup>1</sup>; Emanuel Magalhães da Costa<sup>1</sup>; Erika Beatriz de Lima Castro<sup>1</sup>; Leslyene Maria de Freitas<sup>1</sup>; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Ceará. \*E-mail do autor apresentador: Italomagalhães77@gmail.com

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp), conhecido no Nordeste brasileiro popularmente como feijão-de-corda, é uma leguminosa bastante consumida, sendo um alimento básico na alimentação humana. Um dos objetivos dos programas de melhoramento dessa cultura é a obtenção de cultivares com alto potencial produtivo. Diversas características são levadas em consideração em um programa de melhoramento para que se obtenham indivíduos superiores com caracteres desejáveis. Para a produção de grãos se busca indivíduos com maior capacidade produtiva. Dessa forma, objetivou-se avaliar genótipos de feijão-caupi com potencial para produção de grãos secos. Foram avaliados 12 genótipos de feijão-caupi em experimento conduzido no setor de horticultura da Universidade Federal do Ceará (UFC), em Fortaleza-CE. Os genótipos testados foram provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da própria Universidade. O experimento foi realizado no delineamento em blocos casualizados com duas testemunhas (cultivares BRS Juruá e BRS Tumucumaque), com três repetições, sendo cada repetição composta por 10 plantas. Foram avaliados os caracteres: comprimento da vagem (CV), número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 sementes (P100). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Os genótipos (CE:02 x CE:957; CE:68 x CE:02; CE:957 x CE:02 e CE:957 x BRS Tumucumaque) apresentaram características superiores às testemunhas nas três variáveis analisadas (CV, NGV e P100), diferindo estatisticamente entre si, não ocorrendo o destaque de nenhuma das testemunhas sobre os genótipos estudados. O genótipo com maior CV foi CE:02 x CE:957 (26,61 cm), em relação a NGV, os genótipos com maiores resultados foram: CE:02 x CE:957 (13,96) e CE:68 x 02 (13,76) e para P100, os genótipos com maiores resultados foram: CE:957 x 02 (24,10g) e CE:957 x BRS Tumucumaque (23,81g), com a testemunha BRS Juruá apresentando o menor valor dentre os genótipos estudados (17,41g). Comparados com as testemunhas, esses genótipos apresentam características benéficas para a produção de grãos secos. Com base nessa avaliação, os indivíduos mais promissores podem ser selecionados para programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; produtividade; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Ao CNPq e a FUNCAP pela concessão de bolsas.



## CORRELAÇÕES CANÔNICAS ENTRE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS E DE PRODUÇÃO EM TIPOS ESPECIAIS DE ARROZ

Mariana Caroline Guimarães Xavier<sup>1\*</sup>; Thaísa de Oliveira Silveira<sup>1</sup>; Juliana Correa Araujo<sup>1</sup>; Igor Nunes Barcellos da Costa<sup>2</sup>; Bruna Rafaela da Silva Menezes<sup>1</sup>; Pedro Corrêa Damasceno Júnior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. \*E-mail da autora apresentadora: marianaacaroline@hotmail.com.

A rica diversidade genética e ampla adaptação a diversos ambientes observadas na cultura do arroz (*Oryza sativa* L.) fornecem recursos fundamentais para conservação e melhoramento do cereal. A análise de correlações canônicas pode ser utilizada para aumentar a eficiência de seleção de genótipos superiores, pois várias características são avaliadas simultaneamente. A correlação entre dois grupos de variáveis permite avaliar o quanto a alteração de caráter pode influenciar os demais. Diante do exposto, este trabalho teve por objetivo estimar a magnitude da associação e interdependência entre dois grupos de características em genótipos de tipos especiais de arroz. O ensaio foi realizado entre novembro de 2020 e abril de 2021, no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Seropédica – RJ. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com quatro repetições. Foram avaliados dezessete genótipos, dos quais cinco de arroz branco e onze de tipos especiais. Para a determinação das correlações canônicas foram utilizados dois grupos de variáveis, sendo o grupo I composto por características morfológicas: comprimento da folha bandeira (CFB, cm), espessura da folha bandeira (EFB, mm), ângulo da folha bandeira (ANG) e altura da planta (ALT, cm) e o grupo II composto por componentes da produção: número de perfilhos viáveis (NPV), porcentagem de espiguetas férteis (%EF), massa de cem grãos (MCG, g) e produção (PROD, g.planta<sup>-1</sup>). Foi obtido número de condição igual a 72,12, indicando multicolinearidade fraca. Apenas o primeiro e o segundo par apresentaram correlações canônicas significativas a 5% de probabilidade, demonstrando que esses grupos não são independentes. Verificou-se correlação canônica de 0,93 e 0,65 entre os grupos no primeiro e segundo pares canônicos, respectivamente. De acordo com os coeficientes do primeiro e o segundo pares, o aumento da EFB e ALT determinaram o aumento da MCG e PROD e a redução de %EF e NPV. Plantas com maior EFB e ALT, tendem a apresentar menores %EF e NPV, porém maior MCG e PROD.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa* L.; análise multivariada; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** CAPES, UFRRJ; Ao Instituto Agronômico de Campinas e ao pesquisador José Almeida Pereira da Embrapa Meio-Norte por ceder sementes de alguns genótipos.





## CRISE DA FERTILIDADE FEMININA EM BANANEIRAS DO SUBGRUPO CAVENDISH: COMPOSTOS FENÓLICOS E ENZIMAS OXIDATIVAS

Manassés dos Santos Silva<sup>1</sup>; Adriele Nascimento Santana<sup>2</sup>; Cláudia Fortes Ferreira<sup>3</sup>; Edson Perito Amorim<sup>3</sup>; Janay Almeida dos Santos-Serejo<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana.<sup>2</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*E-mail da autora apresentadora: janay.serejo@embrapa.br

A hibridação em bananeira, em especial envolvendo cultivares do subgrupo Cavendish, apresenta limitações, tais como a dificuldade em obter-se sementes em cruzamentos, em face da reduzida fertilidade desse subgrupo. A baixa fertilidade em Cavendish pode estar associada à presença de uma região de oxidação/necrose no nectário septal das flores pistiladas (femininas) na antese. É provável que compostos químicos presentes nessa região, e ainda não qualificados, inibam o desenvolvimento do tubo polínico e, conseqüentemente, impeçam a fecundação e a formação de sementes nos frutos. O objetivo desse trabalho foi investigar a presença de compostos fenólicos e atividades enzimáticas envolvidos na fertilização feminina em bananeiras do subgrupo Cavendish. Foram coletadas flores pistiladas (femininas) do diploide Calcutta 4 (AA) e da cultivar Grande Naine (AAA), em cinco estádios de desenvolvimento floral: E1 (Emissão parcial-vertical); E2 (Emissão total-vertical); E3 (Emissão total-horizontal); E4 (Pré-antese); e E5 (Antese). Após as coletas, as flores pistiladas (femininas) foram liofilizadas por 72 horas para posterior remoção do nectário e determinação de compostos fenólicos (CF), atividade antioxidante (DPPH•• e ABTS•+), enzimáticas (peroxidase - POD e polifenoloxidase - PPO) e proteínas totais (PT). Foi utilizado um delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 2 x 5 (genótipos x estádios), composto por três nectários por estádio e triplicatas de cada genótipo. Os resultados obtidos mostraram que o estádio E3 apresentou maiores valores significativos, com uma diminuição à medida que atinge o estádio E5. Comparando-se Calcutta 4 e Grande Naine, respectivamente, foram obtidos os seguintes resultados no E3: CF (32,43 e 36,18 mg GAE g<sup>-1</sup>); DPPH•• (735,2 e 454,4 µM Trolox/g); ABTS•+ (647,8 e 555,5 µM Trolox/g); POD (0,89 e 0,78 µMoles.min<sup>-1</sup> g<sup>-1</sup>); PPO (3,75 e 2,76 µMoles.min<sup>-1</sup> g<sup>-1</sup>); PT (3,20 e 2,42 µMoles.min<sup>-1</sup> g<sup>-1</sup>). No estádio E5, na cultivar Grande Naine, que tem elevado nível de esterilidade e apresenta necrose/oxidação no nectário no E5, os valores foram inferiores ao observado em Calcutta 4, que é fértil e não apresenta necrose no nectário. Estes resultados permitem sugerir que os compostos fenólicos e as atividades enzimáticas podem ser indicadores da fertilidade feminina em bananeira.

**Palavras-chaves:** Musa spp.; esterilidade; melhoramento genético.



## CULTURA DE MICRÓSPOROS PARA OBTENÇÃO DE EMBRIÕES ANDROGÊNICOS EM PIMENTEIRAS ORNAMENTAIS

José Matheus da Silva Barbosa<sup>1</sup>; Sabrina Trajano Pereira da Silva<sup>1\*</sup>; Witalo da Silva Sales<sup>1</sup>; Elizanilda Ramalho do Rêgo<sup>1</sup>; Mailson Monteiro do Rego<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal da Paraíba. \*E-mail da autora apresentadora: [sabrina.trajano2@academico.ufpb.br](mailto:sabrina.trajano2@academico.ufpb.br)

As pimenteiras cultivadas em vaso têm se destacado no mercado de ornamentais por suas características estéticas, destacando-se a coloração e o formato dos frutos. O melhoramento de pimenteiras ornamentais tem sido realizado a longo prazo, envolvendo vários métodos de melhoramento convencionais. Técnicas biotecnológicas, como a cultura de anteras e de micrósporos, podem auxiliar os programas de melhoramento reduzindo o tempo para o lançamento de novas cultivares. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi induzir embriões androgênicos a partir do isolamento de micrósporos de diferentes acessos de pimenteiras ornamentais (*Capsicum annuum* L.). Para tanto, foram coletados botões florais dos acessos UFPB-001, UFPB-004 e UFPB-099, contendo micrósporos uninucleados, os quais foram submetidos a desinfestação em solução de hipoclorito de sódio a 1% por 15 minutos. Em seguida, os botões florais foram macerados em cadinho com auxílio de pistilo em meio nutritivo esterilizado para liberação dos micrósporos. A solução com os micrósporos obtida foi centrifugada a 100G e o *pellet* foi ressuspensionado em 3 mL de meio "starvation". As estimativas de micrósporos isolados foram obtidas por meio de contagem em câmara de Neubauer e, posteriormente, foram inoculados na densidade de 8 a 10 x 10<sup>-4</sup> em placas de Petri com 60 mm de diâmetro contendo 15 mL de meio nutritivo de Nitsch & Nitsch. Os resultados obtidos foram que o meio suplementado com 0,3M de manitol foi eficiente para os isolamentos de micrósporo nos acessos UFPB-001, UFPB-004, e UFPB-099. Após 15 dias da inoculação foi possível observar micrósporos embriogênicos nos acessos UFPB-001, UFPB-004, e UFPB-099.

**Palavras chaves:** isolamento, micrósporos, androgênese.



## DESEMPENHO DE COMBINAÇÕES HÍBRIDAS DE MELANCIA QUANTO À PRECOCIDADE EM SISTEMA AGROECOLÓGICO DE PRODUÇÃO

Elder Rodrigues Silva<sup>1\*</sup>; Izaias da Silva Lima Neto<sup>1</sup>; Mariana Neto Rosa Lima<sup>1</sup>; Milenna Silva Guirra<sup>1</sup>; Mayane Mendes do Nascimento<sup>1</sup>; Amanda Esdras Oliveira Fernandes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. \*E-mail do autor apresentador: elderrodriguesamorim@gmail.com.

A obtenção de materiais genéticos precoces e adaptados à região ao qual estão inseridos e ao sistema agroecológico são imprescindíveis para o desenvolvimento de uma agricultura mais equilibrada e racional seja no âmbito da economia de recursos e do retorno financeiro aos agricultores. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo avaliar, por meio do comportamento *per se*, a precocidade de combinações híbridas de melancia, cultivadas no Submédio do Vale do São Francisco, sob sistema agroecológico de produção. O experimento foi desenvolvido, de agosto a dezembro de 2017, no Setor de Olericultura da Universidade Federal do Vale do São Francisco (Univasf), situada no município de Petrolina-PE. Foram avaliados 19 tratamentos, representados por quatro genitores, seus 12 cruzamentos, incluindo híbridos e recíprocos, e três cultivares comerciais (*Crimson Sweet*, *Pérola* e *Charleston Gray*). Os genitores utilizados foram compostos por três acessos BGH-UNIVASF 177 (genitor 1), 189 (genitor 2) e 67 (genitor 3) (oriundos da agricultura familiar do sertão pernambucano) mais a cultivar *Sugar Baby* (genitor 4). O delineamento adotado foi o de blocos ao acaso com três repetições e parcelas contendo cinco plantas úteis. Avaliou-se a precocidade por meio da contagem de dias para abertura da primeira flor feminina de cada planta. Os dados foram submetidos à análise de variância e agrupamento de médias com o teste de Scott-Knott a 5% de significância. A análise de variância evidenciou diferenças significativas a 1% de significância e o teste de agrupamento de médias apontou que os híbridos 1x4, 3x4, 4x1, 2x4, 4x2 e 4x3 não diferiram estatisticamente das cultivares comerciais, inclusive da *Sugar Baby*, referência para essa característica. Ressalta-se que esses híbridos são descendentes da cultivar *Sugar Baby*, seja ela utilizada como doadora ou receptora de pólen, o que permite mostrar a importância desse genitor na transmissão dessa característica. Dessa forma, os resultados demonstram haver combinações híbridas com potencial para o desenvolvimento de genótipos que possibilitem menor tempo com a cultura em campo, menor custo com insumos, mão-de-obra e recursos de produção, o que maximiza o retorno econômico em sistemas agroecológicos de produção.

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*; pré-melhoramento; agricultura orgânica.

**Agradecimentos:** Ao CNPq, pelo financiamento do projeto (Nº do processo: 462355/2014-4) e concessão de bolsas a duas estudantes.





## DETECÇÃO QUALITATIVA DE ALCALOIDES TOTAIS EM GERMOPLASMAS DE VINCA (*Catharanthus roseus* [L.] G. Don)

Gustavo Torres dos Santos Amorim<sup>1</sup>\*; Mayara de Mello Marques<sup>1</sup>; Thaísa de Oliveira Silveira<sup>1</sup>; Igor Nunes Barcellos Da Costa<sup>1</sup>; Pedro Corrêa Damasceno Junior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. \*E-mail do autor apresentador: [gustavotorresufrj@gmail.com](mailto:gustavotorresufrj@gmail.com).

A vinca (*Catharanthus roseus* [L.] G. Don) distingue-se por ser fonte exclusiva do alcaloide vincristina, porém ocorre em baixas concentrações na espécie. Tal alcaloide é utilizado em quimioterápicos para o tratamento de tumores, leucemias e linfomas. Nesse sentido, é fundamental desenvolver um programa de melhoramento genético na busca por genótipos superiores quanto à produção de vincristina. Diante do exposto, esta pesquisa teve por objetivo detectar a presença de alcaloides totais em 79 genótipos da coleção de germoplasma de vinca da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ). Para isso, realizou-se a secagem em estufa com circulação forçada de ar a 47°C até peso constante em todas as folhas nos 79 genótipos de vinca. O material vegetal seco e triturado (0,80 g) foi transferido para tubos de ensaio aos quais adicionaram-se 8 mL de ácido sulfúrico (H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>) a 1%. Logo em seguida, foram levados para o bloco de aquecimento a 130°C e após a fervura aguardou-se dois minutos para a retirada dos tubos de ensaio. Este material foi filtrado e ao filtrado obtido adicionaram-se três gotas de hidróxido de amônio (NH<sub>4</sub>OH) até pH básico. Em seguida, quatro mL de clorofórmio (CHCl<sub>3</sub>) foram adicionados e uma leve inversão foi efetuada. A fase clorofórmica obtida foi transferida para um novo tubo de ensaio e conduzida ao banho-maria a 60°C até sua evaporação para a obtenção de um resíduo. Ao tubo de ensaio contendo o resíduo foram adicionados cinco mL de H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> a 1%. Desta mistura obtida retirou-se 1 mL, ao qual adicionaram-se três gotas do reagente de Dragendroff. A formação de um precipitado de cor alaranjada indicará a presença de alcaloides totais. Dos 79 genótipos aqui analisados, 76 (96,20%) foram positivos para alcaloides totais. Portanto, tais genótipos podem seguir em programas de melhoramento na busca por genótipos superiores de vinca quanto à produção de vincristina. Ao passo que, os genótipos UFRRJ VIN007/14(PAB), UFRRJ VIN013/21(PAB) e UFRRJ VIN050/41(PAB) não apresentaram precipitado alaranjado e, portanto, foram negativos para a presença de alcaloides totais. Dessa forma, estes três genótipos parecem ter potencial na seleção de plantas ornamentais de vincas sem toxicidade por alcaloides. A detecção qualitativa de alcaloides totais realizada direcionou o melhoramento genético da espécie tanto para fins medicinais como para ornamentação.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; plantas medicinais; reagente de Dragendroff.

**Agradecimentos:** CAPES e UFRRJ



## DETERMINAÇÃO DE REPRESENTATIVIDADE E A CAPACIDADE DE DISCRIMINAÇÃO DE LOCAIS USADOS NA AVALIAÇÃO DE MILHO CRIOULO NO SEMIÁRIDO CEARENSE

Marcelo Renato Alves de Araújo<sup>1</sup>; Jorge Luís de Sales Farias<sup>1</sup>; José Nildo Tabosa<sup>2\*</sup>; Eric Xavier de Carvalho<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Caprinos e Ovinos. <sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco-IPA. \*E-mail do autor apresentador: nildo.tabosa@ipa.br.

A produção de milho está voltada tanto para o abastecimento alimentar da família e também dos animais, quanto para geração de excedentes para comercialização. Esta lógica privilegia sistemas de policultivos associados à criação de várias espécies de animais, estabelecendo uma interdependência entre os diferentes sistemas. Desta forma o manejo da biodiversidade é o principal pilar da sustentabilidade da agricultura familiar na região apesar do acelerado processo de erosão cultural e genética, das agriculturas tradicionais, decorrentes das práticas utilizadas durante o curso da modernização pode-se perceber que, no semiárido brasileiro, a tradição das famílias rurais de produzir e guardar as suas próprias sementes tem assegurado o uso de práticas de conservação da diversidade agrícola através da adaptação, seleção e experimentação dos recursos genéticos. Assim, a seleção de locais para avaliação de cultivares é crucial para o sucesso de um programa de melhoramento e ou recomendação de cultivares. Dez cultivares de milho, sendo seis variedades da agricultura tradicional e quatro cultivares comerciais foram avaliadas para produção de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ), usando desenho experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, durante três anos em seis ambientes do semiárido cearense com o objetivo de determinar a representatividade, capacidade de discriminação e a repetibilidades dos locais de teste como também identificar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos testados. Os efeitos dos genótipos e da interação genótipo x ambiente foram analisados através da metodologia AMMI (Additive Mean Effects and Multiplicative Interaction Analysis). Apesar da interação  $G \times A$  ser significativa, a decomposição dela em cinco componentes principais revelou que apenas os dois primeiros componentes foram significativos e que ambos correspondem a 82,27% da variação devido a interação  $G \times A$ . A AMMI revelou que o ambiente denominado Sitio Areias, localizado em Sobral, CE foi o único que apresentou capacidade discriminatória significativa entre os genótipos.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; interação  $G \times A$ ; AMMI.



## DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM TIPOS ESPECIAIS DE ARROZ POR MEIO DA UTILIZAÇÃO DO ALGORITMO DE GOWER

Mariana Caroline Guimarães Xavier<sup>1\*</sup>; Thaísa de Oliveira Silveira<sup>1</sup>; Mayara de Mello Marques<sup>2</sup>; Gustavo Torres dos Santos Amorim<sup>2</sup>; Bruna Rafaela da Silva Menezes<sup>3</sup>; Pedro Corrêa Damasceno Júnior<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. \*E-mail da autora apresentadora: marianaacaroline@hotmail.com.

A estimativa da divergência genética entre genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) baseada em descritores morfológicos é uma das formas de se prever a variabilidade genética. Estimativas de distância entre genótipos permitem a identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico. A contribuição relativa dos caracteres de interesse analisados indica o grau de dissimilaridade e podem ser quantificadas por meio de modelos biométricos. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar a divergência genética entre genótipos de tipos especiais de arroz com base em caracteres quantitativos e qualitativos. O ensaio foi realizado entre novembro de 2020 e abril de 2021 em casa de vegetação no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), Seropédica – RJ. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com quatro repetições. Foram avaliados dezessete genótipos, dos quais cinco de arroz branco e onze de tipos especiais. Para as análises estatísticas foram utilizadas vinte e seis variáveis entre características morfológicas e componentes da produção, sendo, dezoito consideradas quantitativas e sete qualitativas. A estimação da matriz de distância genética foi realizada com base no algoritmo de Gower. Os agrupamentos dos genótipos foram obtidos pelos métodos de Otimização de Tocher e o Hierárquico de UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average). A correlação cofenética, que indica o ajuste entre as matrizes originais de distâncias com as distâncias da matriz cofenética, foi de 0,67. O dendrograma gerado estabeleceu oito grandes grupos, sendo que dois grandes grupos juntos concentraram 58,8% dos genótipos. O método de agrupamento de Tocher dividiu os genótipos em sete grupos heteróticos, sendo que o maior agrupamento foi constituído por oito genótipos. Considerando o método UPGMA, a menor e a maior distância genética foi de 0,1283 e 0,3612, respectivamente, e no método Tocher a menor sendo 0,1283 e a maior 0,4855. A técnica de análise de características quantitativas e qualitativas é uma alternativa viável para conhecimento da divergência entre genótipos de arroz, mostrando que no presente estudo houve variabilidade genética.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa* L.; análise de agrupamento; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** CAPES, UFRRJ; Instituto Agronômico de Campinas e ao pesquisador José Almeida Pereira da Embrapa Meio-Norte, por ceder sementes de alguns genótipos.





## **DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE FEIJÃO CAUPI DA AGRICULTURA TRADICIONAL PARA CARACTERES MORFOAGRONÔMICOS**

Maria das Dores Amaro dos Santos<sup>1\*</sup>; Yanka Jordânia Leite Amorim<sup>1</sup>; Cicero Cordeiro Pinheiro<sup>1</sup>; Jesus dos Santos Brito<sup>1</sup>; Moab Elpidio da Silva<sup>1</sup>; Silvério de Paiva Freitas Júnior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Cariri. \*E-mail da autora apresentadora: maria.amaro@aluno.ufca.edu.br

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), é uma das principais culturas na região Nordeste tendo seu cultivo voltado para a produção de grãos ou em vagens verdes. Possui ampla variabilidade genética e por seu grande consumo no país, estudos envolvendo a caracterização e melhoramento da cultura vem crescendo ao longo do tempo. Nessa perspectiva, o objetivo deste trabalho consistiu em avaliar a divergência genética entre genótipos de feijão-caupi, para formação de grupos heteróticos, visando indicar os genótipos da agricultura tradicional mais divergentes e produtivos para o programa de melhoramento genético do feijoeiro na Universidade Federal do Cariri. O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Cariri (UFCA), no campus do curso de Agronomia em Crato – CE, no delineamento experimental de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres avaliados foram: altura de planta (ALTP), número de vagem por planta (NVP), número total de vagem (NTV), comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), massa total de vagem (MTV), número de sementes por vagem (NSV), número total de sementes (NTS), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade (PROD). Os dados coletados foram organizados em planilhas e submetidos ao teste de normalidade para verificar a homogeneidade das variâncias residuais, em seguida foi feita uma análise de variância de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$ , para realizar comparações simultâneas entre as médias dos caracteres avaliados. A divergência genética foi estimada com base na distância de Mahalanobis e os métodos de agrupamento utilizados foram o de Tocher e o método da ligação média entre grupo UPGMA. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do *software* Genes. Com base nos resultados obtidos, conclui-se que, os maiores valores de divergência genética foram obtidos entre os genótipos Feijão III e Feijão Canapú, sendo indicados para cruzamentos com os demais acessos avaliados para maximizar a heterose.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, germoplasma, semiárido.

**Agradecimentos:** Universidade Federal do Cariri, CNPq e Funcap.



## **DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE FEIJÃO-CAUPI SELECIONADAS DENTRO DE CULTIVARES LOCAIS DO TIPO CANAPU E SEMPRE-VERDE**

Maurisrael de Moura Rocha<sup>1\*</sup>; Anna Flávia de Sousa Lopes<sup>2</sup>; Kaesel Jackson Damasceno e Silva<sup>1</sup>; Adão Cabral das Neves<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Meio-Norte. <sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail do autor apresentador: maurisrael.rocha@embrapa.br

As cultivares locais ou tradicionais de feijão-caupi utilizadas pelos agricultores familiares apresentam bastante diversidade em termos de características morfoagronômicas que podem ser úteis e incorporadas aos programas de pré-melhoramento e melhoramento da espécie. O objetivo do trabalho foi avaliar a divergência genética entre populações de feijão-caupi do tipo Canapu e Sempre-verde coletadas no semiárido piauiense e indicar esquemas de cruzamentos mais adequadas para obtenção de novos genótipos superiores. Foram avaliadas 48 populações, selecionadas dentro de duas cultivares locais, e duas cultivares comerciais, em um ensaio em delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, em área de produtor, no município de Ipiranga-PI. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias para o início da floração (IF), comprimento de vagem (COMPV) número de grãos por vagem (NGV), peso de 100 grãos (P100G), índice de grãos (IG) e produtividade de grãos (PG). Foram realizadas análises de variância e as médias foram utilizadas para estimar a dissimilaridade genética por meio da distância de Mahalanobis e, com base nesta, o agrupamento por meio do método de otimização de Tocher. Maior dissimilaridade e similaridade genética foram observadas, respectivamente, entre as populações 19 e 47 (94,61), e 8 e 18 (0,86). As populações foram alocadas em 15 grupos (G), sendo G1 compreendendo 13 populações (8, 18, 6, 13, 16, 9, 12, 15, 4, 21, 11, 2 e 7); G2, também com 15 populações (30, 45, 27, 40, 46, 31, 29, 5, 38, 37, 24, 35, 25, 44 e 39); G3, com cinco populações (1, 41, 26, 48, e 20); G4, com três populações (34, 36 e 33); G5, com duas populações (1 e 17); G6, com três populações (32, 43 e 22); e os demais grupos (G7 a G15) alocaram uma população por grupo (G7: 23; G8: 14; G9: 47; G10: 28; G11: 49; G12: 50; G13: 42; G14: 3; E G15: 19). Os caracteres TP (24,62%) e COMPV (25,84%) foram os que mais contribuíram para a divergência das populações, demonstrando maior variabilidade entre estas para esses caracteres, sendo a PG a que menos contribuiu para a divergência, evidenciando similaridade entre as populações para esse caráter. Com base na divergência genética e nas médias dos caracteres das populações, maior sucesso na obtenção de linhagens superiores para esses caracteres por meio de hibridação será obtida adotando-se os seguintes esquemas de cruzamentos: 5 x 19, 19 x 22, 19 x 23, 19 x 32, 19 x 47, 42 x 47, 12 x 23. Deve-se evitar cruzamentos entre: as populações pertencentes a um mesmo grupo, tendo em vista serem mais similares geneticamente, e entre populações muito dissimilares, mas com médias inferiores para os caracteres.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; diversidade; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** CAPES, Embrapa Meio-Norte e UFPI.



## DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA

Keny Henrique Mariguele<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup> EPAGRI/Estação Experimental de Itajaí, Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. \*E-mail do autor apresentador: [kenymariguele@epagri.sc.gov.br](mailto:kenymariguele@epagri.sc.gov.br).

O cultivo de palmeiras para produção de palmito é uma atividade tradicional no Estado de Santa Catarina. Atualmente, a atividade envolve uma área de, aproximadamente, 10 mil ha, 51 viveiristas, 64 indústrias de conserva, que resultam em 1631 famílias ligadas à atividade. A profissionalização da atividade surgiu como alternativa ao extrativismo do palmito juçara (*Euterpe edulis* Mart.), que é nativo da Mata Atlântica. A espécie *Archontophoenix alexandrae* é altamente valorizada por possuir características do palmito semelhantes às de *Euterpe edulis*. Conhecer a diversidade genética da população base de melhoramento possibilita tomar decisões para a condução do programa. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estudar a diversidade genética de famílias de meios-irmãos de palmeira-real-australiana através de teste de progênie. Quarenta e duas famílias de polinização aberta foram estudadas usando o delineamento blocos casualizados com 21 repetições e uma planta por parcela, no município de Luiz Alves – SC no espaçamento de 1,7 x 0,5 m. O solo é classificado como gleisolo, e o manejo de adubação seguiu a recomendação para a cultura. A colheita do experimento foi em fevereiro de 2018, 28 meses após o plantio. Foram avaliadas quatro variáveis fitométricas (diâmetros da planta e alturas da planta, no plantio e na colheita) e duas de rendimento (rendimento apical e rendimento basal). Os dados médios obtidos foram usados para realizar a análise de cluster não hierárquico K-means, pela distância euclidiana, a partir dos pacotes *tidyverse*, *cluster* e *factoextra* no R. Quatro grupos foram formados, com 16, 9, 7 e 10 famílias por grupos. A análise mostrou que 70,8% da variação total estão distribuídas entre os grupos. Além disso, a análise bidimensional dos dados explica 86,1% da variação dos dados. Portanto, com base na análise multivariada, é possível afirmar que existe variabilidade genética entre as plantas matrizes estudadas, para o conjunto de variáveis avaliadas. Os resultados indicam que, na população em estudo, seria possível identificar genótipos para criar uma população melhorada, o que contribuirá para diminuir a falta de uniformidade encontrada nas áreas de cultivo comercial da região em avaliação.

**Palavras-chave:** *Archontophoenix alexandrae*; k-means; melhoramento.

**Agradecimentos:** FAPESC.





## DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE VARIEDADES DE FAVA DA AGRICULTURA TRADICIONAL

Ramony Kelly Bezerra Oliveira<sup>1\*</sup>; Paulo Marcelo de Sousa Queiroz<sup>1</sup>; Érika Beatriz de Lima Castro<sup>1</sup>; Angela Maria dos Santos Pessoa<sup>1</sup>; Ana Kelly Firmino da Silva<sup>1</sup>; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Ceará. \*E-mail da autora apresentadora: ramonyoliveira06@gmail.com.

A fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda leguminosa de maior importância econômica e consumo dentre as espécies do gênero *Phaseolus*. No Brasil, é produzido por pequenos agricultores e se adapta bem às regiões semiáridas do Nordeste brasileiro devido à sua rusticidade e tolerância ao estresse hídrico. Estudos de divergência genética são imprescindíveis para o conhecimento da variabilidade da espécie e seleção de genótipos para os programas de melhoramento vegetal. Dessa forma, objetivou-se com esta pesquisa, avaliar os caracteres biométricos dos grãos de genótipos de fava que possam contribuir para os estudos de diversidade genética da espécie, identificando possíveis parentais superiores. Para isso, foram utilizados 23 genótipos de fava. As análises foram realizadas no Laboratório de Melhoramento Vegetal da Universidade Federal do Ceará. Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições de 10 sementes cada. As características biométricas analisadas foram comprimento, largura e espessura do grão. As medidas foram avaliadas com auxílio de um paquímetro digital. Estatisticamente foi realizada uma análise de divergência genética pelo método de agrupamento de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Formaram-se cinco grupos distintos, sendo os grupos 1, 2 e 3 formados pelo maior número de genótipos (oito, seis e sete genótipos, respectivamente). Já os grupos 4 e 5 apresentaram apenas um genótipo cada. Os grupos que apresentam o menor número de genótipos, segundo esse método, são os mais divergentes geneticamente, ou seja, os genótipos AC 22-Fava S e Fava-soja, presentes nos grupos 4 e 5, são os mais indicados para posteriores programas de melhoramento de fava.

**Palavras-chave:** Variabilidade; *Phaseolus lunatus*; agrupamento.

**Agradecimentos:** UFC; NUMERG; BAG-CAUPI.



## DIVERSIDADE GENÉTICA MOLECULAR EM CULTIVARES E ACESSOS DE *Passiflora edulis* SIMS. PRESENTES EM BANCOS DE GERMOPLASMA

Lucas Amorim Silveira<sup>1\*</sup>; Anderson Carvalho Vieira<sup>2</sup>; Onildo Nunes de Jesus<sup>3</sup>; Fabio Gelape Faleiro<sup>4</sup>; Elisa Susilene Lisboa dos Santos<sup>1</sup>; Carlos Bernard Moreno Cerqueira-Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. <sup>2</sup>Universidade Estadual de Santa Cruz. <sup>3</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. <sup>4</sup>Embrapa Cerrados. \*E-mail do autor apresentador: lsilveira.biotech@gmail.com

No Brasil estão representadas grande parte da biodiversidade do gênero *Passiflora*, sendo *Passiflora edulis* SIMS a espécie de maior interesse comercial. No contexto nacional, a região Nordeste possui destaque em sua produção de maracujá, porém sua produtividade é afetada tanto por fatores bióticos (pragas e doenças) como abióticos (a exemplo do estresse hídrico). Informações relacionadas a variabilidade genética, inerentes aos acessos disponíveis nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG), são importantes para os programas de melhoramento, potencializando a produção de variedades mais adaptadas aos desafios presentes no cultivo do maracujazeiro. Assim, o objetivo foi caracterizar a variabilidade genética presente em acessos de *P. edulis* SIMS. mantidos nos BAG da EMBRAPA Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, BA, e da EMBRAPA Cerrados (BAG Flor da Paixão), em Brasília, DF, com marcadores moleculares. Foram utilizados nove iniciadores *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR) e 160 genótipos de *P. edulis* SIMS., entre 37 acessos da Embrapa Mandioca e Fruticultura, cinco acessos do BAG Flor da Paixão e cinco Cultivares. As análises consideraram índices descritivos (nº de alelos/marcadores raros e exclusivos), análises da distribuição em gráfico de coordenadas principais (PCoA), heterozigosidade esperada (He), conteúdo de informação polimórfica (PIC) e a análise molecular de variância (AMOVA). No total foram gerados 276 marcadores, com média de aproximadamente 30 marcadores por iniciador (todos polimórficos). Para os marcadores raros e exclusivos, foram observados um número de 44 e 58, respectivamente. A média dos valores de He e PIC foram de 0,11 e 0,16, respectivamente. Especificamente para o He, os valores variaram de 0,07 a 0,14, no BAG e nas Cultivares, respectivamente. Diferença genética existente entre os três grupos considerados, também foi evidenciada com a AMOVA, indicando variabilidade entre grupos da ordem de 27%, e, os acessos da EMBRAPA Mandioca e Fruticultura possuindo a maior quantidade de marcadores privados (46). A variabilidade genética observada atesta para potenciais contribuições a serem obtidas com o uso deste germoplasma no avanço dos programas de melhoramento. Em síntese, as estimativas apresentadas fornecem dados úteis às etapas de pré-melhoramento, contribuindo inclusive para seleção de genótipos nos programas de melhoramento, além da preservação da biodiversidade.

**Palavras-chave:** maracujazeiro; ISSR; diversidade genética.

**Agradecimentos:** FAPESB, EMBRAPA e UESB



## ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA REML/BLUP VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MELÃO- DE-SÃO-CAETANO (*Momordica charantia*) PARA A PRODUÇÃO DE FRUTOS

Mayara de Mello Marques<sup>1\*</sup>; Thaísa de Oliveira Silveira<sup>1</sup>; Gustavo Torres dos Santos  
Amorim<sup>1</sup>; Pedro Corrêa Damasceno Júnior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. \*E-mail da autora apresentadora:  
marquesmmayara@gmail.com

O melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) é uma cucurbitácea, monóica, diplóide, com  $2n = 2x = 22$  cromossomos, conhecida por sua ação hipoglicêmica. Apesar da sua importância, o melhoramento da cultura ainda é incipiente. Estudos relativos a herança de características ligadas a produção são importantes para se conhecer o germoplasma disponível e buscar as melhores estratégias para a seleção de genótipos superiores. A estimação de parâmetros genéticos via método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e a estimação dos valores fenotípicos dos genótipos via Melhor Preditor Linear Não-Viesado (BLUP) são importantes ferramentas para a seleção de genótipos de melão-de-são-caetano. Os objetivos deste trabalho foram conhecer a herança de 17 variáveis ligadas a produção de frutos em melão-de-são-caetano e selecionar genótipos com alta performance para a produção de frutos na cultura. Também foi proposto associar o BLUP com o PCA (Análise de Componentes Principais), a fim de permitir uma interpretação simultânea dos valores fenotípicos considerando todas as variáveis em um mesmo plano bidimensional. Assim, foram plantados 22 genótipos de melão-de-são-caetano em casa de vegetação e foram analisadas quanto a 17 variáveis relativas a produção de frutos durante um ciclo completo de produção. Estimaram-se coeficientes de correlação entre as variáveis, e para cada uma delas, via REML, variâncias, repetibilidades e acurácias. Os valores fenotípicos e o ranqueamento dos genótipos foram obtidos via BLUP. Estes valores foram submetidos a análise de PCA. Os coeficientes de repetibilidade estimados foram classificados como baixos para a maioria das variáveis. A variável número de frutos por planta (NFP) foi a mais promissora para ganhos genéticos, pois apresentou uma das maiores correlações com a produção total (= frutos + sementes + arilo) e uma estimativa de repetibilidade individual razoável para culturas ainda não melhoradas e variáveis quantitativas ( $r = 0,47$ ). Verificou-se uma correlação baixa entre a produção de frutos e o tamanho dos frutos. Porém, foi possível identificar genótipos produtivos com frutos maiores, os quais foram: UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087. O genótipo mais produtivo produziu 146 frutos e o menos produtivo apenas quatro frutos. Os genótipos mais bem ranqueados para a produção de frutos, via BLUP-PCA, foram: UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC087. Estes foram elencados como potenciais progenitores femininos no programa de melhoramento da cultura na UFRRJ.

**Palavras-chave:** modelos mistos; melhoramento de plantas; BLUP-PCA.

**Agradecimentos:** Capes.





## EFICIÊNCIA DO USO DO FÓSFORO EM GENÓTIPOS DE MELOEIRO SOB CULTIVO HIDROPÔNICO

Louize Nascimento<sup>1</sup>; Francisco Linco de Souza Tomaz<sup>1\*</sup>; Deisy Alexandra Rosero Alpala<sup>1</sup>; Ruth Mainá Penha da Silva<sup>1</sup>; Francisco de Assis de Oliveira<sup>1</sup>; Glauber Henrique de Sousa Nunes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido. \*E-mail do autor apresentador: [lincotomaz@gmail.com](mailto:lincotomaz@gmail.com).

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das hortaliças mais apreciadas e comercializadas no mundo. Esta cultura apresenta alta demanda nutritiva, sendo o fósforo (P) aquele que mais limita sua produção. Este nutriente é disponibilizado às raízes das plantas por processos naturais de intemperismo, porém em pequenas quantidades. Para superar esta limitação, são aplicadas grandes quantidades de fertilizantes fosfatados para manutenção da produção agrícola, contribuindo para o aumento nos custos de produção, além de reduzir os recursos naturais não renováveis que originam este insumo. Nesse contexto, a adoção de variedades mais eficientes quanto ao uso do fósforo mostra-se de extrema relevância para a cadeia produtiva do melão. Portanto, objetivou-se com este trabalho, avaliar a eficiência de uso de fósforo em genótipos de meloeiro cultivados em sistema hidropônico. O experimento foi realizado em sistema hidropônico tipo *floating*, no qual as plantas ficam apoiadas em sistema flutuante e as raízes submersas em solução nutritiva, sendo a unidade experimental representada por um vaso plástico com capacidade para 10 litros, com uma planta por vaso. Foram avaliados seis genótipos de meloeiro (Vereda, Gaúcho Casca de Carvalho, Trinity, A-02, A-16 e A-29), submetidos a duas soluções nutritivas (P+: sem restrição de fósforo e P-: com restrição de fósforo). A solução nutritiva P+ foi preparada utilizando água com a seguinte composição, em mg L<sup>-1</sup>: 152 de nitrogênio, 39 de fósforo, 245 de potássio, 119 de Cálcio, 29 de Magnésio e 32 de enxofre. A solução nutritiva deficiente em fósforo (P-) apresentou a mesma concentração de nutrientes, exceto de P. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos casualizados, no esquema fatorial 6 x 2 com cinco repetições. As plantas foram avaliadas quanto ao número de folhas, comprimento do sistema radicular e eficiência de uso de fósforo. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas segundo a metodologia de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade. Foi verificada a existência de variabilidade entre os genótipos para todos os caracteres avaliados nas duas soluções. A eficiência de uso de P foi maior na solução com restrição deste nutriente. Os genótipos ‘gaúcho casca de carvalho’ e A-29 foram os mais eficientes na solução P+, enquanto que na solução P-, ‘Trinity’, A-02, A-16 e A-29 foram os mais eficientes.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; adubação fosfatada; melhoramento vegetal.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo auxílio financeiro.



## EFICIÊNCIA REPRODUTIVA DE ACESSOS DE AMENDOIM DA VARIEDADE BOTÂNICA *Fastigiata* COM DIFERENTES COMBINAÇÕES GENÉTICAS

Marília de Macêdo Duarte Morais<sup>1\*</sup>; Rennan Fernandes Pereira<sup>2</sup>; Jean Pierre Cordeiro Ramos<sup>2</sup>; Rosa Maria Mendes Freire<sup>2</sup>; Carliane Rebeca Coelho da Silva<sup>3</sup>; Roseane Cavalcanti dos Santos<sup>2</sup>

<sup>1</sup>UEPB. <sup>2</sup>Embrapa Algodão. <sup>3</sup>UFRPE. \*E-mail da autora apresentadora: mariliaduartebio@gmail.com.

Estimar a eficiência reprodutiva de uma população é de grande importância para o planejamento de estratégias adotadas nos programas de melhoramento, pois é a partir do conhecimento de sua base genética que há possibilidade de identificar o quanto este caráter de interesse está presente na população estudada. Neste estudo, onze acessos de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) da variedade botânica *fastigiata* de diferentes combinações genéticas foram avaliados quanto à eficiência reprodutiva visando a identificar materiais precoces e úteis para uso no melhoramento da cultura para ambiente semiárido. Os acessos foram cultivados em casa de vegetação, em vasos contendo duas plantas. As regas foram realizadas diariamente, até uma semana antes da colheita. O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado com cinco repetições. Para avaliação dos acessos foram adotados os seguintes descritores: início da floração (IF), altura da haste principal (AP), número de vagens/planta (NV), peso das vagens/planta (PV), peso de 100 vagens (P100V), Peso de 100 sementes (P100S), maturação completa das vagens (MCV), duração da floração (DF), viabilidade das flores (VF), eficiência reprodutiva de ginóforos (Erg) e de flores (ERf) e índice de colheita (IC). Após análise de normalidade dos dados, procedeu-se à análise de variância (teste F), seguida de análise multivariada para classificação dos acessos, baseando-se em modelos hierárquico (UPGMA) e dispersão gráfica (variáveis canônicas). Diferenças estatísticas significativas foram encontradas para maioria das variáveis, indicando que há variabilidade genética nos acessos estudados. Com base nas análises multivariadas, verificou-se coerência na formação de três agrupamentos, um deles (G3: PI-268-689 e AHK-85-3), aglomerou os acessos mais promissores para produção de vagens e eficiência reprodutiva, previamente identificados na análise de variância, indicando que estes podem ser usados posteriormente em programas de melhoramento focalizando nos caracteres antes mencionados.

**Palavras-chave:** *Arachis hypogaea*; variabilidade genética; produção de vagens.

**Agradecimentos:** À Capes e à Embrapa Algodão.



## ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE VALOR GENÉTICO EM FEIJÃO FAVA UTILIZANDO MODELOS MISTOS

Maria de Fátima Brito Vieira<sup>1\*</sup>; Jhessica Lanna Rodrigues De Carvalho<sup>1</sup>; Karla Annielle da Silva Bernardo Brito<sup>1</sup>; Guilherme Alexandre Luz da Costa<sup>2</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. <sup>2</sup>Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz' - ESALQ/USP. \*E-mail da autora apresentadora: mariafbvieira2016@gmail.com

A espécie *Phaseolus lunatus* L., é popularmente conhecida como feijão-fava, fava-de-lima ou fava. Dentre as espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*, a fava ocupa o segundo lugar em consumo, depois do feijão-comum. O feijão-fava possui um sistema misto de cruzamento. O sistema reprodutivo nas plantas possibilita estimar a taxa de cruzamento entre indivíduos e determina o modo de transmissão dos genes de uma geração para outra. Desse modo, permite delinear estratégias que quantifiquem a variabilidade genética e cria modelos genéticos e estatísticos para o manejo de uma espécie em um programa de melhoramento e conservação dos recursos genéticos. Nesse sentido, o objetivo do presente estudo foi aplicar a metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) para realizar a estimação de parâmetros genéticos e a predição de valores genotípicos em população segregante F<sub>5</sub> de feijão-fava. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, em Teresina – PI. Foram avaliadas seis progênies F<sub>5</sub> de porte determinado e o delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições, sendo a parcela útil constituída de trinta plantas, no espaçamento 0,7 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras. Os caracteres avaliados foram: número de dias para floração, número de dias para maturação, largura, comprimento, espessura, número de lóculos e sementes da vagem, comprimento, largura e espessura da semente, quantidade de vagens e peso de dez vagens por planta, altura da planta. Sendo utilizado nas análises o programa computacional Selegen. Portanto, para a geração F<sub>5</sub>, a herdabilidade individual em sentido amplo ( $h^2_a$ ), foi baixa para todos os caracteres avaliados, dessa forma não sendo recomendada a seleção individual. Logo, a seleção pode ser realizada utilizando os dados das progênies, através da seleção das 20 melhores plantas em cada caráter de acordo com os ganhos genotípicos obtidos. Sendo recomendado selecionar sementes de cada planta para a próxima geração.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; parâmetros genéticos; melhoramento.

**Agradecimentos:** CNPq; UFPI





## **ESTIMATIVA DE ANOMALIAS FLORAIS EM GENÓTIPOS DE MAMOEIRO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA**

Naiane Santos da Silva<sup>1\*</sup>; Hellen Cristina da Paixão Moura<sup>1</sup>; Diego Fernando Marmolejo Cortes<sup>2</sup>; Liliane Santana Luquine<sup>2</sup>; Tamara Rocha dos Santos<sup>1</sup>; Carlos Alberto da Silva Ledo<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*E-mail da autora apresentadora: nai7x70@gmail.com.

O mamoeiro (*Carica papaya* L.), pertencente à família Caricaceae, é uma das principais árvores frutíferas das regiões tropicais e subtropicais do mundo, e seus frutos são amplamente consumidos *in natura* ou industrializados. É altamente influenciável por fatores ambientais com ocorrência de anomalias florais em determinadas épocas do ano. Tais anomalias causam grandes prejuízos para os produtores comerciais, portanto há uma demanda por variedades que sejam menos afetadas pela influência da sazonalidade visando obter resultados satisfatórios na produção. A metodologia de Modelos Mistos tem se mostrado de grande relevância para os programas de melhoramento ao permitir a comparação de indivíduos através do tempo e espaço. Assim, o presente estudo busca estimar o índice de repetibilidade de anomalias florais em genótipos de mamoeiro e as correlações entre variáveis para anormalidades florais, utilizando a metodologia de Modelos Mistos (REML/BLUP). Foram avaliados 19 genótipos sendo 11 do grupo solo e 8 do grupo Formosa, provenientes dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) de mamoeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas – BA. Foram plantadas 8 plantas de cada acesso em linhas com espaçamento de 3 m entre fileiras e 1,5 m entre plantas, em blocos casualizados. A avaliação foi realizada em plantas hermafroditas e os acessos foram avaliados num período de 6 meses (fevereiro a julho de 2021), sendo contabilizados: número de botões florais (NBF), número de flores hermafroditas (NFH), número de flores com reversão (NFR), número de frutos (NF) e número de frutos carpelóides (NFC). Os resultados mostraram que os acessos do grupo Formosa foram mais susceptíveis à esterilidade de verão e ocorrência de frutos carpelóides. Os acessos do grupo Solo tiveram maiores médias de flores hermafroditas em todo período de avaliação. Esses resultados são importantes para estudos sobre genótipos de mamoeiro do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura e para o programa de melhoramento do mamoeiro da instituição.

**Palavras-chave:** *Carica papaya*, pentandria, carpeloidia.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura.



## GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE ACESSOS DE MELOEIRO SOB DÉFICIT HÍDRICO INDUZIDO POR POLIETILENOGLICOL 6000

Renata Fernandes de Matos<sup>1</sup>; Luma Rayane de Lima Nunes<sup>1\*</sup>; Haynna Fernandes Abud<sup>1</sup>; Sebastião Medeiros Filho<sup>1</sup>; Carlos Tadeu dos Santos Dias<sup>2</sup>; Fernando Antonio Souza de Aragão<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Ceará. <sup>2</sup>Universidade de São Paulo; <sup>3</sup>Embrapa Agroindústria Tropical. \*E-mail da autora apresentadora: lumanunes20@hotmail.com.

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) adapta-se bem ao Semiárido nordestino, o que é possível devido suas características climáticas como temperatura e umidade. Contudo, a ocorrência do estresse hídrico incide diretamente sobre o desenvolvimento do meloeiro, ocasionando expressiva redução na sua produtividade. Nessa condição, um dos primeiros processos a ser afetado é a germinação das sementes, pois esta requer um nível adequado de hidratação que permita a absorção de água pelo embrião e a reativação dos processos metabólicos. Ainda são muito escassos trabalhos sobre o efeito do PEG 6000 na germinação de sementes de melão, bem como a definição de um potencial ideal e a identificação de quais caracteres são mais expressivos na discriminação de genótipos tolerantes. Nesse contexto, o presente trabalho tem por objetivo avaliar os efeitos do déficit hídrico induzido por PEG 6000 na germinação de sementes de acessos de meloeiro e estabelecer o potencial hídrico e as variáveis capazes de discriminar genótipos tolerantes, a fim de contribuir para ganhos em tempo nos programas de melhoramento. Os ensaios foram conduzidos no Laboratório de Análises de Sementes da UFC, nos quais foram utilizados 34 acessos de meloeiro. As sementes foram submetidas à germinação em papel Germitest® e mantidas em BOD a 25°C, conduzido em DIC, com quatro repetições de 50 sementes. Adotou-se o delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições de 50 sementes. O PEG 6000 foi utilizado para simular os potenciais -0,2, -0,4, -0,6, -0,8 e -1,0 Mpa, sendo o potencial 0,0 Mpa obtido com o uso apenas de água destilada. Foram analisadas as variáveis: porcentagem de germinação (%G); índice de velocidade de germinação (IVG); tempo médio de germinação (TMG); comprimento da parte aérea (CPA); comprimento da parte radicular (CPR); massa fresca da parte aérea (MFPA); massa fresca da parte radicular (MFPR); massa seca da parte aérea (MSPA); e massa seca da parte radicular (MSPR). A análise estatística foi realizada utilizando-se o sistema SAS. Concluiu-se que: o aumento da intensidade do estresse hídrico reduziu a germinação e o estabelecimento de plântulas de melão; o potencial hídrico -0,8 Mpa demonstrou-se limitante para a germinação das sementes, afetando principalmente os caracteres %G, IVG, TMG e CPR, destacando-se como útil para seleção de genótipos tolerantes ao estresse hídrico.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; restrição hídrica; PEG 6000.

**Agradecimentos:** EMBRAPA, PPGAF-UFC, Funcap e Capes



## HERANÇA DA COR DO MESOCARPO EM MELÃO

Francisco Leandro Costa Loureiro<sup>1\*</sup>; Adriano Ferreira Martins<sup>1</sup>; Ruth Mainá Penha da Silva<sup>1</sup>;  
Francisco Linco de Souza Tomaz<sup>1</sup>; Maria Andreza Fontes<sup>1</sup>; Glauber Henrique de Sousa  
Nunes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). \*E-mail do autor apresentador:  
leandrorussas@hotmail.com

A coloração da polpa do melão possui importância relevante, pois está ligada diretamente com o conteúdo de carotenoides presentes no fruto. Atualmente, a cor salmão tem se destacado na preferência do mercado consumidor, e os produtores estão cada vez mais buscando atender estas exigências. Para se obter variedades com características de interesse, faz-se necessário estudar a herança genética e a interação dos genes envolvidos. O objetivo do estudo foi identificar a herança da cor do mesocarpo (polpa) em frutos de melão. O ensaio foi realizado em campo no Pomar Didático da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). No ano de 2019 foi realizado o cruzamento entre o acesso AC-02 e o cultivar 'Timeless', obtendo-se a geração F<sub>1</sub>. O AC-02 é um acesso de melão do tipo "momordica", pertencente à coleção ativa de germoplasma da UFERSA. 'Timeless' é um cultivar de melão tipo cantaloupe. Em 2020 foi realizada a autofecundação da geração F<sub>1</sub> para obter F<sub>2</sub>. Em 2021, foi realizado o experimento em campo aberto com 211 plantas em Delineamento Genético Clássico sendo: 10 plantas do genitor AC-02, 10 plantas 'Timeless', 10 plantas F<sub>1</sub> e 181 plantas F<sub>2</sub>. A condução das plantas seguiu as recomendações para a cultura na região. A colheita foi realizada entre os 60 a 65 dias após transplante, sendo colhido 1 (um) fruto por planta. A cor foi observada visualmente a partir do corte longitudinal dos frutos. A análise estatística foi realizada a partir das frequências observadas na população segregante (F<sub>2</sub>), adotando-se o teste de Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) para testar o possível modelo genético. Foram constatados que todos os frutos AC-02 produziram frutos com polpa branca. Todos os frutos do cultivar 'Timeless' produziram frutos com polpa salmão. Ambos resultados característicos dos genitores. Na geração F<sub>1</sub>, todos os frutos possuíam polpa salmão, o que mostra dominância desta cor em relação à branca. Na população F<sub>2</sub> foram identificados 136 frutos de polpa salmão, 38 frutos de polpa branca e 7 de polpa verde. Isto se aproxima de uma razão de 12:3:1 para cor salmão, branca e verde, respectivamente. A razão de segregação observada indica que a herança da cor da polpa é controlada por dois genes que interagem por epistasia dominante, onde a cor salmão é dominante na presença de cor e a cor branca é dominante sobre a verde.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo*; genética; epistasia.

**Agradecimentos:** à CAPES pela concessão de bolsa e aos membros do Grupo de Estudos em Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal.





## HERANÇA DA RESISTÊNCIA À MOSCA MINADORA EM MELÃO AMARELO

Ruth Mainá Penha da Silva<sup>1\*</sup>; Roberta Rocha Ferreira<sup>1</sup>; Adriano Ferreira Martins<sup>1</sup>; Sabrina Queiroz de Freitas<sup>1</sup>; Elton Lucio De Araújo<sup>1</sup>; Glauber Henrique de Sousa Nunes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA. \*E-mail da autora apresentadora: rmayna1209@gmail.com

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das olerícolas de maior importância econômica no Brasil. A Região Nordeste concentrou cerca 96% da produção nacional e 100% das exportações da fruta em 2020. Concomitante ao sucesso da cultura na região está a ocorrência de pragas que reduzem a produção e qualidade dos frutos. Dentre as pragas que afetam o meloeiro, se destaca a mosca minadora (*Liriomyza sativae* L.), causando muitas perdas na produção. Uma das alternativas para o controle dessa praga é o uso de cultivares resistentes, dentro de um programa de manejo da cultura. Para a obtenção de cultivares resistentes é preciso identificar as fontes de resistência e estudar sua herança. Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança da resistência a mosca minadora em melão amarelo. Foi realizada a infestação em gaiolas revestidas com tela antiafídica da população F2 e famílias F3 para a reação à mosca minadora, sendo avaliado o número de minas. As plantas permaneceram por 15 minutos na presença dos insetos para serem infestadas, sem chance de escolha. Após estes procedimentos, as mudas foram transferidas para a casa de vegetação e permaneceram por dois dias para início das avaliações. Em cada gaiola tinha aproximadamente 200 casais com moscas minadoras. A análise estatística foi realizada através de um teste de Qui-quadrado utilizando o Programa R ao nível de 5% de significância. Concluiu-se que a herança da resistência em melão amarelo à mosca minadora é do tipo monogênica com dominância do alelo que confere resistência. Esse resultado facilita a introgressão do alelo para resistência pelo uso de retrocruzamentos.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; *Liriomyza sativae* L.; controle.

**Agradecimentos:** UFERSA; CAPES; CNPq.



## HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO DE MELOEIRO Ag-15591Ghana À *Macrophomina phaseolina*

Adriano Ferreira Martins<sup>1\*</sup>; Ruth Mainá Penha da Silva<sup>1</sup>; Francisco Linco de Souza Tomaz<sup>1</sup>; Maria Andreza Fontes<sup>1</sup>; Glauber Henrique de Sousa Nunes<sup>1</sup>; Márcia Michelle de Queiroz Ambrósio<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA. \*E-mail do autor apresentador: [adrianomartinsfe@gmail.com](mailto:adrianomartinsfe@gmail.com).

A podridão do colo, causada por *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid é uma das principais doenças radiculares que afetam a cultura no meloeiro. A doença é de difícil controle, pois o patógeno produz estruturas de resistência como clamidósporos, oósporos e escleródios que permanecem no solo e restos vegetais por vários anos. O uso de cultivares resistentes é uma das melhores alternativas para convivência com o referido patógeno, dentro de um programa de manejo da cultura. Para condução de um programa de melhoramento visando à obtenção de cultivares resistentes é necessário o conhecimento da herança envolvida na resistência do genitor doador. Em estudo de reação, o acesso de meloeiro Ag-15591Ghana foi identificado como resistente a esse patógeno. Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança da resistência do referido acesso em cruzamento com o acesso Con-Pat81Ko. Inicialmente foi obtida a geração F1, proveniente do cruzamento entre os dois genitores, posteriormente foi obtida a geração F2 e retrocruzamento (RC11). As populações foram testadas quanto à reação ao patógeno, seguindo-se a metodologia de inoculação do palito de dente. A avaliação foi feita 25 dias após a inoculação, com base numa escala de notas de severidade que varia de 0 a 5, em que 0: Assintomática e 5: Mais que 50% dos tecidos infectados. Modelos genéticos foram testados usando a máxima verossimilhança em misturas de funções de densidade normal. A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses. Por meio dos resultados, pode-se concluir que a herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana é controlada por um gene maior com a presença de efeito aditivo e de dominância.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; manejo; doenças radiculares.

**Agradecimentos:** UFERSA; CAPES; CNPq.



## HERANÇA GENÉTICA DA RESISTÊNCIA POR ANTIXENOSE À MOSCA-MINADORA DO ACESSO DE MELOEIRO CNPH 94-244

Ariana Veras de Araújo<sup>1\*</sup>; Elaine Facco Celin<sup>1,2\*</sup>; Caique Duarte Batista<sup>3</sup>; Liliana Rocivalda Gomes Leitão<sup>4</sup>; Glauber Henrique de Sousa Nunes<sup>5</sup>; Fernando Antonio Souza de Aragão<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Agroindústria Tropical. <sup>2</sup>Universidade Federal do Ceará. <sup>3</sup>Universidade Federal de Viçosa. <sup>4</sup>Universidade Federal de Lavras. <sup>5</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido.\*E-mail do autor apresentador: elainecelin@yahoo.com.br

Na evolução da interação planta-inseto, as plantas investiram em diversos mecanismos de defesa para contornar as adversidades impostas constantemente, que resultou em uma variação natural de resistência. Para o meloeiro (*Cucumis melo* L.), o germoplasma conservado é fonte valiosa dessa variabilidade genética, que pode ser acessada para obtenção de genes favoráveis. Nesse contexto, uma vez selecionado uma fonte de resistência é imprescindível o conhecimento da natureza genética nas manifestações fenotípicas das características de interesse, para que possam ser utilizadas de forma eficaz no melhoramento da cultura, por exemplo, a resistência à mosca-minadora (*Liriomyza sativae* L.), principal problema fitossanitário do meloeiro. Assim, o objetivo do estudo foi elucidar a herança genética por antixenose à mosca-minadora no acesso de meloeiro CNPH 94-244 (P<sub>1</sub>) em cruzamento com o híbrido suscetível 'Goldex' (P<sub>2</sub>). Inicialmente, com polinização controlada foram obtidas as gerações filiais F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub> e RC<sub>12</sub>. As plantas, pais e gerações filiais, foram submetidas à infestação do inseto em gaiola entomológica, utilizando seis moscas por planta durante 20 horas, em laboratório. Posteriormente, foram transportadas para casa de vegetação e, após três e oito dias foi quantificado o número de minas e pupas por planta, respectivamente. Os estudos genéticos foram baseados nas médias e variâncias nas diferentes gerações (P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub> e RC<sub>12</sub>). Com base nas médias da geração F<sub>1</sub> houve interação alélica não aditiva no controle genético do número de minas e de pupas por planta. O modelo completo foi adequado para explicar a herança dessas variáveis, sendo o efeito aditivo o mais importante. A herdabilidade no sentido restrito foi alta para minas e moderado para pupas por planta. A herança genética das variáveis analisadas na população CNPH 94-244 x 'Goldex' tem natureza quantitativa (poligênica), envolvendo de seis (minas por planta) e a dez genes (pupas por planta). Portanto, para introgressão dos alelos de resistência do acesso CNPH 94-244 métodos de melhoramento mais complexo são necessários, entretanto, por apresentarem herdabilidade restrita de moderada a alta, as variáveis avaliadas podem ser utilizadas na seleção de indivíduos superiores, em gerações segregantes.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo*; herdabilidade; germoplasma.

**Agradecimentos:** EMBRAPA, PPGAF-UFC, Funcap e Capes.





## MULTIPLICAÇÃO *in vitro* DE HÍBRIDOS DE ABACAXIZEIRO PARA ENSAIOS DE VALIDAÇÃO AGRONÔMICA

Beatriz Santos França<sup>1\*</sup>; Hellen Cristina da Paixão Moura<sup>1</sup>; Everton Hilo de Souza<sup>1</sup>; Fernanda Vidigal Duarte Souza<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*E-mail da autora apresentadora: beatrizfranca636@gmail.com

O Brasil é um dos principais centros de origem do abacaxi, o que garante ao país posição de destaque em relação à diversidade genética da cultura. Essa variabilidade genética dá suporte aos programas de melhoramento e ao desenvolvimento de novas variedades para o mercado. No entanto, uma das atividades a se realizar para o lançamento de um novo material são os ensaios de validação agronômica, que por sua vez, demandam uma grande quantidade de mudas. O objetivo deste trabalho foi realizar a multiplicação *in vitro* de três híbridos de abacaxi para obtenção de material propagativo de qualidade visando os ensaios mencionados acima. Para o estabelecimento *in vitro* foram utilizadas quatro plantas dos três híbridos: BRS Imperial, HT1 (híbrido ornamental) e N2 (ornamental). Foram removidas as folhas do talo, lavados com detergente comercial antes da excisão das gemas e sua posterior desinfestação em câmara de fluxo laminar sob condições assépticas. A desinfestação consistiu no tratamento das gemas com solução de etanol a 70% (v/v) por cinco minutos, seguida por imersão em solução de hipoclorito de sódio com princípio ativo de 2,0 a 2,5%, contendo três gotas de detergente Tween®, por 20 minutos, após três lavagens com água destilada. Após esse procedimento, as gemas foram reduzidas, retirando-se o excesso de tecidos e posterior estabelecimento em tubos de ensaio contendo meio nutritivo MS (MURASHIGE; SKOOG, 1962) suplementado 3 % de sacarose, 0,5 mg L<sup>-1</sup> de BAP, 0,01 mg L<sup>-1</sup> de ANA e solidificado com 2,5 g L<sup>-1</sup> de Phytigel® previamente autoclavado a 120 °C por 20 minutos. Os tubos de ensaio devidamente identificados foram distribuídos ao acaso em sala de crescimento com condições de incubação de 27 ± 1 °C, fotoperíodo de 16 horas e densidade de fluxo de fótons de 40 μmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>. Aos 45 dias, avaliou-se: o número total de gemas, porcentagem de gemas contaminadas (%), porcentagem de gemas oxidadas (%) e a porcentagem de gemas sobreviventes (%). Foram realizados três subcultivos sucessivos, em intervalo de 45 dias, avaliando-se o número de brotos por explante. Os resultados mostraram que houve diferença entre os híbridos subcultivados. A cultivar BRS Imperial teve maior número de brotos, tendo 4610 brotos depois do terceiro subcultivo, seguido do acesso Negro 2 com 502 brotos e híbrido torto com 51 brotos, deixando evidente uma forte influência do genótipo. Foi observado um aumento exponencial do número de brotos a cada subcultivo.

**Palavras-chave:** *Ananas*; micropropagação; subcultivos.

**Agradecimentos:** À CNPq, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura.



## OCORRÊNCIA DE TRIPES *Frankliniella brevicaulis* EM HÍBRIDOS DE BANANEIRA ORNAMENTAL

Marcela da Costa Barbosa<sup>1</sup>; Marilene Fancelli<sup>2</sup>; Janay Almeida dos Santos-Serejo<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*E-mail da autora apresentadora: janay.serejo@embrapa.br.

As bananeiras ornamentais podem ser utilizadas para jardinagem, mas também como flor de corte e minifrutos para compor arranjos florais. Assim, a beleza dos frutos e flores é requisito importante para o mercado, e qualquer tipo de dano pode inviabilizar a sua comercialização. Os tripses são insetos muito pequenos que se alimentam de flores e frutos de diversas plantas cultivadas podendo causar crescimento atrofiado, deformação de folhas e cicatrizes nos frutos, levando a redução do rendimento e da qualidade para o mercado. Em bananeira, estes insetos causam puncturas na casca dos frutos que depreciam a sua qualidade. A partir de uma caracterização de acessos do Banco de Germoplasma de Banana da Embrapa Mandioca e Fruticultura foram identificados diversos acessos com potencial ornamental, os quais foram utilizados para geração de híbridos. A maioria dos híbridos de bananeira ornamental gerados são resistentes à Sigatoka amarela e murcha de fusarium, porém, não existe informação quanto à ocorrência e danos causados por tripses nestes híbridos. O presente estudo teve como objetivo avaliar os danos causados por tripses *Frankliniella brevicaulis* em bananeira ornamental. Foram avaliados nove híbridos: F6C2, F7C1, F7C6, F8C6, F13C11, F15C6, RM09, RM33 e RM38. Foram realizadas duas coletas mensais da inflorescência masculina (coração) e de frutos de plantas que haviam emitido cacho há 30 dias ou mais, durante 10 meses, abrangendo as quatro estações do ano. Para coleta dos tripses foram retiradas as brácteas do coração (até a quarta bráctea). Para avaliar os danos nos frutos, um fruto da segunda penca e um fruto da penúltima penca foram analisados mediante a contagem direta das puncturas ásperas e manchas marrons com aréola através de observação em estereomicroscópio Leica. Verificou-se que a ocorrência de tripses nas plantas é influenciada pela época do ano, sendo que a maior probabilidade de ausência de inseto ocorreu entre os meses de junho a setembro, período considerado chuvoso e de temperaturas mais baixas (em média 22°C). A maioria dos insetos coletados (31,4%) foi registrada no híbrido F8C6, que apresenta frutos e coração de coloração roxa, e potencial de uso para flor de corte, paisagismo e plantas envasadas. Os híbridos F6C2, F7C1, F7C16 e F8C6, com potencial de uso para flor de corte, apresentaram o maior índice de dano nos frutos, com puncturas ásperas e manchas marrons com aréola na casca dos frutos. O híbrido F13C11, com frutos verde/roxo e coração vermelho, apresenta baixa incidência de danos por tripses, o que é importante para sua comercialização uma vez que este híbrido é indicado para a produção de minifrutos.

**Palavras-chave:** *Musa* spp., Thripidae; Thysanoptera.



## OTIMIZAÇÃO DAS CONDIÇÕES DE PCR-ISSR PARA AMPLIFICAÇÃO DO DNA DE *Cladosporium cucumerinum*

Izabelle Rodrigues Ferreira Gomes<sup>1\*</sup>; Jarlan Lucas dos Santos Silva<sup>1</sup>, Márcia Michelle de Queiroz Ambrósio<sup>1</sup>; Ioná Santos Araújo Holanda<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido. \*E-mail da autora apresentadora: izabelle.rodriguesferreira@gmail.com

*Cladosporium cucumerinum* é um patógeno importante para as cucurbitáceas de modo que o conhecimento sobre a diversidade genética desse agente fitopatogênico é de suma importância para os futuros programas de melhoramento genético de espécies de importância econômica, bem como para caracterização e avaliação de germoplasma para resistência ao mesmo. O objetivo deste trabalho foi otimizar e estabelecer um protocolo visando elevar a qualidade e quantidade do DNA extraído do fungo *Cladosporium cucumerinum* reproduzidos em meio de cultura BDA (Agar Batata Dextrose). O marcador molecular ISSR (Inter Sequência Simples Repetida) é baseado em PCR e amplifica fragmentos de DNA entre duas regiões idênticas e repetidas de microsstatélites. Esses marcadores são eficientes em sua utilização em relação a outros marcadores de DNA por não requererem conhecimento prévio da sequência do DNA a ser amplificada e por produzirem fragmentos multilocos com alto polimorfismo e com grande reprodutibilidade. O isolado de *Cladosporium cucumerinum* foi repicado em meio BDA, e da colônia pura foi extraído o DNA através do método SDS através do tampão (SDS 2% e 3%; Tris-HCl 100mM pH 8,0; NaCl 500 mM; EDTA 50mM e  $\beta$ -mercaptoetanol 0,6%). O DNA foi quantificado através de eletroforese em gel de agarose a 1%. O primer ISSR utilizado foi o DiGA3'RC, testado nas concentrações 5  $\mu$ M, 7  $\mu$ M e 10 $\mu$ M. O programa de PCR utilizado foi: um ciclo inicial a 94°C por 4 min, para desnaturação de toda a fita dupla de DNA, e 40 ciclos subsequentes com desnaturação a 94°C por 40 segundos; 50°C temperatura de anelamento por 40 segundos; e extensão a 72°C por 1 min, para a síntese da cadeia complementar; e após o término dos ciclos, seguiu-se com a temperatura, a 72°C por 2 min, de extensão final. Os produtos da reação foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 2% corado com brometo de etídio (5 $\mu$ L/100mL), tampão TBE 1X a 120 volts, por 120 minutos. O gel foi visualizado e registrado em fotodocumentador na presença de luz UV. Das três concentrações de primer testadas, verificou-se que a amostra que apresentou melhor padrão de amplificação foi a submetida a uma concentração 7  $\mu$ M do primer, quando comparada as outras concentrações, sendo considerada a mais eficiente. Os resultados apresentados nesse trabalho são importantes para futuros trabalhos moleculares com a espécie fúngica avaliada, já que as condições da PCR são importantes para a realização dos estudos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** marcador molecular, Inter Sequência Simples Repetida, extração de DNA.

**Agradecimentos:** Ao programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido, e a CAPES pela concessão da bolsa para realização desse estudo.





## PRÉ-MELHORAMENTO NO CONTROLE DA ANTRACNOSE EM FEIJÃO-FAVA

João Vitor Morais Sousa<sup>1\*</sup>; Yasmin Borges Diniz<sup>1</sup>; Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Verônica Brito da Silva<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail do autor apresentador: vitor@ufpi.edu.br

Os recursos genéticos detêm a variabilidade genética necessária para evitar perdas econômicas em decorrência de intempéries climáticas, doenças e pragas que se apresentam como desafios para a humanidade. Nas atividades de pré-melhoramento, utiliza-se os recursos genéticos para a identificação de caracteres de interesse em germoplasma exótico ou em populações não submetidas aos processos de melhoramento, e sua posterior incorporação em cultivares. O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa que fornece segurança alimentar e renda complementar aos pequenos produtores. Contudo, o seu cultivo apresenta baixo rendimento, relacionado a vários fatores, dentre os quais, as doenças em campos de produção, sendo a antracnose, a principal. Assim, objetivou-se realizar cruzamentos em feijão-fava, entre acessos resistentes à antracnose com acessos apresentando padrão comercial de sementes, determinando os efeitos da temperatura média e da umidade relativa do ar no percentual de pegamento dos cruzamentos. O experimento foi realizado na Universidade Federal do Piauí (UFPI), na cidade de Teresina - PI, em casa de vegetação com sombreamento de 50%, entre os meses de abril e agosto de 2021. Foram utilizados sete acessos de feijão-fava com resistência à antracnose (UFPI-832, UFPI-1000, UFPI-1001, UFPI-1002, UFPI-1299, UFPI-1266 e UFPI-1246) e três com padrão comercial de sementes (UFPI-251, UFPI-860 e UFPI-862), pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI. Durante o período de cinco meses, realizou-se 614 cruzamentos, identificados com etiqueta e com registro da temperatura e umidade relativa do ar no momento da manipulação. Na análise dos dados, utilizou-se o coeficiente de correlação de Pearson. Foram obtidas 34 vagens provenientes de cruzamentos, correspondendo a 5,53% de pegamento total, sendo que o maior número de vagens ocorreu em maio e a maior porcentagem de pegamento, em junho (11,25%), indicando que temperaturas médias acima de 30 °C são pouco favoráveis ao pegamento dos cruzamentos, sendo a temperatura média de 29,7 °C e a umidade relativa do ar média de 64%, as condições em que se obteve a maior porcentagem de pegamento. Houve correlação entre temperatura e porcentagem de pegamento, o que não foi verificado entre a umidade relativa do ar e porcentagem de pegamento.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; *Colletotrichum*; elementos climáticos.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) e UFPI.



## PRODUÇÃO DE GRÃOS SECOS DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-CAUPI AVALIADOS EM BELA CRUZ, CEARÁ

Francisco Linco de Souza Tomaz<sup>1\*</sup>; Linda Brenna Ribeiro Araújo<sup>2</sup>; Ana Kelly Firmino Silva<sup>2</sup>; Tomil Ricardo Maia de Sousa<sup>2</sup>; Júlio César do Vale Silva<sup>2</sup>; Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA. <sup>2</sup>Universidade Federal do Ceará – UFC. \* E-mail do autor apresentador: lincotomaz@gmail.com.

O feijão caupi-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma das fontes alimentares mais importantes e estratégicas para as regiões tropicais e subtropicais do planeta. Na região Nordeste do Brasil, o estado do Ceará se destaca por apresentar a maior área plantada e a segunda maior produção, porém, uma das menores produtividades. Dentre os principais fatores que limitam a produtividade do feijão-caupi no Ceará, merecem ênfase o emprego de cultivares tradicionais com baixa capacidade produtiva e a adoção de cultivares recomendadas para outra região. Neste sentido, mostra-se relevante a condução de estudos visando selecionar genótipos superiores tanto para uso em programas de melhoramento quanto para o cultivo em locais e/ou regiões específicas. Portanto, objetivou-se com este trabalho, avaliar o desempenho produtivo de 15 genótipos de feijão-caupi quanto à produção de grãos secos, nas condições de Bela Cruz, no Ceará. Utilizou-se o delineamento em blocos completos casualizados com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída por quatro fileiras de 5 m de comprimento, sendo consideradas úteis as duas fileiras centrais. A semeadura foi realizada com três sementes por cova, deixando-se após o desbaste, duas plantas por cova, resultando em uma população de 160 mil plantas ha<sup>-1</sup>. Utilizou-se o sistema de irrigação localizada por gotejamento, aplicando-se uma lâmina de irrigação média de 6,0 mm dia<sup>-1</sup>. As irrigações foram iniciadas após o plantio e suspensas dez dias antes da colheita. Foram avaliadas as seguintes características: número de vagens por planta, número de grãos por vagem, massa de 100 grãos e rendimento de grãos. Os dados obtidos foram submetidos a análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade. As análises foram processadas utilizando o programa computacional Genes. Verificou-se diferença significativa ( $p < 0,01$ ) para todos os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade entre os genótipos. Os genótipos BR 17-Gurguéia, BRS Pajeú, BRS Potengi e Pingo-de-Ouro-1-2 apresentaram maiores médias para rendimento de grãos secos e se destacaram quanto à maioria dos componentes de produção avaliados.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; rendimento de grãos; melhoramento vegetal.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo auxílio financeiro.



## SELEÇÃO DE MARCADORES RAPD POLIMÓRFICOS EM ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI

Willianny Karem de Sousa<sup>1\*</sup>; Talison Eugenio da costa<sup>1</sup>; Rosecleide Maia da Silva<sup>1</sup>; Sabrina Queiroz de Freitas<sup>1</sup>; Abner Reurisson de Medeiros Palhares<sup>1</sup>; Ioná Santos Araújo Holanda<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido. \*E-mail da autora apresentadora: [wkarem.sousa@hotmail.com](mailto:wkarem.sousa@hotmail.com).

O cultivo do feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L) Walp) apresenta grande importância socioeconômica para o Brasil. Em um programa de melhoramento genético, a caracterização genética de acessos do germoplasma é essencial para selecionar genótipos com características agrônômicas de interesse. Nesse contexto, a caracterização genética por marcadores de DNA, tal como os marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) ganha maior confiabilidade por não sofrer influência do ambiente. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi selecionar marcadores RAPD polimórficos para estudo da caracterização molecular de acessos de feijão-caupi provenientes do banco de germoplasma da Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA. O DNA de dois acessos de feijão-caupi foi extraído pelo método CTAB e quantificado através de eletroforese em gel de agarose a 1% a uma voltagem de 100V por 90 minutos. Posteriormente o gel foi visualizado e registrado em fotodocumentador na presença de luz UV. Para o teste de polimorfismo, 25 primers RAPD das séries OPA e OPM foram testados. Cada reação de amplificação contendo um volume final de 13µL foi composto por 1X Taq Buffer MgCl<sub>2</sub> 2, 0,16mM dNTP, 1U/µL Taq DNA Polimerase (Cellco), 0,76µM primer e 30ng de DNA. As reações foram amplificadas em termociclador automático. Os produtos da reação foram aplicados em gel de agarose a 1% e submetidos a eletroforese e registro nas mesmas condições utilizadas para quantificação. O polimorfismo foi analisado como presença ou ausência da banda amplificada entre as duas amostras utilizadas. Dos 25 primers utilizados, 130 bandas foram amplificadas, 41 loci polimórficos e 89 monomórficos. Dos 10 marcadores da série OPM testados, apenas os iniciadores OPM04 (66,7%), OPM05 (57,1%) e OPM07 (62,5%) apresentaram bandas polimórficas. Quando comparados com os 15 marcadores da série OPA testados, houve uma maior eficiência na geração de bandas, resultando em 10 iniciadores com informativo polimórfico OPA01 (66,7%), OPA02 (20%), OPA04 (66,7%), OPA05 (50%) OPA07 (62,5%), OPA11 (16,7%), OPA14 (33,3%), OPA15 (16,7%), OPA16 (25%) e OPA18 (66,7%). Com o resultado do teste de polimorfismo, foram selecionados sete marcadores com melhores resultados o OPM04, OPM05, OPM07, OPA01, OPA04, OPA07 e OPA18, os quais serão utilizados em um número maior de acessos de feijão-caupi para futuros estudos de caracterização molecular da espécie, resultando assim em economia de tempo e recursos em estudos futuros.

**Palavras-chave:** Marcador de DNA; polimorfismo; feijão-caupi.

**Agradecimentos:** UFERSA





## SELEÇÃO DE POPULAÇÕES DE FEIJÃO-FAVA UTILIZANDO ÍNDICES DE SELEÇÃO

Francisca Layanne de Sousa Chaves<sup>1\*</sup>; Jhessica Lanna Rodrigues de Carvalho<sup>1</sup>; Josieli Lima da Silva<sup>1</sup>; Guilherme Alexandre Luz da Costa<sup>2</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Verônica Brito da Silva<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. <sup>2</sup>Escola Superior de Agricultura 'Luiz de Queiroz'-ESALQ/USP. \*E-mail da autora apresentadora: layannedsousa@gmail.com.

Estudos relacionados à cultura do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) ainda são insuficientes no Brasil, principalmente na área de genética e melhoramento. Uma maneira de aumentar a chance de êxito de um programa de melhoramento é através da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica. Com isso, objetivou-se prever os ganhos genéticos por índices de seleção em populações de feijão-fava. Foram avaliadas seis populações F<sub>5</sub> de feijão-fava de porte determinado, de fevereiro a agosto de 2021. Na caracterização morfoagronômica, utilizou-se 11 caracteres, sendo eles altura da planta (ALT), número de vagem por planta (NVP), peso de dez vagens (P10V), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), lócus por vagem (LCV), sementes por vagem (SV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) e espessura da semente (ES). Os parâmetros genéticos foram estimados com base na análise de variância e os ganhos foram preditos com base nos índices de seleção de Smith & Hazel, Mulamba & Mock, Subandi et al., Williams e Elston. Considerando os parâmetros genéticos estimados, verificou-se que as variáveis NVP e ALT apresentaram maior variância genotípica com 645,98 e 135,71, respectivamente, e altos valores de herdabilidade para as variáveis NVP e LCV, correspondentes a 92,55 e 88,48%, respectivamente. O índice de Subandi et al. destacou-se com o maior valor de ganho total 119,25%, seguido do índice de Williams (89,17%) e do índice de Elston (72,00%). No ranqueamento, para o índice de Smith & Hazel, foram selecionadas as populações H25, H5086, H01, H81 e H94, no de Mulamba & Mock foram selecionadas H5086, H25, H81, H01 e H46, no de Subandi et al., H5086 e H25, no de Williams, H5086, H25 e H81 e no índice de Elston as populações H5086, H25, H81 e H01. As estimativas dos parâmetros genéticos obtidos expressam a existência de variabilidade genética e potencial seletivo entre as populações F<sub>5</sub> de feijão-fava. Os índices de Subandi et al. e Williams resultaram em maiores ganhos para as populações estudadas em feijão-fava, nas características consideradas. As populações H5086 e H25 mostraram-se promissoras para serem mantidas no programa de melhoramento de feijão-fava.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; ganhos de seleção; melhoramento em autógamias.

**Agradecimentos:** UFPI/CNPq e ao Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas (RGMP).



## SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA COM PADRÃO COMERCIAL DE SEMENTES

Yasmin Borges Diniz<sup>1\*</sup>; Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Karla Annielle da Silva Bernardo<sup>1</sup>; João Vitor Moraes Soares<sup>1</sup>; Carlos Humberto Aires Matos Filho<sup>1</sup>; Regina Lúcia Ferreira-Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail da autora apresentadora: yasmin12borges2@gmail.com

O feijão-fava apresenta importância econômica e social para o Nordeste brasileiro, pois os pequenos agricultores o utilizam como fonte de subsistência. No entanto, a baixa produtividade da fava é atribuída ao fato de parte da produção ser oriunda do trabalho desses pequenos agricultores que, dentre outros motivos, não utilizam cultivares melhoradas. Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi selecionar progênies F<sub>2</sub> de feijão-fava com hábito de crescimento determinado, precoce e com padrão comercial de semente. O experimento foi realizado em telado, com 34 genótipos (sete genitores e 27 progênies F<sub>2</sub>) de feijão-fava, em delineamento inteiramente casualizado, sendo utilizado o método SSD (single seed descent) de fevereiro a agosto de 2021. A caracterização morfoagronômica foi realizada com base em 30 descritores quantitativos e qualitativos. Para a avaliação dos dados, foi realizado a correlação de Pearson e a análise de componentes principais (ACP), por meio do programa computacional R. As correlações de Pearson apresentaram relações lineares positivas entre os diferentes caracteres quantitativos. Ademais, verificou-se elevada magnitude das relações fenotípicas entre as variáveis: número de dias até a maturação (NDM), número de dias até o aparecimento de vagens (NDAV) e número de dias até a floração (NDF), sendo essas correlações positivas e significativas. Foi observada correlação positiva e significativa entre o comprimento das vagens (CV) com os caracteres comprimento da semente (CS), número de sementes (NS) e largura da vagem (LV), evidenciando que quanto maior o comprimento da vagem, maior o comprimento e o número de sementes e a largura da vagem. As análises de ACP mostraram que os caracteres relacionados com as vagens, sementes e o ciclo da planta foram os que mais contribuíram para a diversidade genética entre os acessos estudados, apresentando assim maiores vetores. A progênie 61 destacou-se por apresentar características desejáveis para os programas de melhoramento genético, como vagens e sementes grandes, além de cor padrão de semente.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; melhoramento genético; correlações de Pearson.

**Agradecimentos:** PIBIC/UFPI.



## SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE FEIJÃO-FAVA RESISTENTES A ANTRACNOSE

Yasmin Borges Diniz<sup>1\*</sup>; Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Karla Annielle da Silva Bernardo<sup>1</sup>;  
Verônica Brito da Silva<sup>1</sup>; Rafael da Costa Almeida<sup>1</sup>; Regina Lúcia Ferreira-Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*E-mail da autora apresentadora: yasmin12borges2@gmail.com

O feijão-fava é uma leguminosa que é consumida em vários estados do Brasil e é utilizada pelos pequenos agricultores como fonte de subsistência. Todavia, devido a ocorrência de pragas e a infecção por diversos tipos de doenças, a produtividade da fava é reduzida e a qualidade dos grãos é afetada. Nessa perspectiva, uma das principais doenças que acomete as plantações de feijão-fava é a antracnose, a qual pode ser causada pelo fungo *Colletotrichum truncatum*. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi selecionar progênies de feijão-fava resistentes a antracnose. O experimento foi conduzido no telado do laboratório de Fitossanidade, CCA, UFPI, com 27 progênies F<sub>2</sub>, em delineamento inteiramente casualizado, sendo a parcela constituída por uma planta, no período de fevereiro a abril de 2021. A inoculação do fungo *C. truncatum* foi feita em cada planta, em igual estágio de desenvolvimento, aos 40 dias de semeadura. Após a inoculação, as plantas foram acondicionadas em um saco plástico no intuito de promover uma câmara úmida por 24 h, gerando assim condições satisfatórias para colonização do fungo. A avaliação dos sintomas foi efetuada com cinco e sete dias após a inoculação, de acordo com uma escala de notas, em que um indica resistência e cinco, susceptibilidade. Para a realização da análise de variância (ANAVA), os dados da severidade foram transformados por  $\sqrt{x+1}$  para obter normalidade dos erros e homogeneidade da variância dos tratamentos, sendo posteriormente agrupadas pelo teste proposto por Scott e Knott ( $p < 0,05$ ). As análises foram realizadas através do programa computacional R. De acordo com os resultados obtidos pelo teste de comparação entre as médias de severidade e reação das progênies de feijão-fava a *C. truncatum*, verificou-se a formação de dois grupos (A e B). Com relação à avaliação feita com cinco e sete dias, das 27 progênies estudadas, 17 pertenceram ao grupo “A”, com severidade variando de 2,30 a 1,91, sendo classificadas como altamente susceptíveis (AS). As outras progênies pertenceram ao grupo “B”, com severidade variando de 1,82 a 1,41, e foram classificadas como sendo moderadamente susceptíveis (MS) e resistentes (R). A partir do agrupamento de Scott-Knott, foram classificadas como sendo resistentes algumas progênies do grupo “B” na avaliação feita com sete dias após à contaminação das plantas, tais como: 12, 39 e 51. Estas progênies, resultantes de genitores resistentes à antracnose, mostraram ter herdado a característica de resistência ao *C. truncatum*. Outras progênies, resultantes de genitores susceptíveis ao fungo, mostraram-se altamente susceptíveis, como: 9, 36 e 15.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; resistência genética; *Colletotrichum truncatum*.

**Agradecimentos:** PIBIC/UFPI.





## SELEÇÃO MASSAL ESTRATIFICADA NA VARIEDADE CRIOLA DOCE DO BOQUEIRÃO

Marcelo Renato Alves de Araújo<sup>1</sup>; Jorge Luís de Sales Farias<sup>1</sup>; José Nildo Tabosa<sup>2\*</sup>; Eric Xavier de Carvalho<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Caprinos e Ovinos. <sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco-IPA. \*E-mail do autor apresentador: nildo.tabosa@ipa.br.

A possível redução da diversidade genética pode representar problemas de perda da segurança alimentar, quando são consideradas as grandes culturas alimentares e de importância social, como o milho. Com vistas à adaptação às mudanças climáticas e às adversidades ambientais naturais é importante variedades que apresentem maior produtividade e maior resistência aos fatores bióticos e abióticos. Em face disso, as variedades tradicionais podem ser utilizadas na qualidade de fontes genéticas no enriquecimento da biodiversidade. Assim, a possível perda desses materiais locais, pode acarretar em ameaça para o suprimento alimentar. Por sua vez, no caso vertente, o melhoramento participativo representa um importante componente do manejo da diversidade genética das plantas de milho, no âmbito do resgate, da avaliação, da caracterização, da seleção e da conservação desses recursos na natureza. O objetivo deste trabalho foi realizar a seleção massal da população de milho crioulo na zona Norte do estado do Ceará. A população denominada Doce do Boqueirão vinha sendo melhorada pelos agricultores da comunidade do Boqueirão com a liderança do agricultor Jose Carlos Ferreira desde 1978. Esta variedade é detentora do caractere “stay green” ou senescência retardada que é associado à resistência a seca e ao aumento da produtividade dos grãos. Dois fatores são responsáveis pela eficiência da seleção massal efetuada na variedade Milho Doce do Boqueirão: a) conhecimento que os agricultores têm de suas populações, b) presença de alta variabilidade genética inerente de uma população crioula. Em 2017 a Embrapa iniciou seleção massal estratificada na área do agricultor, 80 espigas foram selecionadas. Em 2018 estas espigas selecionadas foram plantadas tanto na área experimental do agricultor como na Embrapa Caprinos onde apenas 44 espigas foram selecionadas. Em 2019, as 44 espigas foram avaliadas em teste de progênies na área do agricultor, sendo que apenas 23 progênies que apresentaram produção superior ao Ciclo Original da seleção em pelo menos 10% foram selecionadas.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; variabilidade genética; melhoramento vegetal.



## **SELEÇÃO RECORRENTE ENTRE FAMÍLIAS DE IRMÃOS COMPLETOS DE MILHO PIPOCA NO CARIRI CEARENSE**

Jesus dos Santos Brito<sup>1\*</sup>; Maria das Dores Amaro dos Santos<sup>1</sup>; Cicero Cordeiro Pinheiro<sup>1</sup>;  
Kaline Oliveira da Silva<sup>1</sup>; Moab Elpidio da Silva<sup>1</sup>; Silvério de Paiva Freitas Júnior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Cariri. \*E-mail do autor apresentador: [jesus.santos@aluno.ufca.edu.br](mailto:jesus.santos@aluno.ufca.edu.br)

O milho pipoca tem despertado interesse de melhoristas para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético de cultivares nacionais, adaptadas às diferentes regiões do Brasil. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo estimar o ganho genético no segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em famílias de irmãos completos, por meio de índices de seleção. O segundo ciclo começou com a obtenção de 210 famílias de irmãos completos da população de polinização aberta “Iva”, através de cruzamentos manuais, realizado no ano de 2017. As progênies foram avaliadas nos anos agrícolas de 2018 e 2019, no campo experimental da Universidade Federal Cariri, Campus Crato-CE, com delineamento em blocos casualizados com duas repetições dentro de ‘sets’. Para fins de avaliação, foi aferida a altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), número de espigas (NE), rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE) e volume de pipoca (VP). Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F e estimado os parâmetros genéticos e fenotípicos. As predições dos ganhos por seleção foram obtidas pelos índices de Mulamba e Mock e de Smith e Hazel. Avaliando o índice de seleção de Smith e Hazel não foi possível prever ganhos simultâneos para CE. Por sua vez, o índice de seleção de Mulamba e Mock, com o peso econômico PA (peso arbitrário por tentativa), proporcionou o maior ganho simultâneo para capacidade de expansão (9,88 %) e para RG (13,64 %). Sendo assim, com base neste peso, foram selecionados 40 genótipos superiores para recombinação e são esperados os ganhos citados acima no segundo ciclo de seleção da população de milho-pipoca “Iva”.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; índice de seleção; ganhos genéticos;

**Agradecimentos:** Universidade Federal do Cariri, CNPq e Funcap.



## SOBREVIVÊNCIA DE ENXERTOS DE ARAUCÁRIA EM VIVEIRO COM MATERIAIS GENÉTICOS DE QUATRO ESTADOS

Paulo Alfonso Floss<sup>1\*</sup>; Ivar Wendling<sup>2</sup>; Cristiano Nunes Nesi<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Empresa de Pesquisa e Extensão Rural de Santa Catarina – Centro de Pesquisa para Agricultura Familiar/Epagri/Cepaf. <sup>2</sup>Embrapa Florestas. \*E-mail do autor apresentador: pfloss@epagri.sc.gov.br

A *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze é uma espécie de grande importância socioeconômica e ambiental, especialmente na região Sul do Brasil. Nos últimos anos ganhou importância a clonagem da espécie com objetivo principal para produzir pinhões e viabilizar programas de melhoramento e conservação da espécie. Com a enxertia é possível reduzir de forma significativa o início da floração e com isso antecipação na produção de pinhões. O objetivo do trabalho foi avaliar a sobrevivência de enxertos por borbulhia de placa em viveiro, por meio de diferentes clones provenientes de quatro estados do Brasil: Minas Gerais, São Paulo, Paraná e Santa Catarina. O trabalho foi desenvolvido em estufa com cobertura plástica no viveiro do Centro de Pesquisa para Agricultura Familiar/Epagri/Cepaf/Chapecó, SC. Os porta-enxertos da araucária foram feitos por propagação seminal, produzidos em sacolas plásticas com aproximadamente cinco litros de volume, com substrato comercial florestal. No momento da enxertia, os porta-enxertos de aproximadamente 20 meses de idade, tinham alturas entre 0,8 m e 1,2 m e diâmetros no local da enxertia entre 8 mm e 15 mm. O material genético para a realização das enxertias foi coletado no jardim clonal da Embrapa Florestas, Colombo, PR, e acondicionado em caixas térmicas com gelo para o transporte. Para a realização dos enxertos foram utilizadas borbulhas de seis materiais genéticos do estado de Santa Catarina, sete do Paraná e três de cada estado de São Paulo e Minas Gerais. O método utilizado na enxertia foi o de borbulhia de placa. A avaliação da sobrevivência da enxertia foi realizada 180 dias após a sua realização, sendo contadas as plantas pegadas de cada material genético. Para avaliar a diferença de pegamento dos enxertos entre os Estados, os dados de proporção foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott. A sobrevivência dos enxertos provenientes das borbulhas dos estados do Paraná, Minas Gerais e São Paulo, que apresentaram percentual de sucesso de 94,4%, 93,0% e 86,0%, respectivamente, diferiram das de Santa Catarina que apresentou 71,0%. Conclui-se que a procedência dos materiais genéticos pode interferir no sucesso da enxertia por borbulhia de placa da araucária.

**Palavras-chave:** *Araucaria angustifolia*; clonagem; enxertia.





## TEORES DE PIGMENTOS FOLIARES EM LINHAGENS DE FEIJÃO CAUPI CULTIVADAS EM FEIRA DE SANTANA, BAHIA

Alismário Leite da Silva<sup>1</sup>; Josandra Souza Teles Fonseca Teles<sup>1\*</sup>; Romeu da Silva Leite<sup>1</sup>; Marilza Neves do Nascimento<sup>1</sup>; Ianna Kamyla Freitas Lima<sup>1</sup>; Viviane de Jesus Carneiro<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. \*E-mail da autora apresentadora: josandrates@hotmai.com.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp), conhecido por feijão-macassar ou feijão-de-corda, é uma das alternativas de fonte de renda e alimento básico para muitos produtores da Região Nordeste do Brasil, sendo consumido na forma de grãos maduros ou verdes. Apresentando adaptabilidade às condições adversas em regiões áridas, torna-se necessário avaliar linhagens de caupi com maior potencial para o Nordeste, atribuindo as avaliações não somente as características produtivas, mas também ligadas a fisiologia vegetal das plantas, como o índice de clorofila, de forma a assegurar seu cultivo na região. Dessa forma, este trabalho teve como objetivo avaliar o índice de clorofila de 20 linhagens de feijão-caupi de porte ereto cultivadas em condições de sequeiro, no município de Feira de Santana – Bahia. O experimento foi instalado no Horto Florestal da Universidade Estadual de Feira de Santana, Bahia. Foram avaliadas 20 linhagens de feijão-caupi do tipo ereto, em um ciclo de produção. O delineamento experimental foi em blocos casualizados, com 20 tratamentos e quatro repetições. A parcela foi representada por quatro fileiras de 5,0 m, com espaçamento entre plantas de 0,25 m. As sementes foram obtidas através da EMBRAPA Meio Norte. Aos 70 dias aferiu-se o índice de clorofila a (CLA), b (CLB), a relação entre a CLA e CLB (a/b) e total, utilizando o medidor portátil de clorofila Falker modelo-CFL1030. Os dados foram submetidos à análise de variância e o agrupamento das médias pelo teste Scott-Knott a 5% utilizando o programa Sisvar® 5.3. A análise de variância demonstrou ampla variação em relação aos caracteres avaliados, verificando-se diferenças significativas para os índices de clorofila B e na relação entre clorofila a/b entre as linhagens e cultivares trabalhadas. Para a CLB, a cultivar BRS Itaim apresentou a maior média entre as linhagens trabalhadas com valor 26,357 e a menor média obtida na linhagem MNC04-792F-144 (14,317). O aumento da clorofila B é um importante mecanismo de adaptação à condição de menor intensidade luminosa, pois capta energia de outros comprimentos de onda transferindo-a para a clorofila A, que efetivamente atua na fotossíntese. Para a relação a/b, as linhagens MNC04-782F-104 e MNC04-792F-144 apresentaram valores significativamente superior quando comparado às plantas das cultivares. As linhagens de caupi demonstraram alterações na quantidade de pigmentos foliares nas condições de Feira de Santana, destacando-se como potencialmente adaptadas para o cultivo na região as linhagens MNC04-782F-104 e MNC04-792F-144.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; clorofila; melhoramento genético.



## TRIAGEM DE INICIADORES RAPD POLIMÓRFICOS PARA ENSAIO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO FITOPATÓGENO *Rhizoctonia solani* EM MELOEIRO

Rosecleide Maia da Silva<sup>1</sup>; Willianny Karem de Sousa<sup>1\*</sup>; Jorge Alves da Silva Neto<sup>1</sup>; Jarlan Lucas dos Santos Silva<sup>1</sup>; Márcia Michelle de Queiroz Ambrósio<sup>1</sup>; Ioná Santos Araújo Holanda<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido. \*E-mail da autora apresentadora: [wkarem.sousa@hotmail.com](mailto:wkarem.sousa@hotmail.com).

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma cultura que evidencia o Nordeste brasileiro como principal polo produtor do país, caracterizando-se como cultivo de importância econômica e agrônômica nacional. Ao longo do seu cultivo, a espécie é vulnerável a doenças fúngicas que reduzem seu potencial produtivo e o fitopatógeno *Rhizoctonia solani*, se mostra como um agente causador de perdas e prejuízos ao meloeiro. O objetivo desse trabalho foi identificar marcadores de DNA Polimórficos Amplificado ao Acaso (RAPD) que possam contribuir com ensaios futuros de variabilidade genética desse organismo para auxiliar na avaliação do germoplasma conservado, bem como no melhoramento do meloeiro para resistência ao fitopatógeno. O material genômico fúngico foi extraído seguindo o protocolo Dodecil Sulfato de Sódio com modificações, sendo adicionados 700  $\mu$ L de tampão de extração (10% SDS, 100 mM Tris-HCl pH 8,0, NaCl 500 mM, EDTA 50 mM, 0,6%  $\beta$ -mercaptoetanol e q.s. água ultrapura). Posteriormente, 40 iniciadores RAPD foram analisados conforme seu nível de polimorfismo e características de bandas amplificadas. As reações foram realizadas em volumes finais de 25  $\mu$ L contendo 10 ng do DNA; 0,2  $\mu$ M do primer; 2 mM de dNTP; solução tampão de Buffer 1x (50 mM de KCl; 200 mM de Tris-HCl, pH 8,4); 1,5 mM de MgCl<sub>2</sub>; 1 U de Taq DNA polimerase. A Reação Polimerase em Cadeia (PCR) foi produzida com etapa inicial de desnaturação a 94 °C por quatro minutos, seguida de 35 ciclos a 94 °C por 40 segundos, com temperatura de anelamento de cada iniciador por 40 segundos e 72 °C por um minuto, com etapa final de extensão a 72 °C por cinco minutos. Os produtos de PCR foram submetidos a eletroforese em gel de agarose a 1,5%, corados com brometo de etídeo e fotodocumentados. Como resultados, constatou-se que 27 iniciadores não amplificaram ou obtiveram baixos níveis de ampliações e/ou não reprodutíveis, sendo escolhidos apenas 13 iniciadores. No total 44 bandas foram amplificadas, com média de 3,38 bandas por iniciador, onde 11 foram polimórficas, gerando 25% de polimorfismo. Dos 13 iniciadores analisados, seis apresentaram 100% de polimorfismo. O iniciador menos eficiente foi o OPD-13 (com 1 banda de DNA). Dois iniciadores apresentaram maior quantidade de bandas amplificadas, o OPD-08 (com seis bandas de DNA) e OPM-01 (com sete bandas de DNA) sendo o iniciador OPM-01 mais informativo. A constatação da taxa de polimorfismo observada pode ser justificada pela presença de variação genética entre os isolados de *R. solani*. Os dados alcançados com esse estudo são importantes pois serão úteis em futuros estudos da espécie.

**Palavras-chave:** Marcador de DNA; polimorfismo; diversidade.

**Agradecimentos:** CAPES.



## VARIABILIDADE EM POPULAÇÃO BASE DE FEIJÃO-CAUPI

Leslyene Maria de Freitas<sup>1</sup>; Angela Maria dos Santos Pessoa<sup>1</sup>; Emanuel Magalhães da Costa<sup>1</sup>;  
Érika Beatriz de Lima Castro<sup>1</sup>; Ana Kelly Firmino da Silva<sup>1</sup>; Cândida Hermínia Campos de Magalhães<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Ceará. \*E-mail da autora apresentadora: freitaslesly61@gmail.com.

O feijão-caupi é uma das principais leguminosas tropicais de grãos, com excelentes propriedades nutricionais e nutracêuticas. Pesquisas de melhoramento genético dessa espécie têm início com hibridações controladas para obtenção de variabilidade genética em população base e posterior seleção dos melhores indivíduos. Objetivou-se com esse trabalho caracterizar progênies de uma população base de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) para caracteres biométricos de sementes. Os tratamentos foram constituídos de 400 progênies, de uma geração F2 de feijão-caupi, pertencentes ao Banco de Germoplasma Ativo de Caupi da Universidade Federal do Ceará, provenientes da autofecundação de F1 e obtida do cruzamento entre os genitores CE:999 x BRS Juruá. Foram avaliados os seguintes caracteres biométricos das sementes: comprimento, largura e espessura. Para o cálculo das variâncias residuais, utilizaram-se duas testemunhas adicionais, os genitores. O experimento foi analisado em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições de 25 sementes. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade. O caractere comprimento das sementes (0,73 – 1.12 cm) apresentou maior variabilidade entre as sementes avaliadas, formando 34 classes, seguido da largura das sementes (0.51 – 0.86 cm), com 27 e espessura das sementes (0.41 – 0.64 cm), com 20 classes. A detecção da variabilidade existente dentro da família, permite a seleção de progênies com sementes grandes. É possível praticar seleção dentro desta família, para dar continuidade ao Programa de Melhoramento de feijão-caupi para caracteres de sementes, em vista da ampla variabilidade encontrada.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; diversidade genética; melhoramento.

**Agradecimentos:** CNPq e FUNCAP