

**Anais do XXI Simpósio
Internacional de
Atualização em Genética
e Melhoramento de
Plantas**

• ANAIS •

ISBN 978-85-5722-045-4

1º edição

Even3

Lavras/MG 2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

AN532 Anais do XXI Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas. Anais...Lavras(MG) UFLA, 2018

Disponível em <www.even3.com.br/anais/GEN>

ISBN: 978-85-5722-045-4

1. Agricultura e tecnologias relacionadas 2. Biologia, ciências da vida

UFLA

CDD - 370

CORPO EDITORAL

COMISSÃO ORGANIZADORA E CIENTÍFICA

CLÁUDIO CARLOS FERNANDES FILHO

FLÁVIA MARIA AVELAR GONÇALVES

FLAVIANE DE OLIVEIRA RIBEIRO

FRANCIELLY DE CÁSSIA PEREIRA

GABRIEL MENDES VILLELA

GUILHERME DE JONG

JESSICA GENTIL LIMA

JOÃO PEDRO GOMES PAGAN

LAÍS ANDRADE PEREIRA

LUIZ ANTONIO YANES BERNARDO JÚNIOR

MÁRIO HENRIQUE MURAD LEITE ANDRADE

RAFAEL RAVANELI CHAGAS

RESUMO SIMPLES

GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

A NEW PVR GENE CONFERRING RESISTANCE TO PEPPER YELLOW MOSAIC VIRUS IN CAPSICUM ANNUUM L	1
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MELÃO PELE DE SAPO	2
ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO VISANDO A PRODUÇÃO DE BIOETANOL	3
ADAPTABILIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ NO ESTADO DE MINAS GERAIS POR CLUSTERIZAÇÃO FUZZY	4
ADAPTABILITY AND STABILITY OF APOMICTIC AND SEXUAL PARENTS IN PANICUM MAXIMUM FOR DIFFERENT SOIL FERTILITY LEVELS	5
AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE COFFEA ARABICA PELOS MÉTODOS DE TOCHER E UPGMA	6
ANÁLISE DE TRILHA COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO PARA QUALIDADE CULINÁRIA DOS GRÃOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS.	7
ANÁLISE DE TRILHA EM GENÓTIPOS DE MILHO	9
ANÁLISE DE UMA REGIÃO GENÔMICA DE CANA DE AÇÚCAR SINTÊNICA A UM QTL DE BRIX EM SORGO	10
ANÁLISE DIALÉLICA DE CLONES DE BATATA VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE	11
ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS EM SORGO BIOMASSA	12
AVALIAÇÃO DA IMPORTÂNCIA DE VARIÁVEIS NOS GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO NO ESTADO DE MINAS GERAIS	13
AVALIAÇÃO DO VIGOR DE PLÂNTULAS NA IDENTIFICAÇÃO DE INDIVÍDUOS HAPLOIDES EM MILHO	14
AVALIAÇÃO PRECOCE DA REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO AO MOFO BRANCO VIA SEEDLING TEST	15
CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM FRUTOS DE PIMENTEIRAS ORNAMENTAIS (CAPSICUM ANNUUM)	16
COMPONENTES PRINCIPAIS RETIDOS NO MODELO AMMI E	17

HABILIDADE PREDITIVA EM ENSAIOS MULTIAMBIENTES EM ARROZ DE TERRAS ALTAS	
CORRELAÇÃO ENTRE COMPONENTES DA PRODUÇÃO NA SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO	18
CORRELAÇÃO ENTRE ÍNDICES DE RENDIMENTO EM TONELADAS DE BRIX POR HECTARE EM SORGO SACARINO (SORGHUM BICOLOR [L.] MOENCH)	19
DESEMPENHO AGRONÔMICO E TECNOLÓGICO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO	20
DESEMPENHO DE PROGÊNIES S2 E S3 OBTIDAS DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO.	21
DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS UTILIZADOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE MACIEIRA NO BRASIL	22
DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS ELITES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS EM ANOS SUCESSIVOS DE AVALIAÇÃO	23
EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS SOBRE O RENDIMENTO DE ETANOL EM PROGÊNIES DE SORGO SACARINO	25
EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA VIA ANÁLISE MULTIVARIADA	26
ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE PIPTADENIA GONOACANTHA (J. F. MACBR.).	27
HORMÔNIO DE ENRAIZAMENTO NA PRODUÇÃO DE MUDAS CLONAIS DE COFFEA ARABICA L. PELO MÉTODO DE MINIESTAQUIA	28
IDENTIDADE ENTRE PRIMERS RAPD E SEQUÊNCIAS PARA O PEPTÍDEO SINAL DE CDSS DE LRR PUTATIVAS DO FEIJÃO (PHASEOLUS VULGARIS)	29
INFLUÊNCIA DE CARACTERES AGRONÔMICOS NA PRODUÇÃO DE MASSA SECA FOLIAR EM HÍBRIDOS DE BRACHIARIA SPP.	30
INFORMAÇÃO DE PARENTESCO NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE BATATA PARA O PROCESSAMENTO NA FORMA DE CHIPS	31
INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES NA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE FEIJÃO CARIOCA	32
MODELAGEM DO COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO EM DIFERENTES ÉPOCAS DE COLHEITA	33
NÃO-PREFERÊNCIA DE HELICOVERPA ARMIGERA POR GENÓTIPOS DE TOMATEIRO OBTIDOS DO CRUZAMENTO DO	35

TOMATEIRO COM SOLANUM GALAPAGENSE	
PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS DE CARACTERÍSTICAS ANATÔMICAS DO LIMBO FOLIAR DE PROGÊNIES CAFEEIRAS	36
PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS COM DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO NA POPULAÇÃO DE MILHO UFVM200	37
PREDIÇÃO DO DESEMPENHO DE HÍBRIDOS NÃO REALIZADOS	38
REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A PODOSPHERA XANTHII	39
REDE DE SIMILARIDADE PARA INFERÊNCIA SOBRE O PADRÃO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE	40
RESISTÊNCIA A HELICOVERPA ARMIGERA EM GENÓTIPOS F2RC1 DE TOMATEIRO OBTIDOS DO CRUZAMENTO DE SOLANUM LICOPERSYCU M COM SOLANUM HABROCHAITES	41
RESISTÊNCIA À OÍDIO EM HÍBRIDOS DE ABOBRINHA	42
SCREENING FOR WHITE MOLD RESISTANCE IN COMMON BEAN USING PATHOGEN PROGRESSION RATE	43
SELEÇÃO CLONAL PRECOCE DE HÍBRIDOS DE EUCALYPTUS SPP. COM BASE NA PRODUTIVIDADE DE MADEIRA	44
SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA COM APTIDÃO PARA MESA	45
SELEÇÃO DE CLONES VERMELHOS DE BATATAS COM ELEVADO TEOR DE MATÉRIA SECA PARA MERCADO DE PRÉ-FRITAS CONGELADAS	46
SELEÇÃO DE COFFEA CANEPHORA PARA TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA HÍDRICA COM BASE NO STATUS HÍDRICO E NA EFICIÊNCIA FOTOSSINTÉTICA	47
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PARA RESISTÊNCIA E TOLERÂNCIA AOS PRINCIPAIS FUNGOS CAUSADORES DE DOENÇAS: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA	48
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS F2 DE TOMATEIRO RESISTENTES A RALSTONIA SOLANACEARUM	49
SELECTION OF SUGARCANE CLONES BY REML/BLUP	50
VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE CLONES DE CAFÉ CONILON CULTIVADO EM SISTEMA ORGÂNICO	51
VARIABILIDADE GENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO PARA CARACTERES RELACIONADOS A EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO	52
VARIABILIDADE PARA O MÁXIMO ACUMULO DE MATÉRIA SECA	53

DOS GRÃOS DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA.	
VARIÂNCIA RESIDUAL HETEROGÊNEA NA ANÁLISE DE DADOS LONGITUDINAIS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE UROCHLOA RUZIZIENSIS	55
VIGOR VEGETATIVO DE PROGÊNIES BIG COFFEE VL.	56

CITOGENÉTICA

ANORMALIDADE MEIÓTICA EM HÍBRIDO DE BRACHIARIA DECUMBENS RESISTENTE À DEGRANA NATURAL	57
COMPOSIÇÃO GENÔMICA E RECOMBINAÇÃO CROMOSSÔMICA EM HÍBRIDO FESTULOLIUM (FESTUCA ARUNDINACEA X LOLIUM MULTIFLORUM)	58
DISTRIBUIÇÃO DE SEQUÊNCIAS DE DNAR 5S EM PENNISETUM NERVOSUM	60
ESTIMATIVA DA QUANTIDADE DE DNA EM DIFERENTES COPAS DE TANGERINEIRA POR MEIO DE CITOMETRIA DE FLUXO	61
ESTIMATIVA DO CONTEÚDO DE DNA NUCLEAR E COMPRIMENTO TOTAL DO LOTE HAPLOIDE EM CYNODON DACTYLON (L.) PERS. (POACEAE)	62
IDENTIFICAÇÃO DE NUCLÉOLOS E SÍTIOS DE RDNA 45S EM NÚCLEOS INTERFÁSICOS DE HÍBRIDO DE UROCHLOA.	63
STATUS DA METILAÇÃO DO DNA NOS SÍTIOS DE RDNA 45S EM NÚCLEOS INTERFÁSICOS E CROMOSSOMOS METAFÁSICOS DE LOLIUM PERENNE L.	64
VARIAÇÃO INTRAESPECÍFICA E EFEITO AMBIENTAL EM IMUNOMARCAÇÃO EPIGENÉTICA EM PENNISETUM NERVOSUM (NEES) TRIN. (POACEAE)	65

GENÉTICA DE FITOPATÓGENOS

AVALIAÇÃO DA AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS DE PSEUDOCERCOSPORA GRISEOLA EM DIFERENTES LINHAGENS DE FEIJOEIRO.	66
RESISTÊNCIA À PINTA PRETA DE GENÓTIPOS DE BATATA COM PERIDERME VERMELHA	67

RECURSOS GENÉTICOS

RESISTÊNCIA DE ACESSOS SILVESTRES À MOSCA BRANCA E
TRAÇA-DO-TOMATEIRO

68

A new pvr gene conferring resistance to *Pepper yellow mosaic virus* in *Capsicum annuum* L

Jéssica Figueiredo Rezende¹; Monik Evelin Leite²; Douglas Willian Nogueira³; Danilo Gustavo Nogueira⁴; Wilson Roberto Maluf⁵

¹Universidade Federal de Lavras / UFLA, Departamento de Biologia, Caixa Postal 3037, CEP 37.200-000. Lavras, MG, Brazil. e-mail: jessica.rfigueiredo@gmail.com. To whom correspondence should be addressed.

²Instituto Federal do Ceará / IFCE, Departamento de Biologia, Jaguaribe, CE, Brazil.

³ Universidade Federal de Lavras / UFLA, Departamento de Agricultura, Lavras, MG, Brazil.

⁴ Universidade Federal de Lavras / UFLA, Departamento de Agricultura, Lavras, MG, Brazil.

⁵ Universidade Federal de Lavras / UFLA, Departamento de Agricultura, Lavras, MG, Brazil.

In Brazil, the potyvirus, *Pepper yellow mosaic virus* (PepYMV), has been causing great losses in bell pepper plantations, constraining the yield increase. The most effective method to control it is through genetic resistance. The existence of genetic variability within *Capsicum* spp. has allowed to control efficiently some viral diseases caused by potyvirus complex, through at least one of the *pvr* genes described in literature. Among these described genes, only *Pvr4* and *Pvr7* have dominant monogenic inheritance and are located on the bell pepper chromosome 10 at 2 cM of distance from each other. The *Pvr4* gene is associated with a co-dominant CAPS marker (2.1 ± 0.8 cM). The purpose of this research was to investigate if the resistance found in bell pepper genotypes not bearing *Pvr4* marker is due to allelism of the *Pvr4* gene, or it is a new gene from *pvr* series, indicating the existence of a new resistance gene which has not been described yet. Segregation analyses performed on F2 plants from the cross between Myr-29-10 (resistant to PepYMV and with *Pvr4/Pvr4* band pattern) and PIM-025 (resistant to PepYMV and with *Pvr4⁺/Pvr4⁺* band pattern), have strengthened with great evidence the hypothesis that those resistant genotypes, bearing a susceptible band pattern (*Pvr4⁺/Pvr4⁺*), have a different gene from those described in the literature up to the present time.

Keywords: *Capsicum annuum* L.; PepYMV; resistance gene; molecular marker.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE MELÃO PELE DE SAPO

Edicleide Macedo da Silva¹; Alcileide Vieira Barreto²; Adriano Ferreira Martins²; Anânkia de Oliveira Ricarte²; José Maria da Costa²; Glauber Henrique de Sousa Nunes²

¹Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Departamento de Produção Vegetal, Jaboticabal-SP, Brasil;

²Universidade Federal Rural do Semi-árido, Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Mossoró-RN, Brasil;
edicleide.c.c@hotmail.com

O melão está incluído entre as principais frutas produzidas com destaque em volume e exportação. O Nordeste é responsável por mais de 95% da produção e exportação brasileira. Em decorrência do crescimento do setor produtivo, as empresas têm investido em pesquisas para o desenvolvimento de cultivares de melão do tipo Pele de Sapo. A interação genótipos x ambientes corresponde ao comportamento diferencial dos genótipos nos diferentes ambientes e dificulta o trabalho do melhorista no processo seletivo e na etapa final de avaliação de cultivares. Uma das alternativas para atenuar o efeito da interação genótipos por ambientes é identificar genótipos que possuam ao mesmo tempo adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Assim sendo, o objetivo do presente trabalho foi identificar híbridos de melão Pele de Sapo com adaptabilidade e estabilidade fenotípica elevadas. Foram avaliados dez híbridos experimentais e os híbridos ‘Sancho’ (Syngenta[®]) e ‘Grand Prix’ (Sakata[®]) em ensaios conduzidos no período de setembro a novembro de 2016 em quatro municípios do Agropolo Mossoró-Assu: Mossoró (5° 11' S, 37° 21' W, altitude: 18 m), Baraúna (5° 05' S, 37° 38' W, altitude: 94 m), Assú (5° 34' S, 36° 54' W altitude: 27 m) e Ipanguassu (5° 05' S, 37° 38' W, altitude: 94 m). Os experimentos foram realizados em blocos completos casualizados com três repetições. Foi avaliada a produtividade comercial dos frutos de melão, obtida pela pesagem de todos os frutos comerciais colhidos da parcela. O estudo da adaptabilidade e estabilidade dos valores genotípicos preditos foram realizados pelo procedimento MHPRVG (Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos). Verificou-se interação genótipos x ambientes com predomínio da parte complexa da interação (53%), fato comum em ensaios de avaliação de cultivares de melão no Estado do Rio Grande do Norte, independentemente do tipo de melão. A interação do tipo complexa dificulta o processo seletivo porque o ordenamento dos híbridos não foi o mesmo nos quatro ambientes. O método da média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG), baseado em valores genotípicos preditos via modelo misto foi eficiente na discriminação dos híbridos de melão Pele de Sapo quanto à adaptabilidade e estabilidade. O híbrido experimental HP-09 foi mais promissor para o cultivo no Agropolo Mossoró-Assu por apresentar altas estabilidade, adaptabilidade e elevada produtividade (> 25 t ha⁻¹).

Palavras-chave: *Cucumis melo*; BLUP; MHPRVG; Produtividade.

ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO VISANDO A PRODUÇÃO DE BIOETANOL

Pedro César de Oliveira Ribeiro¹; Gabriel Patrocínio Vasconcelos²; Ruane Alice da Silva¹; Luiz Octávio Santos de Souza²; Rafael Augusto da Costa Parrella³

¹Mestrando em Genética e Melhoramento-Universidade Federal de Viçosa- UFV. Viçosa-MG Brasil pedroc.ribeiro14@gmail.com; ²Graduandos em Engenharia Agrônômica UFSJ-CSL Sete Lagoas-MG Brasil; ³Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas-Mg Brasil

Um dos líderes na produção de etanol mundial, o Brasil, a cada dia vem se preocupando mais com a produção de bioetanol, tendo em vista o abastecimento do mercado interno com o uso do biocombustível como alternativa energética do país. Diante deste exposto, e a busca por energia renovável cada vez mais aquecida o sorgo sacarino [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] apresenta-se como interessante fonte de matéria-prima para produção de bioetanol, tanto do ponto de vista agrônômico, quanto industrial. A escolha de cultivares adequadas é fator de grande importância para a produção de etanol, e o desempenho dos genótipos desenvolvidos são testados e avaliados em ensaios de VCU's (Valor de Cultivo e Uso), uma das principais etapas de avaliação e identificação de híbridos superiores, com o intuito de aumentar a confiança em se recomendar uma cultivar quando esta for lançada ao mercado. O objetivo deste trabalho foi o estudo de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de sorgo sacarino em dois ambientes. Os experimentos foram conduzido, no ano agrícola 2016/2017, nas duas unidades experimentais da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG e Nova Porteirinha-MG, onde foram avaliados 20 híbridos e 5 linhagens de sorgo sacarino. O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso, com 3 repetições e parcelas constituídas por 4 fileiras de 5 metros cada, espaçadas em 0,7 centímetros. As características avaliadas foram produção de massa verde (PMV), teor de sólidos solúveis (SST) e o índice multiplicativo (TBH). Foi realizada análise de variância, e posteriormente realizada um estudo de adaptabilidade e estabilidade através do método de Annichiarico com o auxílio do programa GENES. Os resultados mostraram significância ($P \leq 0,01$) para as fontes de variação genótipos, ambientes e interação GxA e para as três características estudadas. O estudo de adaptabilidade e estabilidade, apresentou uma classificação quanto aos ambientes de Nova Porteirinha como favorável e Sete Lagoas como desfavorável. Através do estudo, os genótipos que apresentaram melhores resultados foram: H13, H17 e N31L5010 para PMV, H1 e H10 e BRS508 para teor de sólidos solúveis e os híbridos H17, H18 e CV198 para TBH. Ressalta-se que uma cultivar ideal de sorgo sacarino deve apresentar média alta e índice Wi superior a 100 para PMV e SST coincidentemente, entretanto neste trabalho não foi identificado genótipo com esta performance. Contudo os híbridos H17, H18 e CV198 se destacaram, pois apresentaram índice acima de 100 e média alta para a variável TBH, sendo esse um índice multiplicativo das duas características avaliadas. Os resultados foram satisfatórios, entretanto recomenda-se a avaliação em mais safras e ambientes.

Palavras chave: *Sorghum bicolor*; VCU; Biocombustível

Agradecimento: Embrapa e Fapemig

ADAPTABILIDADE FENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ NO ESTADO DE MINAS GERAIS POR CLUSTERIZAÇÃO FUZZY

Alexandre Gomes Ferraz¹; Cosme Damião Cruz¹; Plínio César Soares²; António Carlos da Silva Júnior¹; Vinicius Quintão Carneiro¹; Jussara Mencalha³

¹Universidade Federal de Viçosa; ¹Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; ¹Departamento de Biologia Geral; Viçosa – MG;Brasil; ² Pesquisador na EPAMIG/Viçosa; ³Mestre em Fitotecnia/UFV. E-mail: alexandre.g.ferraz@gmail.com

O arroz é uma cultura essencial na alimentação humana. A diminuição de áreas para produção e o crescente consumo de arroz faz com que a demanda por cultivares altamente produtivas e adaptadas a diferentes condições ambientais aumente. No intuito de recomendar cultivares superiores é necessário conhecer o comportamento em diferentes ambientes dos genótipos desenvolvidos pelos programas de melhoramento, atividade esta realizada por meio de ensaios de cultivo e uso. Portanto, nosso objetivo foi avaliar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens de arroz por meio de abordagem *fuzzy*. Foram avaliadas 18 linhagens elite de arroz do programa de melhoramento de arroz da EPAMIG quanto à produtividade de grãos (Kg.ha⁻¹) nas localidades de Lambari, Leopoldina e Nova Porteirinha, nos anos agrícolas 2012/2013, 2013/2014, 2014/2015 e 2015/2016, em um total de 11 ambientes. O delineamento estatístico utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. Os ensaios foram conduzidos em solos de várzeas com irrigação por inundação contínua. Para as análises de variância conjunta dos dados e de adaptabilidade e estabilidade foi utilizado o *software* GENES. A classificação das linhagens quanto a adaptabilidade fenotípica foram similares tanto na clusterização *fuzzy* como pelo método centroide. As linhagens apresentaram a seguinte classificação: 7 adaptadas a ambientes favoráveis, 5 para ambientes pouco adaptados, 4 para ambientes desfavorável e 2 para ambientes de ampla adaptabilidade e estabilidade. Para essa classificação utilizou o maior valor de pertinência, ou probabilidade, da linhagem estar alocada nas quatro classes de adaptabilidade fenotípica. Entretanto, no método de centroide os valores de pertinências são muito próximos, o que dificulta a tomada de decisão pelo fato da proximidade desses valores e saber se essas diferenças são significativas. Utilizando o método *fuzzy c-means*, em 78% dos genótipos, o maior valor de pertinência, que possibilita classificar os genótipos dentro das classes, se diferenciou consideravelmente em relação a outros três possíveis facilitando a análise e a escolha de cada genótipo pelo produtor para determinado ambiente. Portanto, os dois métodos foram similares quanto a classificação das linhagens de arroz avaliadas no Estado de Minas Gerais, porém a abordagem *fuzzy* ao utilizar as pertinências propicia melhor discriminação das linhagens.

Palavras chaves: *fuzzy*; Biometria; melhoramento.

Apoio: Capes, CNPq, FAPEMIG e Universidade Federal de Viçosa

ADAPTABILITY AND STABILITY OF APOMICTIC AND SEXUAL PARENTS IN *Panicum maximum* FOR DIFFERENT SOIL FERTILITY LEVELS

Carlos Henrique Pereira¹; Tiago Gauto Medina²; Marcos Felipe Cassin²; Mateus Figueiredo Santos³; Liana Jank³; José Airton Rodrigues Nunes⁴.

¹Post-Graduation Program in Genetics and Plant Breeding, UFLA, Lavras city, Minas Gerais state, Brazil – email: chpereira88@hotmail.com; ²Graduating in Agronomy, UCDB, MS state/Brazil. ³Researchers in Embrapa Beef Cattle/Campo Grande city, MS state/Brazil.

⁴Departament of Biology, UFLA, Lavras city, Minas Gerais state, Brazil.

Information about adaptability and stability under different environmental conditions are important for the design of breeding strategies aimed for efficient production of hybrids in this specie. The aim was to verify the adaptability and stability based on the genotypic values between sexual and apomictic parents in *P. maximum*, under different levels of soil fertility. The trials was conducted in the year 2017, in the experimental field of Embrapa Beef Cattle. Were evaluated 10 sexual parents (S1 to S10), 10 apomictic parents (A1 to A10) and 4 checks (C1 to C4), under a randomized complete block design with three replicates, on low fertility soil (LFS) and high fertility soil (HFS). The plots were two rows of five plants spaced 0.5m between plants and 1.5m between plots. The plots were cut in the rainy season, with evaluation of the leaf green matter yield (LGMY, kg.ha⁻¹). Estimates were obtained of the relative performances of predicted genotypic values for each parent in order to describe them regarding adaptability and stability. Significant genetic variance was observed between the parents for the LGMY character at both soil fertility levels. The mean of the character was highly influenced by soil fertility (810.32 kg.ha⁻¹ in LFS and 1504.82 kg.ha⁻¹ in HFS). The estimate of the accuracy was 0.80. The genotypes of greater adaptability and stability genotypic were ranked as follows: A1, A3 and A8 for the apomictic parents; S6, S10 and S5 for the sexual parents. When considering only LFS, there was no change in this ranking, whereas for HFS, the best apomictic parents were A1, A8 and A5, respectively. C1, C3 and C4 were the best checks, respectively, at both levels of soil fertility. Therefore, there was no accentuated influence of the interaction between parents x soil fertility to change the ranking of the best parents regarding the LGMY character. The more stable and adapted parents are interesting by the greater possibility of generating superior hybrids that associate favorable performance under different soil fertility.

Keywords: plant breeding; BLUP; fertility; phenotypic plasticity.

Financial support: CNPq; Fundect; Unipasto.

AGRUPAMENTO DE GENÓTIPOS DE *Coffea arabica* PELOS MÉTODOS DE TOCHER E UPGMA

Júlia Rosa Moreira¹; Letícia de Faria Silva²; Antonio Alves Pereira³; Antonio Carlos Baião de Oliveira⁴; Eveline Teixeira Caixeta⁵; Ney Sussumu Sakiyama⁶

¹ Mestre em Genética e Melhoramento pelo curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV/ Viçosa-MG, juliarosa_93@hotmail.com; ² Mestranda do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFV/ Viçosa-MG; ³ Pesquisador na Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, Epamig/ Viçosa-MG; ⁴ Pesquisador na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Café/ Viçosa-MG; ⁵ Pesquisadora na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Café/ Viçosa-MG; ⁶ Professor Titular do Departamento de Fitotecnia, UFV/Viçosa-MG.

Bancos de germoplasma são fundamentais para manutenção, conservação de genótipos e são fontes de genes desejáveis para serem introduzidos em programas de melhoramento genético. A conservação de genótipos de café em Bancos de Germoplasma é feita na forma de plantas vivas em coleções de germoplasma a campo. Das espécies de café, o *Coffea arabica* é uma das mais representadas. A Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig) é um importante instituto de conservação dessa espécie, possui um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Café do Estado de Minas Gerais, localizado na Fazenda Experimental de Patrocínio, no município de Patrocínio, Minas Gerais. O banco conta com variedades antigas e comerciais, além de genótipos que ainda não foram bem caracterizados. Os marcadores moleculares são ferramentas importantes na caracterização desses germoplasmas e para estudos de diversidade genética. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi agrupar por meio dos métodos de agrupamento, Tocher e o método da ligação média entre grupos (UPGMA), genótipos de acessos identificados como Bourbon pelo BAG de café da Epamig, variedades antigas e comerciais de *Coffea arabica* também pertencentes a esse BAG, por meio de marcadores moleculares SSR. Dos materiais genéticos utilizados quatro são acessos identificados como Bourbon pelo BAG da Epamig, totalizando 53 genótipos, e também foram utilizados 119 genótipos de variedades antigas e comerciais, nos quais são 8 de Típica, 47 Bourbon, 11 Sumatra, 11 Mundo Novo, 16 Catuaí, 10 Amarelo de Botucatu e 16 Caturra. O processo de extração de DNA foi realizado de acordo com Diniz et al. (2005). As distâncias genéticas entre os pares de indivíduos foram estimadas por meio de marcadores moleculares SSR, os *primers* utilizados foram selecionados previamente por apresentarem polimorfismo. A formação dos grupos foi realizada por dois métodos diferentes, UPGMA e Tocher, em ambos foram utilizadas a distância euclidiana como medida de dissimilaridade. As análises foram feitas utilizando o *software* Genes. O método UPGMA permitiu a formação de três grupos principais, o primeiro foi constituído por um maior número de genótipos e todas as variedades estiveram presentes, evidenciando a maior diversidade genética. O segundo e terceiro foram grupos com menos genótipos e uma menor diversidade. Pelo método de agrupamento Tocher os 172 genótipos utilizados foram separados em 21 grupos, quatro grupos reuniram a maior parte dos genótipos, indicando diversidade genética dentro deles. Os grupos menores foram mais homogêneos. De maneira geral, esses resultados demonstraram que os métodos de agrupamento utilizados foram capazes de distinguir geneticamente os genótipos avaliados, evidenciando a formação de grupos com maior similaridade.

Palavras-chave: Banco de germoplasma; marcadores moleculares; diversidade genética.

Apoio: Consórcio Pesquisa Café; CNPq; Epamig; INCT/Café; Embrapa Café.

ANÁLISE DE TRILHA COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO PARA QUALIDADE CULINÁRIA DOS GRÃOS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

Camila Soares Cardoso da Silva¹; Flávia Barbosa Silva Botelho²; Yasmin Vasques Berchembrock³; Antônio Rosário Neto⁴; Gabrielle Carvalho Pereira⁵.

¹Mestranda no Programa de Pós Graduação Agronomia/Fitotecnia na Universidade Federal de Lavras; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil; scscamila@hotmail.com

²Professora adjunta na Universidade Federal de Lavras; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

³Doutoranda no Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Lavras; Departamento de Biologia; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

⁴Mestrando no Programa de Pós graduação Agronomia/Fitotecnia na Universidade Federal de Lavras; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

⁵9º módulo de graduação na Universidade Federal de Lavras; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

Atualmente, os programas de melhoramento genético de arroz de terras altas buscam obter cultivares que associem, além de boas produtividades e rendimento de grãos, desempenhos diferenciados nos testes culinários. Dentre os testes empregados para a avaliação da qualidade culinária dos grãos, merece destaque o teste de cocção, que envolve as características índice de absorção, coeficiente de expansão, grau de expansão e tempo de cocção. Assim, a utilização de ferramentas que auxiliem o melhoramento, como a análise de trilha, são imprescindíveis para o sucesso do processo de seleção. Neste sentido, objetivou-se identificar os efeitos diretos e indiretos de caracteres relacionados à qualidade culinária de grãos de arroz de terras altas. Para isso, foram utilizadas 18 linhagens e 2 cultivares testemunhas, pertencentes ao ensaio de VCU (valor de cultivo e uso) do programa de melhoramento genético de arroz de terras altas da UFLA em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e EPAMIG. Os experimentos foram conduzidos na safra 2016/17, em dois ambientes, na área experimental do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras, Lavras (MG), e na fazenda experimental da EPAMIG, localizada no município de Lambari (MG). O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições e parcelas constituídas por cinco linhas de quatro metros. O teste de cocção foi realizado no laboratório de grandes culturas da Universidade Federal de Lavras, utilizando a metodologia proposta por Bassinello (2010). Com os valores mensurados, foram obtidas as correlações fenotípicas entre os caracteres e a análise de trilha, por meio do Programa Genes, tendo como caráter principal o tempo de cocção. Correlações positivas e significativas foram obtidas entre os caracteres tempo de cocção e índice de absorção, e tempo de cocção com coeficiente de expansão. Considerando, a correlação entre grau de expansão e tempo de cocção, estimativas significativas e negativas foram observadas, indicando em princípio, que os genes que determinam o menor tempo de cocção, possivelmente, atuam no sentido de maximizar o grau de expansão dos grãos de arroz. Em relação a análise de trilha, pode-se observar que, o caráter que apresenta maior efeito direto negativo no tempo de cocção é o grau de expansão, podendo dessa forma, esse caráter, ser empregado pelo melhorista na seleção de genótipos com tempo de cocção desejável no mercado consumidor. Pois, maior grau de expansão, de acordo

com as estimativas obtidas, propiciará menor tempo de cocção, fato desejável no mercado consumidor.

Palavras chaves: Correlação genética; Melhoramento de plantas; *Oryza sativa*.

ANÁLISE DE TRILHA EM GENÓTIPOS DE MILHO

Sophia Mangussi Franchi Dutra¹; Gustavo Vitti Môro²

¹Doutoranda: UNESP; FCAV; Produção Vegetal; Jaboticabal; São Paulo; Brasil; sophiamfd@gmail.com.

²Professor Assistente Doutor: UNESP; FCAV; Produção Vegetal; Jaboticabal; São Paulo; Brasil.

No melhoramento genético de plantas, o conhecimento das correlações entre caracteres possibilita alternativas para potencializar o ganho previsto com a seleção de vários caracteres simultaneamente, ou impulsionar os ganhos genéticos de um caráter. A análise de trilha consiste em estudar os efeitos diretos e indiretos de variáveis independentes sobre uma variável principal. As correlações de causa e efeito com a produtividade de grãos, especialmente na cultura do milho, são importantes para definir características de seleção, e a relação entre elas permite definir quais características podem alterar a produtividade. O objetivo com a pesquisa foi correlacionar variáveis agronômicas com a produtividade de grãos, utilizando análise de trilha. Foram avaliados 230 genótipos de milho, sendo 229 híbridos topcrosses e uma testemunha comercial (DKB 390 VTPRO2). Os genótipos foram avaliados em duas safras (primeira safra 2015/2016 e primeira safra 2016/2017) no município de Jaboticabal/SP. O delineamento experimental foi blocos ao acaso com duas repetições. As variáveis agronômicas avaliadas foram: altura de planta (AP), posição relativa da espiga (PRE), acamamento (AC), quebramento (QUE), prolificidade (PRO) e produtividade de grãos (PG). Foi realizada análise de trilha de uma cadeia a partir do programa computacional GENES. Observando os coeficientes de correlação entre as variáveis explicativas (AP, PRE, AC, QUE e PRO) e a variável principal (PG), é possível verificar que as correlações foram classificadas como baixas. Verifica-se que a correlação da variável PG foi positiva apenas com a variável explicativa AP, sendo negativa com as demais variáveis. As variáveis AP, PRE e AC apresentaram correlação positiva com a variável principal (0,17, 0,09 e 0,01, respectivamente), indicando que as variáveis apresentam baixa relação de causa e efeito com a PG. As variáveis QUE e PRO apresentaram baixa correlação negativa (-0,17 e -0,03, respectivamente) com a variável principal. O coeficiente de determinação (R^2) é baixo (0,04), indicando estimativas de baixa precisão, sendo mais eficiente fazer seleção através das próprias variáveis (seleção direta), ao invés da indireta. Devido aos baixos valores observados, não existe correlação entre os parâmetros avaliados para a condição e genótipos estudados.

Palavras-chave: melhoramento; correlação; *Zea mays*.

ANÁLISE DE UMA REGIÃO GENÔMICA DE CANA DE AÇÚCAR SINTÊNICA A UM QTL DE BRIX EM SORGO

Luís Paulo dos Santos¹; Carla Cristina da Silva¹; Danilo Augusto Sforça¹; Cláudio Benício Cardoso da Silva¹; Anete Pereira de Souza¹

¹ Universidade Estadual de Campinas – UNICAMP; Instituto de Biologia – IB; Laboratório de Análise Genética e Molecular – LAGM; Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética – CBMEG; Campinas; São Paulo; Brasil; Autor para correspondência: lpaullo.ds@gmail.com

A cana de açúcar é uma planta alógama com baixo índice de auto-fecundação, pertencente à família Poaceae e suas principais espécies são *Saccharum officinarum* (2n=80) e *Saccharum spontaneum* (2n=40-128). Os cultivares modernos são híbridos interespecíficos entre essas duas espécies e possui genoma estimado em 10 GB com variação no nível de ploidia entre locos de diferentes variedades, sendo considerada uma espécie de alta complexidade genética. A sintenia cana-sorgo é ótima ferramenta para obter informações genéticas de cana de açúcar. Assim, utilizar QTLs de interesse já mapeados em sorgo revela-se uma boa estratégia para investigar aspectos genéticos e genômicos em cana de açúcar. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi estudar a conservação genética de uma região genômica em cana de açúcar utilizando a sintenia para um QTL para Brix mapeado em *Sorghum bicolor*. Foi escolhido uma porção de 500Kb de um QTL para Brix encontrado no cromossomo II de sorgo (61.500 a 62.000Kb) que contém 57 genes. Desses, 27 genes apresentaram os CDS similares com os transcritos em cana de açúcar e foi possível desenvolver um par de *primers* para cada gene. Os CDS utilizados foram submetidos a um BLASTn contra o genoma de sorgo, para verificar possíveis duplicações e/ou evitar o desenho em domínios comuns de proteínas. Os pares de *primers* foram testados em DNA genômico da variedade IACSP93-3046 e resultaram em perfis de amplificação com um único amplificado. A biblioteca de BACs da variedade IACSP93-3046, constituída por 165.888 clones foi utilizada neste estudo. Uma plataforma *Pool 3D*, contendo 101.376 clones desta biblioteca, foi utilizada para o *screening* dos 20 genes por qPCR. Trinta e sete clones foram positivos para os genes e desse total, 23 serão sequenciados na plataforma PacBio® RS (*Pacific Biosciences*), o que representa, pelo menos, seis BACs para cada gene. A ordem dos genes nos clones positivos apresenta colinearidade com os genes da região genômica do QTL de Brix em *S. bicolor*. No entanto, os genes Sobic.002G225500 e Sobic.002G224200 não foram encontrados no mesmo grupo de BACs que cobrem a região. Esses resultados sugerem que estes genes foram transferidos para outra região cromossômica, uma vez que foram amplificados no DNA genômico de cana de açúcar. Somente após o resultado do sequenciamento será possível confirmar essa hipótese e verificar se algum outro gene foi transferido. Enfim, este estudo visa contribuir para o entendimento da estrutura genética e genômica da cultura canavieira e espera-se que futuramente sirva de suporte para seleção assistida por marcadores moleculares.

Palavras-chave: *Saccharum*; BAC; Genoma.

Apoio financeiro: CAPES, FAPESP, CNPq

ANÁLISE DIALÉLICA DE CLONES DE BATATA VISANDO ALTA PRODUTIVIDADE

Maiara Oliveira Fernandes¹, Claudio Carlos Fernandes Filho¹, Luana de Cássia Simões¹, Abel Jamir Ribeiro Bastos¹, Rafaela Pereira Carvalho¹ e César Augusto Brasil Pereira Pinto¹.

¹ Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil.

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é uma importante fonte de alimento no mundo todo, porém no Brasil a produtividade da cultura é baixa devido a fatores como elevada pressão de pragas e patógenos e utilização de cultivares não adaptadas às condições climáticas tropicais e subtropicais. O trabalho teve como objetivo a análise um dialelo para obtenção das capacidades gerais e específicas de combinação dos clones visando maiores produtividades, além da identificação de famílias e seleção de clones promissores. Foram cruzados seis genitores do Programa de Melhoramento de Batata (PROBATATA) da Universidade Federal de Lavras (UFLA) – ESL58, PRM348, CBM 22-19, CBM 09-10, RSV 06-37 e GSI 01-17, e obteve-se um dialelo completo com 15 famílias. Os clones obtidos de cada família foram multiplicados em campo. Na safra de inverno - Maio a Setembro - de 2017 foi instalado um experimento na fazenda experimental da UFLA (Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico), no município de Lavras – MG, conduzido em delineamento de blocos aumentados (Federer, 1956) com 5 tratamentos comuns (Ágata, Asterix, Cupido, Camila e CBM 16-16) e 356 tratamentos regulares, distribuídos em 15 blocos. Após a colheita, procedeu-se às avaliações do peso total de tubérculos e peso de tubérculos graúdos. Os dados foram submetidos à análise dialélica para produtividade total e de tubérculos graúdos, de acordo com o modelo 4 proposto por Griffing (1956). Os resultados evidenciaram capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), não significativas.

Palavras-chave: melhoramento vegetal, dialelo, *Solanum tuberosum*.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG.

ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS EM SORGO BIOMASSA

Michael David Batista Luaemar de Oliveira¹; Thiago Tavares Botelho²; Fernanda Maria Rodrigues Castro³; Mayra Luiza Costa Moura⁴; José Airton Rodrigues Nunes⁵; Rafael Augusto da Costa Parrella⁶

¹Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas - UFLA/Lavras – MG/ Brasil. E-mail: michaeluaemar@gmail.com; ²Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas - UFLA/Lavras – MG/ Brasil; ³Doutorando em Fitotecnia – UFLA/Lavras – MG/ Brasil; Graduando em Agronomia – UFLA/Lavras – MG/Brasil; ⁴Professor Adjunto – Departamento de Biologia - UFLA/ Lavras – MG/ Brasil; ⁵Pesquisador - EMBRAPA Milho e Sorgo/ Sete Lagoas - MG/ Brasil.

Diante das questões de produção de energia, o Brasil e vários países do mundo têm atentado para a importância da produção e do uso da biomassa. Neste tocante, grande parte da biomassa vegetal empregada corresponde ao bagaço da cana-de-açúcar. O sorgo biomassa apresenta-se como uma matéria prima promissora devido ao seu alto rendimento energético por hectare, ciclo curto e alta adaptabilidade em diversas regiões. Neste trabalho, o objetivo foi avaliar a associação existente entre a produção de matéria verde e a produção de matéria seca de genótipos de sorgo biomassa em diferentes safras. Foram avaliadas quatro safras, sendo que na safra 2013/2014 foram testados 16 híbridos, na safra 2014/2015 36 híbridos e nas safras 2015/2016 e 2016/2017 25 híbridos, com delineamento experimental em látice quadrado triplo e parcelas de duas linhas com 5 m lineares, espaçadas em 0,6 m entre si. Os experimentos foram conduzidos no Centro de Desenvolvimento Tecnológico em Agropecuária -Muquém, pertencente à Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras-MG. Avaliou-se os caracteres produção de massa verde (t/ha), produção de massa seca (t/ha) e teor de matéria seca (%). Foram estimadas as correlações entre as médias ajustadas de produção de massa verde e produção de massa seca. A correlação entre as médias ajustadas de produção de massa verde e produção de massa seca foi de 0,91. Sendo que nas safras 2014/2015 e 2015/2016 não houve diferença significativa pelo teste F ($P > 0,05$), para o teor de matéria seca entre os genótipos avaliados. Nas safras 2013/2014 e 2016/2017 houve diferença significativa pelo teste F ($P < 0,05$) para o teor de matéria seca entre os genótipos avaliados. O teor de matéria seca é uma variável que esta correlacionada diretamente as condições climáticas no momento da colheita, variando entre os genótipos e anos agrícolas. Por estarem altamente associadas, a produção de massa verde pode ser utilizada como característica para estimar a produção de massa seca, na seleção de genótipos superiores de sorgo biomassa. Desse modo, os genótipos que apresentarem maior produção de massa verde apresentaram maior produção de massa seca.

Palavras-chave: Sorgo; genótipos; produção; correlação; teor de matéria seca.

Apoio financeiro: CAPES; CNPq; FAPEMIG.

AVALIAÇÃO DA IMPORTÂNCIA DE VARIÁVEIS NOS GENÓTIPOS DE ARROZ IRRIGADO NO ESTADO DE MINAS GERAIS

**Weverton Gomes da Costa^{1*}; Cosme Damião Cruz²; Plínio César Soares³;
Antônio Carlos da Silva Júnior⁴; Matheus Pereira Ribeiro⁵; Ivan de Paiva Barbosa⁶.**

¹Universidade Federal de Viçosa; CCA; DBG; Viçosa; Minas Gerais; Brasil;

²Universidade Federal de Viçosa; CCA; DBG; Viçosa; Minas Gerais; Brasil;

³Empresa de pesquisas agropecuárias de Minas Gerais; EPAMIG sudeste; Viçosa; Minas Gerais; Brasil;

⁴Universidade Federal de Viçosa; CCA; DBG; Viçosa; Minas Gerais; Brasil;

⁵Universidade Federal de Viçosa; CCA; Agronomia; Viçosa; Minas Gerais; Brasil

⁶Universidade Federal de Viçosa; CCA; Agronomia; Viçosa; Minas Gerais; Brasil

*wevertonufv@gmail.com

Na safra de 2016/2017, a orizicultura foi responsável pelo cultivo em uma área de 1,98 milhão de hectares em todo o Brasil, sendo 524,4 mil hectares em regime de sequeiro e 1.456,5 mil hectares em regime irrigado. O cultivo de arroz irrigado é crescente no país, fator que tem contribuído com o aumento na produtividade de grãos deste cereal. Em Minas Gerais o cultivo de arroz irrigado corresponde a cerca de 90% de toda orizicultura, produzindo em média cerca de 2500 kg.ha⁻¹ e produção total de 15,2 mil toneladas, em uma área correspondente a 6 mil hectares. Nos programas de melhoramento de arroz são avaliadas uma série de características que servem para discriminar os genótipos visando recomendá-los para plantio em condições específicas ou conduzir populações segregantes. Algumas destas variáveis podem ter baixo poder de discriminação, ser redundantes, imprecisas ou instáveis e, portanto, a utilização de técnica que possibilite a diminuição do número de variáveis avaliadas é de suma importância, pois proporcionará redução na mão-de-obra, no tempo e no custo da experimentação. Desta forma, este estudo teve como objetivo verificar a possibilidade de descarte de variáveis avaliadas no programa de melhoramento de arroz irrigado a partir da análise de variáveis canônicas. Foram utilizados os dados de produtividade (Kg.ha⁻¹), altura de plantas (cm), peso de 100 grãos (g), perfilhamento (notas) e relação comprimento/largura do grão de 14 linhagens e 5 cultivares testemunhas (Rio Grande, Ourominas, Seleta, Predileta e Rubelita) do ensaio comparativo avançado (ECA) pertencente ao programa de melhoramento genético de arroz irrigado da EPAMIG. Essas características foram avaliadas nas localidades de Leopoldina-MG e Nova Porteirinha-MG, nas safras de 2014/2015, 2015/2016 e 2016/2017, onde cada localidade dentro de cada safra foi considerada como um ambiente independente. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com três repetições. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software GENES. Realizou-se Análise de Variância conjunta dos dados, na qual foi observada a interação GxA. Foi possível observar que as duas primeiras variáveis canônicas conseguiram absorver 86,69% da variação dos dados. Além disso, verificou-se que os caracteres de menor contribuição para a diversidade são aqueles que exibem maiores coeficientes nos últimos autovetores. Considerando as últimas variáveis canônicas, que representam menos de 7% da variação total, observa-se que as características em que seria recomendado o descarte seriam produtividade de grãos e altura de plantas. Em relação às três primeiras variáveis, de maior poder discriminatório, destacaram os caracteres peso de 100 grãos e relação C/L do grão. O fato da característica produtividade ser destacável no primeiro, realçando sua importância, considera-se que, a princípio, apenas altura de plantas possa ser a característica que tenha sido fixada e, portanto, de menor poder discriminatório.

Palavras-chaves: Oryza sativa; Diversidade genética; Variáveis canônicas.

Agradecimentos: À FAPEMIG pelo financiamento dos projetos de pesquisa e concessão de bolsas, ao Programa de Genética e Melhoramento da UFV e à EMBRAPA Arroz e Feijão pelo fornecimento de germoplasma.

AVALIAÇÃO DO VIGOR DE PLÂNTULAS NA IDENTIFICAÇÃO DE INDIVÍDUOS HAPLOIDES EM MILHO

Paula Klotz Brandão Rodrigues¹; Marcela Rezende de Carvalho²; João Candido de Souza³; Paula Mikaely Henrique Vieira⁴; Élcio Friske⁵; Murilo Cândido Ruy⁶

¹Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil. Bolsista CAPES – *E-mail: paulaklotz@posgrad.ufla.br; ² Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ³Professor Titular do Departamento de Biologia – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ⁴Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ⁵Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ⁶Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil.

Obter linhagens elites de boa capacidade de combinação e caracteres agronômicos para formação de híbridos de milho superiores aos presentes no mercado tem sido o objetivo dos programas de melhoramento genético. A obtenção de linhagens pelo método de duplo haploides é uma alternativa que vem sendo utilizada visando reduzir custos e otimizar tempo. As etapas envolvidas na formação das linhagens duplo haploide na cultura do milho são indução de indivíduos haploides e duplicação cromossômica. Para a identificação das plantas induzidas são utilizadas metodologias baseadas na morfologia (coloração da planta devido ao gene da antocianina presente em indivíduos haploides, tamanho da plântula e tamanho da radícula), contagem cromossômica e citometria de fluxo. O objetivo desse trabalho foi discriminar indivíduos haploides na cultura do milho por meio do teste de vigor. Na safra de 2016/2 foram realizados cruzamentos entre genótipos indutores e genótipos diploides. As sementes provenientes destes cruzamentos foram semeadas em bandejas de germinação e mantidas na casa de vegetação do Departamento de Biologia a 25 °C e 75% de umidade. Notou-se que os genótipos doadores apresentaram genes inibidores da coloração do marcador morfológico R1-navajo, sendo necessário um método alternativo para a discriminação destes. A avaliação do tamanho das plântulas foi realizada cinquenta dias após a semeadura. Foram realizadas medições de todas as plântulas e selecionados os indivíduos com tamanhos menores à metade do tamanho médio apresentado pelas demais plântulas como possíveis haploides. Em seguida foram realizadas análises de citometria de fluxo dos indivíduos obtidos. Foi observado que as plântulas selecionadas não foram condizentes com os reais haploides discriminados pelo método de citometria. Sendo assim, a avaliação do vigor de plântulas mostrou-se ineficiente para identificação das plântulas haploides. Portanto o teste morfológico não deve ser utilizado como o único parâmetro de seleção para caracterização da ploidia. Nos casos em que se deseja utilizar o marcador R1-navajo é indicado realizar testes a fim de garantir que o genótipo doador não possui genes inibidores.

Palavras chave: caracterização; duplo haploide; marcador morfológico.

AValiação PRECOCE DA REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO AO MOFO BRANCO VIA SEEDLING TEST

Antonio Carlos Mota Porto¹; Rafael Novais de Miranda¹; Raoni Gwinner²; Fernanda Souza Lopes¹; João Bosco dos Santos⁴

¹ Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil;

² Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil;

³ Professor titular, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

O mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, pode induzir perdas de até 90% em lavouras de feijão sob condições ambientais favoráveis ao desenvolvimento do patógeno. A adoção de cultivares resistentes é considerada a maneira mais eficiente de controle da doença. Assim, no processo de avaliação para seleção de genótipos resistentes, é importante a adoção de um método de avaliação da reação das plantas ao patógeno que seja eficiente, rápido e simples. Um dos métodos mais utilizado é o straw test, onde a inoculação é feita de 25 a 30 dias após germinação e a avaliação feita 7 dias após a inoculação. Contudo, este método pode ser considerado pouco eficiente onde há limitação de recursos, espaço, tempo e mão-de-obra devido ao grande número de genótipos a serem avaliados. Com a perspectiva da minimização dessas limitações, houve a adaptação do straw test para o seedling test, onde os genótipos são avaliados precocemente, permitindo a redução de tempo e recursos na fenotipagem. O objetivo, portanto, foi comparar ambos os métodos e assegurar a viabilidade do seedling test frente ao straw test. Foi utilizado o mesmo conjunto de 12 genótipos para ambos métodos. Os experimentos foram em casa de vegetação em delineamento experimental DBCC com três repetições, sendo cada parcela experimental no seedling test composta por três plantas em um vaso de 2 L enquanto para o straw test, três plantas em um vaso de 6 L. No seedling test, genótipos em estágio V3 (13 dias após germinação) tiveram suas hastes cortadas 1-2 cm acima das folhas primárias e inoculadas com um plug de meio BDA contendo micélio fúngico. No ensaio straw test esse processo foi realizado aos 30 dias após germinação, com corte 2 cm acima do último nó da haste principal. As plantas foram avaliadas 4 dias após inoculação (7 straw test) por meio do uso de escala de notas (1-9) da severidade dos sintomas. Com a avaliação dos genótipos via seedling test, não foi possível detectar diferença entre os genótipos, pelo teste F ($\alpha = 0,05$), com acurácia de 30,70%. Quando avaliados via straw test, detectou-se significância para efeito de genótipos, sob acurácia de 81,90%. No entanto, os dois métodos geraram avaliações com coeficientes de variação similares (20,29, 20,34%, straw e seedling test, respectivamente). Com a avaliação via straw test foi possível a formação de dois grupos de médias pelo teste Skott-Knott ($\alpha = 0,05$). Houve associação significativa entre os métodos ($R^2 = 0,62$), quando comparadas as médias dos genótipos. De acordo com os resultados há a possibilidade que aumentando-se o número de dias após a inoculação para avaliação no seedling test, à semelhança do straw test, pode-se tornar ambos os métodos equivalentes para identificar o nível de resistência dos genótipos.

Palavras-chave: Mofo branco; *Phaseolus vulgaris* L.; Seedling test; Seleção precoce.

Apoio financeiro: Capes, CNPq

CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO EM FRUTOS DE PIMENTEIRAS ORNAMENTAIS (*Capsicum annuum* L.)

Karmita Thainá Correia Ferreira¹; Elizanilda Ramalho do Rêgo²; Mailson Monteiro do Rêgo²; Michelle Gonçalves de Carvalho²; Cristine Agrine Pereira dos Santos²; José Ayrton Morais de Lima¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido ²Universidade Federal da Paraíba

A variação encontrada na espécie *Capsicum annuum* tem aumentado a demanda por pimenteiras ornamentais. Tal variação pode ser vista principalmente nos caracteres de frutos, relacionado ao tamanho e forma de frutos além da variação na coloração que conferem valor ornamental. O conhecimento dos efeitos genéticos é necessário para a seleção eficiente de plantas em programas de melhoramento. O objetivo deste estudo foi avaliar os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), a capacidade específica de combinação (CEC) e os efeitos recíprocos de caracteres de frutos de pimenta. Foram realizados cruzamentos manuais entre seis linhagens pertencentes ao banco de germoplasma do Centro de Ciências Agrícolas da Universidade Federal da Paraíba - UFPB 131, UFPB 132, UFPB 348, UFPB 349, UFPB 358 e UFPB 449 - em um esquema dialélico completo, formando 30 híbridos. Foi realizada a caracterização morfológica de fruto de acordo com os caracteres: peso do fruto PF, comprimento do fruto CFR, maior diâmetro do fruto MADF, menor diâmetro do fruto MEDF e teor de matéria seca TMS. Os dados foram submetidos a ANOVA. A análise de dialelo foi realizada para estimar os efeitos de CGC e CEC, utilizando um modelo fixo do método de Griffing I. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional Genes (2001). A análise de variância mostrou diferenças significativas entre os genótipos para os caracteres comprimento do fruto, maior e menor diâmetro do fruto e teor de matéria seca. Os valores da razão ϕ^2g / ϕ^2s foram maiores que 1 para o caráter menor diâmetro do fruto, indicando a predominância de efeitos aditivos que controlam esse caráter. Para peso do fruto, comprimento do fruto, maior diâmetro do fruto e teor de matéria seca, os valores da razão ϕ^2g / ϕ^2s foram inferiores a 1, indicando a predominância de efeitos não aditivos. O genitor 132 se destacou para os caracteres maior diâmetro do fruto, menor diâmetro do fruto e teor de matéria seca. Os resultados sugerem a possibilidade de exploração do vigor híbrido para essas características.

Palavras chave: pimenta; dialelo; melhoramento.

COMPONENTES PRINCIPAIS RETIDOS NO MODELO AMMI E HABILIDADE PREDITIVA EM ENSAIOS MULTIAMBIENTES EM ARROZ DE TERRAS ALTAS

Cinthia Souza Rodrigues¹; Luiz Antonio Yanes Bernardo Júnior¹; Indalécio Cunha Vieira Júnior¹; Clésio Teixeira da Silva²; Flávia Barbosa Silva Botelho²; José Airton Rodrigues Nunes¹.

¹Universidade Federal de Lavras/UFLA, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil;

²Universidade Federal de Lavras/UFLA, Departamento de Agronomia, Lavras, Minas Gerais, Brasil.

Autor correspondente: Flávia Barbosa Silva Botelho, flaviabotelho@dag.ufla.br

Resumo

Existe diferentes critérios na literatura que auxiliam na escolha de quantos componentes principais (CP) devem ser retidos no modelo AMMI, o que pode conduzir a definição de modelos com diferentes capacidades preditivas. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi comparar os testes F de Gollob, Fr de Cornelius e a validação cruzada na escolha do modelo AMMI. Utilizou-se os dados de produtividade de grãos (kg/ha) de 20 linhagens de arroz de terras altas da rede de ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) pertencentes ao programa de melhoramento de arroz da Universidade Federal de Lavras (UFLA) em parceria com a Embrapa Arroz e Feijão e EPAMIG. As linhagens foram avaliadas em nove ambientes em delineamento de blocos casualizados com parcelas constituídas por três linhas de quatro metros e densidade de semeadura de 80 sementes/metro. Foi realizada a análise AMMI e a definição do número de CP retidos baseou-se no teste F de Gollob, Fr de Cornelius, e no procedimento de validação Cruzada. A interação GxE foi decomposta em oito componentes principais. Pelos testes F de Gollob e Cornelius, seis dos oito CPs são significativos ($P < 0,05$), o que levou à seleção do modelo AMMI 6, o que dificultaria o estudo gráfico das linhagens nos diferentes ambientes. Pela validação cruzada, foi observado um pequeno valor da diferença preditiva média no modelo AMMI 2, indicando sucesso preditivo desse modelo. Nos resultados da análise AMMI, observa-se que o CP 1 capturou 43,44% da variação da interação GxE e o CP 2 capturou 20,48% da variação da interação GxE, totalizando 63,9% nos dois primeiros componentes principais. A escolha do CP por meio dos testes F não foram eficientes para selecionar modelos parcimoniosos e, portanto, susceptíveis de incluir ruído. Por outro lado, a validação cruzada foi mais eficiente pois captura a porção da variação da interação e despreza ruídos na predição de respostas. Portanto, conclui-se que a validação cruzada é mais eficiente na escolha do modelo AMMI para fins da predição mais acurada.

Palavras chaves: Validação cruzada; Test F de Gollob; Test F de Cornelius.

CORRELAÇÃO ENTRE COMPONENTES DA PRODUÇÃO NA SELEÇÃO DE PROGÊNIOS ENDOGÂMICAS DE MILHO

Brena Kelly da Silva Almeida¹; Maria Beatriz Pereira da Silva²; Názila Nayara Silva Oliveira³; Paula Mikaely Henrique Vieira⁴; Paula Klotz Brandão Rodrigues⁵; João Candido de Souza⁶

¹UFLA; Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; Departamento de Biologia; Lavras; MG; Brasil; email: brena.kelly15@hotmail.com;

² UFLA; Graduação em Agronomia; Departamento de Agricultura; Lavras; MG; Brasil;

^{3,4,5}UFLA; Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; Departamento de Biologia; Lavras; MG; Brasil;

⁶UFLA; Professor Titular; Departamento de Biologia; Lavras; MG; Brasil.

O milho é o cereal mais produzido e consumido no mundo, devido à alta demanda por esse produto e a necessidade de tornar a cultura mais rentável ao produtor, os programas de melhoramento genético visam obter cultivares que atinjam uma alta produtividade. Uma das formas para aumentar a produtividade é obtendo maior rendimento de grãos por espiga, sendo a variável peso de grãos um dos componentes determinantes do rendimento de grãos. Dessa forma o objetivo com esse trabalho, foi avaliar a relação entre peso de grãos, com os demais componentes da produção e determinar qual componente possui maior contribuição na produtividade de grãos por espiga. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da UFLA, em Lavras – MG. O ensaio foi constituído por 287 progênies $S_{0.1}$ oriundas de quatro populações selecionadas dentre 39 cruzamentos de genótipos espanhóis com híbridos comerciais de alta performance na região. O delineamento utilizado foi látice quadrado triplo 17x17 (287 progênies mais as testemunhas BM 3061 e 20A78). As parcelas foram constituídas por uma linha de três metros de comprimento com espaçamento de 0,60m entre linhas e 0,25m entre plantas, uma densidade de 66.660 plantas ha⁻¹. Desses 289 tratamentos, foram selecionadas os 50% mais produtivos para proceder a avaliação dos componentes de produção, esta produtividade foi medida pelo peso de espigas despalhadas (PED). Os componentes de produção avaliados foram: peso de espiga (PE), peso de grãos por espiga (PGE), comprimento de espiga (COMP), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF) e número total de grãos por espiga (NGT). Essas variáveis foram determinadas em três espigas por parcela. Os dados foram submetidos a análise de variância, sendo as variáveis NF, NGF e NGT analisados pelo teste LRT e depois foram obtidas as médias para proceder a análise de correlação de postos de Spearman. As variáveis apresentaram diferenças significativas, o que evidencia a existência de variabilidade para os caracteres avaliados, fato fundamental para realizar a seleção e obter ganhos. Através da análise verificou-se que o PGE apresentou correlação positiva com os demais componentes de produção. O PGE teve maior correlação com PE (0,949), seguido pelo NGT (0.7205), NGF (0.6859), COMP (0.5712) e NF (0,5084). Dessa forma, fica claro que quando maior o peso de espiga, maior o peso e número grãos por espiga. Assim, realizar seleção pelo peso da espiga, pode influenciar diretamente na produtividade de grãos que irá proporcionar maior rentabilidade ao produtor, além de ser nutricionalmente importante para alimentação animal.

Palavras-chave: Melhoramento genético; *Zea mays*; rendimento de grão; Spearman;

CORRELAÇÃO ENTRE ÍNDICES DE RENDIMENTO EM TONELADAS DE BRIX POR HECTARE EM SORGO SACARINO (*Sorghum bicolor* [L.] Moench)

Daniela Oliveira Ornelas¹; Gabrielle Maria Romeiro Lombardi²; José Airton Rodrigues Nunes³; Fernanda Maria Rodrigues Castro⁴; Mayra Luiza Costa Moura⁵; Rafael Augusto da Costa Parrella⁶

¹ Graduanda em Agronomia, bolsista PIBIC/Cnpq - Universidade Federal de Lavras - Departamento de Biologia, Lavras – Minas Gerais, Brasil – dani.ornelas@hotmail.com; ² Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras – Departamento de Biologia, Lavras – Minas Gerais, Brasil; ³ Professor Associado, Universidade Federal de Lavras – Departamento de Biologia, Lavras – Minas Gerais, Brasil; ⁴ Doutoranda em Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras – Departamento de Agricultura, Lavras – Minas Gerais, Brasil; ⁵ Graduanda em Agronomia, bolsista PIBIC/Fapemig – Universidade Federal de Lavras – Departamento de Biologia, Lavras – Minas Gerais, Brasil; ⁶ Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas - Minas Gerais, Brasil.

O melhoramento genético da cultura sorgo sacarino visa aumentar a produtividade de etanol por hectares, o qual está diretamente relacionado com o rendimento de açúcares. Para o cômputo deste rendimento em toneladas de brix por hectare (TBH), a expressão normalmente empregada se constitui num produto levando em conta a produção de matéria verde (PMV), o percentual de caldo extraído dos colmos (EXT) e o teor de sólidos solúveis totais (SST, °brix). Todavia, alguns autores têm sugerido simplificar este cálculo, excluindo-se o caráter extração de caldo, dado a baixa variação constatada em algumas ocasiões. Ante o exposto, o presente trabalho tem por objetivo avaliar a variação entre genótipos de sorgo sacarino quanto ao caráter extração de caldo e verificar a associação existente entre índices de rendimento em toneladas de brix por hectare, incluindo ou excluindo a extração. Para tanto, foram utilizados dados de ensaios de valor de cultivo e uso da rede coordenada pela Embrapa Milho e Sorgo, avaliados nas safras 2013/14, 2014/15, 2015/16 e 2016/17, no município de Lavras – MG. As características consideradas neste estudo foram PMV (t/ha), EXT (%), SST (°Brix). Para o cálculo do TBH, foram consideradas duas expressões, uma primeira incluindo a extração e uma segunda excluindo este caráter. Realizou-se análise de variância por safra visando identificar diferenças entre os genótipos em ambiente R. Posteriormente foram obtidas as médias ajustadas, a partir das quais foram estimadas as correlações entre os índices de cômputo do TBH. De todas as características avaliadas, a única que apresentou diferenças significativas entre os genótipos avaliados em todas as safras foi o SST. Quanto ao PMV, apenas na safra 2014/15 os genótipos diferiram uns dos outros, e a extração foi significativa apenas nas safras 2014/15 e 2016/17. A significância dos genótipos quanto ao PMV influenciou diretamente nas duas expressões do TBH. Em todas as ocasiões em que não houve significância para o PMV, nenhuma das expressões para o TBH apresentou diferenças. Já quando houveram genótipos que diferiram para PMV mas não para a EXT, pode-se perceber que não houve influência na significância das expressões do TBH, com exceção da safra 2016/17. Ao realizar a análise da correlação entre as expressões, observou-se que ambas as expressões de TBH foram altamente correlacionadas em todas as safras avaliadas, o que significa que qualquer uma das expressões pode ser usada para o cálculo dessa variável, fazendo com que a avaliação no processo de melhoramento seja facilitada, não sendo necessário o uso da avaliação da extração de caldo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*, correlação, extração do caldo, bioetanol

Apoio financeiro: CAPES, Fapemig, CNPq e Embrapa Milho e Sorgo

DESEMPENHO AGRONÔMICO E TECNOLÓGICO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE SORGO SACARINO

Mara Jane da Rocha¹; Mayra Luiza Costa Moura²; Daniela Oliveira Ornelas²; Gabrielle Maria Romeiro Lombardi³; Rafael Augusto da Costa Parrella⁴; José Airton Rodrigues Nunes⁵.

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas; UFLA; Departamento de biologia; Lavras; MG; Brasil. Email: marajane_r@hotmail.com.

²Graduanda em Agronomia; UFLA; Departamento de biologia; Lavras; MG; Brasil.

³Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas; UFLA; Departamento de biologia; Lavras; MG; Brasil.

⁴Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo; Sete Lagoas; Minas Gerais; Brasil.

⁵Professor Associado I do Departamento de Biologia; UFLA; Lavras; MG; Brasil.

O sorgo sacarino é uma cultura com elevado potencial energético, cujo estabelecimento na cadeia produtiva do etanol no Brasil depende, dentre outros fatores, da obtenção de cultivares com alta produtividade, maior teor de açúcares no colmo e adaptadas aos diferentes ambientes. Com o advento da macho-esterilidade genético-citoplasmática têm-se direcionado o melhoramento para a obtenção de híbridos. Com isso, este trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho agrônomo e tecnológico de linhagens e híbridos experimentais de sorgo sacarino em dois ambientes de Minas Gerais. Foram testadas cinco linhagens restauradoras de fertilidade (R), quatro linhagens macho-estéreis (A) e os correspondentes 20 híbridos oriundos dos cruzamentos A x R, além da testemunha a cultivar CV 198. Os experimentos foram implantados no delineamento látice retangular triplo 5x6 em Lavras- MG e Sete Lagoas - MG. Para avaliação das linhagens e híbridos foi utilizado o índice multiplicativo TBH (tonelada de brix/sólidos solúveis por hectare), que abrange os caracteres produção de massa verde (PMV, t ha⁻¹), extração de caldo (EXT, %) e sólidos solúveis totais (SST, %caldo), que influenciam diretamente na produção de etanol por hectare. Foram realizadas as análises de variância e o agrupamento das médias fenotípicas ajustadas dos genótipos pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa entre os genótipos quanto à ao TBH. Também foram detectadas diferenças para o efeito da interação linhagens/híbridos x locais. Pelo teste de Scott-Knott as médias de TBH foram separadas em quatro grupos e variaram entre 1,8 t de brix ha⁻¹ a 7,04 t de brixha⁻¹. O desempenho médio do híbrido 201402B022-A x CMSXS643 (7,04 t de brix ha⁻¹) superou todos os demais genótipos avaliados, sendo seguido pelo híbrido 201402B022-A x CMSXS646 (6,26 t de brix ha⁻¹). Os demais híbridos, as linhagens R e a testemunha foram agrupados no terceiro grupo apresentando média de 5,28 t de brix ha⁻¹. No quarto grupo foram agrupadas as linhagens A que apresentaram os piores resultados quanto ao TBH, com média de 2,28 t de brix ha⁻¹. Pelos resultados foi possível selecionar híbridos e linhagens R com alto desempenho para o TBH, no entanto, ressalta-se a necessidade de avançar o melhoramento para a obtenção de linhagens A sacarinas.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; melhoramento genético; dialelo; desempenho fenotípico.

Apoio financeiro: Capes; CNPq; FAPEMIG.

DESEMPENHO DE PROGÊNIES S₂ E S₃ OBTIDAS DE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO.

Názila Nayara Silva de Oliveira¹; João Cândido de Souza²; Brena Kelly da Silva Almeida³; Paula Mikaely Henrique Vieira⁴; Elcio Friske⁵.

¹UFLA; Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; Departamento de Biologia; Lavras; MG; Brasil; email: nayara.sancho@hotmail.com;

²UFLA; Professor Titular; Departamento de Biologia; Lavras; MG; Brasil;

^{3,4,5}UFLA; Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas; Departamento de Biologia; Lavras; MG; Brasil.

Em um programa de melhoramento de milho, um fator de alta importância é a escolha adequada das populações a serem trabalhadas, uma vez que os alelos favoráveis advindos destas é que permitirão a extração de linhagens superiores. Uma opção é o emprego de híbridos comerciais, que são amplamente testados antes de serem recomendados e são adotados pelos agricultores somente quando superam os híbridos já utilizados. O objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho de progênies endogâmicas S₂ e S₃ no município de Lavras MG, visando sua seleção e utilização para obtenção de linhagens. Foram utilizadas progênies provenientes de 11 populações, geradas a partir de diferentes híbridos simples comerciais: AS1625(1), GNZ9688(2), DKB310(3), AS1555(4), DKB177(5), P30F53(6), AG7098(7), DKB340(8), AG8676(9), GNZ9626(10) e GNZ9501(11). Pelo método genealógico, os híbridos do 1 ao 5 foram conduzidos até S₂ e do 6 ao 11 até S₃. O experimento foi realizado na safra 2016/2017 na Fazenda experimental Vitorinha, em DBC com duas repetições, com 12 plantas/parcela, contando com 897 progênies, dentre S₂ e S₃, e três testemunhas (um híbrido duplo e duas linhagens). A variável mensurada foi peso de espigas por parcela (PEP). Na análise de variância foi observado um CV de 22%, estando dentro dos limites aceitáveis para a cultura e também, uma acurácia de 84% mostrando que houve boa precisão experimental, com média no experimento de 1,44kg/parcela. No teste de ScottKnott a 5%, os genótipos foram agrupados em três grupos, sendo 400 progênies somente no primeiro grupo. De um modo geral, apenas as populações 4S₂ e 1S₃ não geraram proles com desempenho superior. Dentro das S₂, a populações 5 e 1 foram as que geraram progênies com maior rendimento (3,42 e 3,12 kg/parcela, respectivamente) sendo superadas apenas pelo híbrido duplo (3,88kg/parcela). Em S₃ as populações 10 e 11 geraram progênies alocadas entre os cinco maiores PEP (2,89 e 2,62 kg/parcela). O fato de as progênies S₃ terem rendimentos próximos às S₂ mais produtivas, mostra sua superioridade, pois embora seu nível de endogamia seja alto, tiveram bons desempenhos, o que pode ser, por terem partido de híbridos cujas linhagens geradoras, tinham grande quantidade de alelos fixados. Seu uso para futura obtenção de híbridos pode ser promissor.

Palavras- chave: Produção; *Zea mays*; linhagens;

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS UTILIZADOS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE MACIEIRA NO BRASIL

Thyana Lays Brancher¹; Maraisa Crestani Hawerroth²; Marcus Vinícius Kvitschal²; Everlan Fagundes³

¹Aluna de Doutorado; Universidade Federal de Lavras - UFLA; Programa de Pós-graduação em Biotecnologia Vegetal; Lavras, Minas Gerais, Brasil. Autor para correspondência. E-mail: thyanalays@hotmail.com

²Pesquisador(a) Dr.(a); Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Epagri, Estação Experimental de Caçador; Melhoramento Genético de Macieira; Caçador, Santa Catarina, Brasil.

³Aluno de Doutorado; Universidade do Estado de Santa Catarina - UDESC; Programa de Pós-graduação em Produção Vegetal; Lages, Santa Catarina, Brasil.

O melhoramento genético de macieira (*Malus domestica* Borkh.) se caracteriza por ser laborioso devido ao longo ciclo de desenvolvimento da cultura, ao longo período de avaliações necessárias e à autoincompatibilidade gametofítica do gênero *Malus*. Por meio da caracterização morfoagronômica pode-se estimar a dissimilaridade entre os genótipos, visando sua utilização com maior eficiência na formação de populações segregantes com alta variabilidade para futura seleção. Logo, o objetivo deste trabalho foi estimar a dissimilaridade genética entre os genótipos constituintes da coleção de germoplasma elite de macieira da Epagri (Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina). Foi realizada a caracterização morfoagronômica dos genótipos com base nos 57 descritores mínimos determinados pelo MAPA para a proteção de novas cultivares de macieira, que englobam características morfológicas estruturais da planta, folhas, flores e frutos. Os 28 genótipos avaliados representam os genitores mais frequentemente utilizados em cruzamentos dirigidos nos últimos anos pelo Programa de Melhoramento Genético de Macieira da Epagri, Estação Experimental de Caçador (Caçador-SC). A matriz de dissimilaridade genética entre os genótipos foi gerada com o algoritmo de Gower, e os agrupamentos foram obtidos pelo método de ligação média entre grupos (UPGMA). O coeficiente de correlação cofenética foi obtido a partir da matriz de distâncias originais e da matriz cofenética, e submetido ao teste de Mantel baseado em 10.000 permutações. A dissimilaridade média do conjunto de genótipos avaliados foi de 35%, variando de 21% a 50% entre os pares. Pelo método de agrupamento UPGMA foram gerados sete grupos, dos quais cinco representados por apenas um genótipo (M-12/00, SCS417 Monalisa, M-11/92, SciFresh e Kinkas) e o sexto grupo foi composto por dois genótipos (Cripps Pink e 141/38). O sétimo grupo foi formado pelos demais 21 genótipos, todos desenvolvidos pela Epagri, evidenciando grande semelhança em sua genealogia, sendo resultantes de diferentes cruzamentos entre as cultivares Imperatriz, Baronesa, Cripps Pink e Fred Hough. O coeficiente de correlação cofenética obtido foi de 0,70, e significativo pelo teste de Mantel ($p \leq 0,01$), indicando representação fidedigna das distâncias genéticas dos genótipos. Portanto, a utilização de genótipos alocados em grupos diferentes em futuras hibridações dirigidas possibilitará a geração de populações segregantes com maior variabilidade genética, a qual é indispensável para a seleção de indivíduos superiores geneticamente.

Palavras-chave: *Malus domestica* Borkh.; caracterização morfoagronômica; descritores mínimos; variabilidade genética.

Apoio financeiro: Os autores agradecem à Epagri, à FAPESC, à Finep, à Capes e ao CNPq pelo fomento à pesquisa e financiamento de bolsas de estudo.

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE LINHAGENS ELITES DE ARROZ DE TERRAS ALTAS EM ANOS SUCESSIVOS DE AVALIAÇÃO

Yasmin Vasques Berchembrock¹; Camila Soares Cardoso da Silva²; Flávia Barbosa
Silva Botelho³; Marco Renan Félix⁴

¹ Doutoranda no Programa de Genética e Melhoramento de Plantas – Departamento de
Biologia – Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras/ MG, Brasil.

yavasques@yahoo.com.br

² Mestranda no Programa de Fitotecnia – Departamento de Agricultura – Universidade
Federal de Lavras (UFLA), Lavras/ MG, Brasil.

³ Prof.^a Adjunto pelo Departamento de Agricultura – UFLA, Lavras/MG, Brasil.

⁴ Mestrando no Programa de Genética e Melhoramento de Plantas – Departamento de
Biologia – (UFLA), Lavras/ MG, Brasil.

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de uma população que alie ampla variabilidade e alto desempenho. Estudos de diversidade genética pode ser uma importante estratégia a fim de fornecer informações sobre a variabilidade presente na população trabalhada. Medidas de dissimilaridade associada com análise de agrupamento são técnicas multivariadas que podem ser aplicadas nesse tipo de estudo, agrupando genótipos similares de maneira com que as maiores diferenças ocorram entre os grupos formados. O trabalho teve por objetivo avaliar a variabilidade presente em linhagens de arroz (*Oryza sativa*) de terras altas selecionadas em dois anos sucessivos de avaliação pelo método de agrupamento das médias das distâncias (UPGMA). Foi realizada a avaliação de produtividade (kg/ha) e altura (cm) de 36 linhagens do Ensaio Preliminar (EP) da safra de 2015/16 e 20 linhagens do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) da safra de 2016/2017, incluindo, em ambos, duas testemunhas comuns: BRS Esmeralda e BRS MG Caravera. Dentre as 36 linhagens avaliadas no EP, foram selecionadas cinco linhagens para composição da safra seguinte avaliada no ensaio de VCU. A estimativa da distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade foi aplicada para a análise do método de agrupamento UPGMA. No dendograma houve a formação de dois grupos, coincidentemente, de tamanhos iguais, dentro de cada ensaio de avaliação. A formação de poucos grupos já era esperada visto que em estágios avançados dentro de um programa de melhoramento há maior possibilidade de estreitamento das bases genéticas e possibilidade de grau de parentesco entre os indivíduos. Das cinco linhagens selecionadas no EP para compor o VCU, quatro linhagens vieram de um mesmo grupo, o qual se encontrava a BRS Esmeralda, e somente uma linhagem do outro grupo juntamente com a BRS MG Caravera. Já no VCU, das cinco linhagens selecionadas novamente quatro permaneceram em um grupo e somente uma em outro grupo, agora acompanhada de ambas as testemunhas. Essa linhagem, nomeada ERF 221-19, juntamente com as testemunhas, apresentaram os menores valores de produtividade e altura, dentre as cinco, fato comprovado pelo teste de Scott Knott (5% probabilidade). Diante do exposto, foi observada dissimilaridade genética entre as linhagens selecionadas, permitindo, mesmo em fase final do programa de melhoramento, manter a variabilidade genética. Além disso, deveriam ser avaliados mais caracteres quantitativos e qualitativos para maior discrepância entre os genótipos testados. Sobretudo, foi possível a separação dos genótipos em grupos distintos podendo ser utilizada como uma estratégia para

selecionar linhagens divergentes a serem utilizadas em cruzamentos artificiais objetivando a obtenção de híbridos na cultura do arroz de terras altas.

Palavras chave: Melhoramento Genético; UPGMA; Dissimilaridade genética.

Apoio financeiro: CNPq; Fapemig

EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE CARACTERES AGROINDUSTRIAIS SOBRE O RENDIMENTO DE ETANOL EM PROGÊNIES DE SORGO SACARINO

Pakizza Sherma da Silva Leite^{1*}; José Airton Rodrigues Nunes²; Pedro César de Oliveira Ribeiro³; Isadora Cristina Martins Oliveira³; Ruane Alice da Silva⁴; Rafael Augusto da Costa Parrella⁵

¹Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia - Lavras-MG/Brasil; ²Professor da Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia - Lavras-MG/Brasil; ³Doutorando (a) em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Viçosa - Viçosa-MG/Brasil; ⁴Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Viçosa; ⁵Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo - Sete Lagoas-MG/Brasil.

*autor para correspondência: pakizza@hotmail.com

A identificação de caracteres em sorgo sacarino que auxiliam na seleção indireta para o rendimento de etanol é imprescindível para o melhoramento genético desta cultura. Tal informação pode ser obtida com o emprego da análise de trilha, a qual possibilita o desdobramento das correlações simples entre os caracteres nos seus efeitos diretos e indiretos sobre o rendimento de etanol. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estudar os efeitos diretos e indiretos de caracteres agrônômicos e tecnológicos em sorgo sacarino sobre a produção de etanol por hectare. O experimento foi realizado em Sete Lagoas-MG, na safra 2016/2017. Utilizou-se o delineamento de látice triplo 14 x 14. Foram avaliados 196 progênies desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Sorgo Sacarino da Embrapa Milho e Sorgo. Foram consideradas nove características: florescimento (FLOR); altura de plantas (m, AP); produção de massa verde (t/ha⁻¹, PMV); extração (% , EXT); teor de sólidos solúveis totais (°Brix, SST); toneladas de brix por hectare (t/ha⁻¹, TBH); açúcares totais recuperáveis (kg de açúcar t⁻¹ de colmo, ATR); etanol hidratado (L de etanol t⁻¹ colmo, EH) e produção de etanol por hectare (L/ha⁻¹, PE). Os dados foram submetidos à análise de variância com recuperação da informação interblocos e posteriormente realizada a análise de trilha. Antes do processamento da análise de trilha, a matriz de correlações fenotípicas foi previamente avaliada quanto a existência de multicolinearidade pelo método do número de condição da matriz (NC), proposto por Montgomery e Peck (1981). A análise de trilha foi realizada conforme um diagrama casual em duas cadeias, sendo a variável PE considerada a variável principal, e os caracteres EXT, SST, ATR, EH e TBH as variáveis explicativas primárias. As demais variáveis foram consideradas as variáveis explicativas secundárias. Observou-se diferenças entre as progênies para todas as variáveis estudadas. Verificou-se multicolinearidade fraca para ambas as cadeias (NC < 100), o que torna confiável os resultados apresentados. Dentre as variáveis primárias, o TBH foi a de maior efeito direto positivo sobre a variável principal. Os caracteres EXT, SST, ATR e EH não apresentaram efeitos diretos sobre a PE, corroborando com o resultado das correlações simples. Ao observar os efeitos das variáveis primárias sobre as secundárias verificou-se que apenas o PMV explicou satisfatoriamente a variação dos componentes primários, uma vez que o coeficiente de determinação foi de elevada magnitude ($R^2 = 0,98$) com baixo efeito residual (0,11), apresentando efeito direto positivo sobre o TBH. A variável TBH foi a que apresentou maior efeito direto sobre a PE apresentando uma alta correlação fenotípica (0,98), enfatizando a importância desta variável na seleção de genótipos visando incremento na produção. Conclui-se que o uso da variável TBH como índice de seleção pode auxiliar na obtenção de genótipos com maior rendimento de etanol.

Palavras-chave: Correlação; Análise de trilha; Seleção indireta.

Apoio financeiro: Capes; CNPq; FAPEMIG; Embrapa Milho e Sorgo.

EFICIÊNCIA DA SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA VIA ANÁLISE MULTIVARIADA

Rafaela Pereira Carvalho¹; Mário Henrique Murad Leite Andrade²; Luana de Cássia Simões³; Claudio Carlos Fernandes Filho⁴; Abel Jamir Ribeiro Bastos⁵; César Augusto Brasil Pereira Pinto⁶

¹Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil – rafaelacrvlh03@gmail.com; ²Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras MG/Brasil; ³Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ⁴Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ⁵Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/Lavras-MG/Brasil; ⁶Professor Titular do Departamento de Biologia – UFLA/Lavras-MG/Brasil.

A seleção de clones de batata é usualmente realizada com base em diversas características, como produtividade, matéria seca e atributos visuais dos tubérculos. Estas características podem ser geneticamente e fenotipicamente correlacionadas, gerando assim um viés ao se realizar a seleção para cada característica isoladamente. Uma eficiente maneira de contornar este problema é o uso da seleção multivariada, que também pode aumentar os ganhos de seleção quando as características são correlacionadas. Desta maneira o objetivo deste trabalho foi verificar a eficiência da seleção de clones de batata por meio da análise multivariada, utilizando três características: produtividade total de tubérculos (PTT), produtividade de tubérculos graúdos (PTG) por planta ($\text{g} \times \text{planta}^{-1}$) e formato de tubérculos. O experimento foi implantado na safra de inverno de 2017 na fazenda experimental da UFLA – Centro de desenvolvimento científico e tecnológico em agropecuária, no delineamento de blocos completos casualizados, utilizando-se 26 clones de batata (*Solanum tuberosum* L.). Os dados foram analisados via abordagens uni e multivariadas por meio do procedimento REML/BLUP. Foram estimados, o ganho de seleção (GS) utilizando uma intensidade de seleção de 20%, e também a variância do erro de predição (PEV). O ganho de seleção considerando a análise multivariada foram maiores para todas as três características, para a PTT o GS foi de $67,5 \text{ g} \times \text{planta}^{-1}$ na análise univariada e $125,65 \text{ g} \times \text{planta}^{-1}$ na multivariada, já para a PTG os ganhos foram de $142,1 \text{ g} \times \text{planta}^{-1}$ para $195,3 \text{ g} \times \text{planta}^{-1}$. Ao se comparar as estimativas da PEV pôde ser constatada uma redução para as três características: variou de 5194,4 - 3560,7, 6538,2 – 5673,7 e 0,054 – 0,050, para produtividade total, produtividade de graúdos e formato respectivamente, ou seja, a análise multivariada proporcionou uma redução nos erros de predição dos BLUP's. Apesar de parecer pequenos os ganhos, 58,1 e 53,2 $\text{g} \times \text{planta}^{-1}$ para PTT e PTG respectivamente, estes ganhos representam um acréscimo por hectare de 2173kg e 2177kg, tais ganhos podem ser explicados devido a alta correlação entre as características que variaram de 0,40 para PTG e formato até 0,86 para PTT e PTG. A análise multivariada mostrou-se mais eficiente que a seleção isolada das características, uma vez que aumentou os ganhos com seleção e diminuiu os erros de predição.

Palavras-chaves: Análise multivariada; Melhoramento; *Solanum tuberosum*.

Apoio financeiro: Capes; CNPq.

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE *Piptadenia gonoacantha* (J. F. MACBR.).

Gleidson Guilherme Caldas Mendes¹; Glêison Augusto dos Santos²; Caio Varonill de Almada Oliveira³; Andrei Caíque Pires Nunes⁴; Marcos Deon Vilela de Resende⁵

¹Mestrando em Ciência Florestal. Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, Avenida Peter Henry Rolfs, s/n, Campus Universitário, 36.570-900, Viçosa, MG, Brasil. E-mail: gmendesflorestal@gmail.com;

²Prof. Dr. em Engenharia Florestal, Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal, Viçosa, MG, Brasil;

³Mestrando em Ciência Florestal. Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Engenharia Florestal;

⁴Doutorando em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa (UFV), Departamento de Genética e Melhoramento;

⁵Pesquisador Doutor. EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Centro Nacional de Pesquisa.

A conservação genética de espécies arbóreas é fundamental para que as futuras gerações possam usufruir dos recursos hoje disponíveis. Contudo, a manutenção de populações em bancos de germoplasma *ex situ* não garante por si só a conservação dessas espécies. Uma estratégia viável é a transformação de testes de progênies em pomares de sementes, uma vez que tais testes permitem a estimação da variação existente dentro de populações, por meio de características quantitativas, assim como a seleção de indivíduos superiores e divergentes, eliminando possíveis indivíduos aparentados, o que proporcionará sementes com maior variabilidade genética. Com isso, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos quantitativos em um teste de progênies de pau-jacaré (*Piptadenia gonoacantha* J. F. Macbr.) e selecionar indivíduos para a formação de pomar de sementes por mudas. O teste de progênie foi instalado em abril de 2014 no município de Santana de Cataguases-MG. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 10 repetições, 34 progênies, e parcelas de planta única, obedecendo ao espaçamento 5,0 x 5,0 m. Aos 42 meses de idade foram realizadas mensurações de diâmetro a altura do peito (DAP), altura total (ALT) e sobrevivência (SOB). As estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas com o auxílio do programa Selegen-REML/BLUP (modelo 19). A taxa de sobrevivência foi de 92,94%, valor considerado alto, demonstrando boa adaptação do material às condições edafoclimáticas do local. As herdabilidade nos sentidos restritos (h^2_a) e herdabilidade da média das progênies (h^2_{mp}) apresentaram baixa magnitude. Os valores obtidos foram 0,091, 0,112 e 0,006 para h^2_a e 0,188, 0,224 e 0,004 para h^2_{mp} , respectivamente, para os caracteres ALT, DAP e SOB. Tais resultados indicam a existência de baixo controle genético para os caracteres avaliados, resultando em pequena possibilidade de obter-se ganhos com a seleção. Entretanto, os coeficientes de variação genética (CV_g) entre as progênies podem ser considerados moderados para ALT (7,98%) e DAP (13,75%), sugerindo que, mesmo com o baixo controle genético entre as progênies, oriundo, possivelmente da amostragem na coleta das matrizes para a formação do teste, há possibilidade de algum progresso genético com a seleção entre genótipos, sobretudo para o caráter DAP, especialmente as progênies das famílias 04, 08 e 11, as quais apresentaram os maiores valores genéticos.

PALAVRAS-CHAVE: Caracteres quantitativos; herdabilidade; teste de progênie.

Apoio: CAPES, UFV, SIF e GenMFlor.

HORMÔNIO DE ENRAIZAMENTO NA PRODUÇÃO DE MUDAS CLONAIIS DE *Coffea arabica* L. PELO MÉTODO DE MINIESTAQUIA

João Antônio Rodrigues Pereira¹; Rossiane Oliveira Vilela²; Cássio Pereira Honda Filho³; Mariana Thereza Rodrigues Viana⁴; Samuel Pereira de Carvalho⁵; Samuel Henrique Braga da Cunha⁶

¹ Graduando em Agronomia – UFLA/LAVRAS-MG/Brasil - joaoantoniorp@hotmail.com

² Graduanda em Agronomia – UFLA/LAVRAS-MG/Brasil

³ Mestrando em Agronomia/Fisiologia Vegetal - UFLA/LAVRAS-MG/Brasil

⁴ Doutoranda em Agronomia/Fitotecnia - UFLA/LAVRAS-MG/Brasil

⁵ Professor Titular do Departamento de Agricultura - UFLA/LAVRAS-MG/Brasil

⁶ Graduando em Agronomia – UFLA/LAVRAS-MG/Brasil

O sucesso da produção cafeeira depende, entre outros fatores, da qualidade das mudas produzidas. Uma alternativa viável para a produção de mudas vigorosas e multiplicação rápida de progênes promissoras é o enraizamento por estacas. A utilização de hormônios vegetais é decisiva para a indução do enraizamento, tendo como finalidade o aumento da produção de sistema radicular das estacas. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo testar diferentes concentrações do hormônio AIB (ácido indol-butírico) no crescimento e desenvolvimento de mudas de café arábica produzidas por miniestaquia. O experimento foi conduzido em casa de vegetação do setor de Cafeicultura da Universidade Federal de Lavras com temperatura e umidade controladas. As mudas de *Coffea arabica* L., as quais foram retiradas das miniestacas, foram enraizadas em 2016 e, em fevereiro de 2017, foram selecionadas 48 mudas para a retirada das miniestacas, sendo estas contendo uma gema e um par de folhas cortadas ao meio. Posteriormente, foram mergulhadas em solução de hipoclorito de sódio a 0,02 % por cinco minutos para desinfecção, tratadas com AIB em diferentes concentrações e colocados em tubetes com substrato contendo areia e vermiculita na proporção de 1:1, além de adubo de liberação controlada (12,5g.L⁻¹). O delineamento utilizado foi em blocos casualizados (DBC), sendo composto por 4 tratamentos (sem hormônio: controle, 2000 mg.kg⁻¹ de AIB, 4000 mg.kg⁻¹ de AIB e 6000 mg.kg⁻¹ de AIB), dispostos em 3 blocos com 4 plantas por parcela. Após 21 dias, as miniestacas receberam aplicação de sacarose (5g.L⁻¹) e após 150 dias da implantação do experimento, as mudas foram avaliadas de acordo com os caracteres: vigor, número de brotos, folhas remanescentes, pares de folhas, diâmetro do caule e altura de estaca. Os dados obtidos foram submetidos a uma análise de variância pelo teste F a 5% de probabilidade, onde apenas os caracteres número de brotos e pares de folhas foram significativos. Os caracteres significativos tiveram seus dados analisados por meio de uma análise de regressão e uma correlação de Pearson. Diante dos resultados, notou-se uma alta correlação (0,97) entre o número de brotos e o número de pares de folhas, mostrando que a produção de brotos e posterior produção de folhas, é resultado de um bom desenvolvimento da muda. Já quanto a análise de regressão, verificou-se que o tratamento com 4000 mg.kg⁻¹ de AIB foi mais eficaz na promoção de crescimento e desenvolvimento das mudas clonais. Conclui-se, portanto, que a utilização de hormônios para o enraizamento de miniestacas de *Coffea arabica* para a produção de mudas vigorosas é eficaz.

Palavras chave: Clonagem; Estaquia; Reguladores de crescimento.

Agradecimento: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

Identidade entre primers RAPD e sequências para o peptídeo sinal de CDSs de LRR putativas do feijão (*Phaseolus vulgaris*)

Caroline Marcela da Silva¹; Alexandre Hild Aono²; Gisele Cenzi¹, Welison Andrade Pereira¹

¹Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras – Lavras, MG, Brasil.

²Instituto de Ciência e Tecnologia, Universidade Federal de São Paulo – São José dos Campos, SP, Brasil

O perfil transcricional de genótipos sob tratamentos específicos em programas de melhoramento de plantas se consolida como ferramenta indispensável para a compreensão molecular dos patossistemas. Entre as diversas possibilidades técnicas, a adaptação de marcadores moleculares, como o RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), se mostra como estratégia interessante, considerando a relação custo/benefício. Marcadores RAPD contribuem para diferentes objetivos, tendo em vista, sua aplicabilidade imediata, porém, sabe-se de desvantagens associadas à sua utilização. Há no mercado vasta disponibilidade de primers RAPDs, o que causa indecisão no momento de sua escolha. O objetivo deste estudo foi verificar a possibilidade de reduzir a quantidade de primers RAPD a ser utilizada sobre as amostras de um determinado experimento, de modo a privilegiar uma família gênica específica, como por exemplo, proteínas contendo o domínio Leucine-Rich Repeat (LRR). Embora a técnica RAPD tenha por princípio utilizar primers de sequências aleatórias, direcionar as combinações entre estes e as sequências de interesse, sendo elas conhecidas, se mostra interessante, oferecendo economia de tempo e reagentes. Para este fim, obteve-se as CDS (CoDing Segment) baixadas do genoma de *Phaseolus vulgaris* v2.1 do banco de dados Phytozome (v.12.1). Na sequência, realizou-se um BLAST (tblastn, e-value cutoff = 0,01) para sequências contendo domínios Leucine-Rich Repeats (LRR) contra sequências representativas de cada família desse clã (PF13855, PF13516, PF13306, PF00560, PF12799, PF05725, PF14580, PF01030, PF03382, PF07723, PF07725) obtidas na base de dados Pfam. Foram consideradas apenas alinhamentos que apresentassem cobertura de no mínimo 50% das sequências representativas de LRR, possibilitando a identificação de 1.702 CDS. Desse total, sequências redundantes foram excluídas, ficando com 1.318 CDSs. Para usar apenas regiões putativas relacionadas ao peptídeo sinal, considerando que as LRR que interessam no presente momento, são aquelas direcionadas para a membrana plasmática, as quais exigem a presença de um pequeno peptídeo que a direcione para o devido local, selecionamos duas categorias de subfrequências, usando os primeiros 30 nucleotídeos de todos os CDS selecionados e usando somente os 10 primeiros. Essas regiões foram relacionadas a 1.820 primers RAPD, usando Blastn. Os primers foram classificados pela quantidade de CDSs com correspondência de alinhamento significativa. Como resultado, os primers foram elencados tendo por base o grau de identidade entre os primers e os nucleotídeos iniciais das CDSs selecionadas. Considerando os primeiros 30 nucleotídeos, 47 primers se relacionaram a mais de 100 CDSs, enquanto que para o alinhamento dos 10 primeiros nucleotídeos, 19 primers estavam relacionados a mais de 200 CDSs. Testes preliminares sobre DNA genômico indicam que a metodologia é promissora e sua utilização em análises de expressão pode ser bastante produtiva.

Palavras-chave: RAPD; domínio LRR; primers; *Phaseolus vulgaris*

Apoio financeiro: Cnpq

Pretende-se aplicar marcadores RAPD sobre bibliotecas de cDNA obtidas de plantas inoculadas com o patógeno *Colletotrichum lindemuthianum*, a fim de identificar genes candidatos a resistência.

INFLUÊNCIA DE CARACTERES AGRONÔMICOS NA PRODUÇÃO DE MASSA SECA FOLIAR EM HÍBRIDOS DE *Brachiaria* spp.

Beatriz Tomé Gouveia^{1*}; Sanzio Carvalho Lima Barrios²; Cacilda Borges do Valle²; José Aírton Rodrigues Nunes¹

¹Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras- MG, Brasil. ²Embrapa Gado de Corte, Campo Grande –MS, Brasil. *Autor para correspondência: biatgouveia@hotmail.com

Um dos objetivos do programa de melhoramento de *Brachiaria* spp. (syn. *Urochloa* spp.) é a obtenção de cultivares com alta produtividade de matéria seca foliar, em função de sua importância na produção animal. No entanto, a mensuração dessa característica é onerosa em tempo e recursos. Nesse sentido, a realização de seleção indireta para produtividade de matéria seca foliar é de grande utilidade, mas para isso é fundamental a identificação de características altamente correlacionadas e de fácil mensuração. As correlações apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção da associação entre dois caracteres, não dão a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos desses caracteres. Assim, o objetivo desse trabalho foi desdobrar as correlações genéticas em efeitos diretos e indiretos na produção de massa seca foliar via análise de trilha. Em três cortes, dois do período das águas e um do período de seca, foram avaliados 96 híbridos e as cultivares Marandu, Mulato II e Paiaguás. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições e parcelas compostas por cinco plantas. Foram mensurados os seguintes caracteres: peso verde de campo (PVC), matéria seca total (MST), matéria seca foliar (MSF), percentagem de folhas (%F) e capacidade de rebrota final (REB). Os dados foram submetidos às análises via abordagem de modelos mistos, sendo posteriormente estimadas as correlações genéticas entre os caracteres. Multicolinearidade moderada foi identificada na matriz de correlação genotípica, e em função disso, foi adicionada uma constante de 0.05 na diagonal da matriz para realizar a análise de trilha com um único diagrama causal. Na análise conjunta houve diferença entre os cortes ($p < 0,05$) para todos os caracteres. Por meio do teste de razão de verossimilhança ($p < 0,05$) verificou-se variância significativa, diferente de zero, entre os genótipos e interação genótipos x cortes para todas as variáveis avaliadas. As estimativas de correlação genotípica com MSF foram: 0,9197; 0,9215; 0,6787 e 0,3612 com PVC, MST, REB e %F, respectivamente. O coeficiente de determinação estimado foi 0,9446 e o efeito da variável residual na análise de trilha 0,2353, indicando um bom ajuste do modelo. As características PVC, MST, %F e REB apresentaram efeito direto de 0,3268; 0,5423; 0,2560 e 0,0764, respectivamente. Os efeitos indiretos PVC via MST (0,5069), MST via PVC (0,3055), REB via MST (0,2813) apresentaram valores acima do efeito residual. Esses resultados mostram que PVC e MST, com correlações altas e efeito direto favorável com MSF, podem fornecer uma resposta correlacionada por meio da seleção indireta eficiente. Já REB, por não apresentar uma alta resposta direta, a melhor estratégia será a seleção simultânea de caracteres. Contudo, PVC e MST podem ser utilizados diretamente para a seleção de genótipos superiores.

Palavras-chave: análise de trilha; *Urochloa* spp.; correlação genética.

Agradecimentos: UFLA, CNPq, CAPES, FAPEMIG, Embrapa Gado de Corte, Unipasto.

INFORMAÇÃO DE PARENTESCO NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE BATATA PARA O PROCESSAMENTO NA FORMA DE CHIPS

Abel Jamir Ribeiro Bastos¹, Claudio Carlos Fernandes Filho¹, Mario Henrique Murad Leite Andrade¹, Maiara Oliveira Fernandes¹, Carlos Eduardo Silva Santos¹ e César Augusto Brasil Pereira Pinto¹

1 Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil,
E-mail: abel.bastos.ufra@gmail.com;

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é a quinta cultura mais produzida no mundo atrás da cana-de-açúcar, milho, arroz e trigo. Porém se considerarmos que grande parte da cana-de-açúcar não é usada como alimento e a produção de milho é usada principalmente para a alimentação animal, podemos, então, classificar a batata como a terceira cultura mais produzida no mundo destinada à alimentação humana. O Brasil ocupa a 20^a posição no volume de batata produzida com 3,7 milhões de toneladas e produtividade média de 27,8 t/ha, muito abaixo de países como a Holanda com 43,6 t/ha. Um dos motivos da baixa produtividade média brasileira é devido à problemas fitossanitários e a falta de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas, principalmente sob períodos de altas temperaturas. No Brasil, a maioria das cultivares utilizadas pelos produtores são de países do hemisfério norte de clima temperado. O objetivo deste trabalho foi avaliar genótipos de batata oriundos de cruzamentos dialélicos, entre genitores com aptidão para serem utilizados pela indústria de batata chips quanto a produção de matéria seca por hectare (t/ha) sob condição de temperaturas altas durante a safra de verão. Foram avaliados 493 genótipos em delineamento de blocos aumentados com duas testemunhas, Atlantic e CBM 16-16 sendo a primeira, a cultivar mais utilizada para o processamento na forma de chips e a segunda tolerante ao calor. Para estimar a produção total de matéria seca por hectare foi usada uma relação entre o peso específico de tubérculos e a produção por planta de tubérculos comercializáveis (diâmetro>45mm). Foram feitas análises considerando a informação de parentesco entre os clones e sem considerar esta informação. Observou-se que, os dados foram melhor ajustados ao modelo em que se considera a informação de parentesco pelo teste de máxima verossimilhança (LRT), sendo este modelo significativo a 1%. Ao comparar a variância do erro de predição (PEV) entre os dois modelos, é observada uma redução, sendo o modelo com parentesco 0,2641 e 0,7572 sem parentesco. Com relação ao ranqueamento dos genótipos, foi observada uma correlação de 47% pelo método de Spearman, mostrando que houve grande diferença entre os dois modelos. Para acurácia seletiva, não houve grande diferença, sendo que o modelo com a informação de parentesco apresentou valor um pouco mais elevado (47%) se comparado ao segundo (41%), isso se deve ao fato de que ao se incorporar a informação de parentesco a variância genética observada é aquela herdada de uma geração para outra, portanto as predições são os *breeding value* dos genótipos. Sendo assim, a informação de parentesco deve ser utilizada em programas de melhoramento de batata, principalmente no início do programa onde se avalia muitos genótipos empregando-se delineamentos de blocos incompletos.

Palavras-chave: melhoramento vegetal, dialélico, *Solanum tuberosum*.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG.

INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES NA AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE FEIJÃO CARIOCA

Felipe Vicentino Salvador^{1,2}; Rafael Silva Ramos dos Anjos¹; Tiago de Souza Marçal¹; Pedro Crescêncio Souza Carneiro¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Biologia Geral, Viçosa - MG, Brasil

² Autor para correspondência: felipe.vicentinos@gmail.com

O comportamento diferenciado de genótipos ao longo dos ambientes em que são avaliados se deve à interação genótipos x ambientes (GxA). A interação GxA pode ser decomposta na fração simples, que decorre da diferença de variabilidade genética entre os ambientes; e complexa, que tem como causa adicional a falta de correlação entre os genótipos avaliados nos dois ambientes. Esta última dificulta a prática da seleção e a recomendação de genótipos, visto que leva à alteração de sua classificação nos diferentes ambientes. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi quantificar e decompor a interação genótipos x ambientes em progênies endogâmicas de um programa de seleção recorrente de feijão carioca, em suas partes simples e complexa. Para tanto, 380 progênies endogâmicas foram avaliadas nas gerações F_{2:3} e F_{2:4}, nas safras do inverno de 2012 e da seca de 2014, respectivamente. Foram incluídas 20 testemunhas comuns nos dois ensaios, ambos realizados no campo experimental da Universidade Federal de Viçosa, em Coimbra-MG. O delineamento utilizado foi látice quadrado 20x20, com duas repetições. Foi avaliada em cada parcela a produtividade de grãos (PROD), em kg.ha⁻¹, e a arquitetura de plantas (ARQ), por meio de escala de notas de 1 a 5, com menores notas referentes a parcelas com plantas mais eretas e de inserção da primeira vagem mais alta e notas mais elevadas atribuídas a parcelas com plantas mais prostradas e baixa inserção da primeira vagem. As análises individuais e conjunta foram realizadas para obtenção das médias corrigidas e da significância do efeito da interação GxA, respectivamente. Para a decomposição da interação GxA, nas partes simples e complexa, foi utilizada a expressão sugerida por Cruz e Castoldi (1991). Todos os procedimentos estatísticos foram realizados com o auxílio do Selegen REML/BLUP. Com base na análise conjunta, houve efeito de progênies e da interação GxA, tanto para PROD quanto ARQ. Pela decomposição da interação GxA, observou-se predominância da fração complexa, sendo 76,75% para PROD e 66,95% para ARQ, indicando que a seleção de progênies deve se basear nas informações dos dois ambientes. Neste sentido, índices de seleção que contemplem a interação GxA devem ser utilizados.

Palavras-chave: Interação GxA; *Phaseolus vulgaris*; seleção recorrente.

Apoio financeiro: agradecemos ao CNPq, CAPES e FAPEMIG pela concessão de bolsas.

MODELAGEM DO COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS DE SORGO SACARINO EM DIFERENTES ÉPOCAS DE COLHEITA

Mayra Luiza Costa Moura¹; Talieisse Gomes Fagundes²; Michael David Batista Luaemar de Oliveira³; Thiago Tavares Botelho⁴; Rafael Augusto da Costa Parrella⁵; José Airton Nunes Rodrigues⁶

¹Graduanda em Agronomia – UFLA/Lavras – MG/Brasil – email:mayraluizacm@hotmail.com; ²Mestranda em Genética e melhoramento de plantas- UFLA/ Lavras – MG/ Brasil ; ³Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas; ⁴Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas- UFLA/ Lavras – MG/ Brasil; ⁵Pesquisador Embrapa Milho e Sorgo – EMBRAPA/Sete Lagoas – MG/Brasil. ⁶Professor Adjunto do Departamento de Biologia – UFLA/Lavras – MG/Brasil

O sorgo sacarino (*Sorghum bicolor*) é uma cultura bioenergética alternativa e complementar à cultura da cana-de-açúcar para produção de etanol, especialmente no período de entressafra. O estudo da época de colheita faz-se importante para o planejamento agroindustrial, visando a correta tomada de decisões. O objetivo deste trabalho foi descrever por meio de modelos de regressão o comportamento de genótipos de sorgo sacarino em diferentes épocas de colheita. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento Tecnológico em Agropecuária - Muquém, pertencente à Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras-MG, durante a safra 2016/2017. Foram avaliados dez genótipos de sorgo sacarino: BRS 508, CMSXS643, CMSXS646, CMSXS647, CV198, 201549B014, 201610B033, 201610B081, 201610B095 e TestSS. As parcelas foram formadas por oito fileiras de cinco metros, espaçadas em 0,6 m. Os cortes realizados em oito épocas após a semeadura ou plantio (100, 107, 114, 121, 128, 135, 142, 149 DAP). Os caracteres avaliados foram: altura (ALT), produção de massa verde (PMV, t/ha), extração de caldo (EXT), teor de sólidos solúveis totais (SST, °brix) e toneladas de brix por hectare (TBH). Os dados foram submetidos à análise de variância, sendo as médias dos genótipos agrupadas pelo teste de Scott-Knott. O efeito de época foi descrito via regressão linear e quadrática. Houve diferença significativa entre os genótipos ($P < 0,001$) para todos os caracteres. O efeito de época foi significativo ($P < 0,01$) para EXT e SST. Em geral, houve redução da porcentagem de caldo extraído a uma taxa linear ao longo das épocas. Com relação ao SST, o comportamento dos genótipos foi mais variável. Destaca-se o incremento no SST com o avanço dos dias para a colheita, com exceção dos genótipos 201610B033 e TestSS. O comportamento quadrático foi mais evidente para a maioria dos genótipos para SST, contudo alguns destes não atingiram um teor de SST máximo.

Palavras-chave: *Sorghum bicolor*; curva de maturação, época de colheita

Apoio financeiro: FAPEMIG, CAPES, CNPq, Embrapa Milho e Sorgo.

NÃO-PREFERÊNCIA DE *HELICOVERPA ARMIGERA* POR GENÓTIPOS DE TOMATEIRO OBTIDOS DO CRUZAMENTO DO TOMATEIRO COM *SOLANUM GALAPAGENSE*

Alex Antonio da Silva¹; André Ricardo Zeist²; André Gabriel³; Ricardo Antônio Zeist⁴; Juliano Tadeu Vilela de Resende⁵; Wilson Roberto Maluf⁶

¹Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. E-mail: alex.antonio.silva27@gmail.com ;

²Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), Universidade Federal de Lavras, UFLA/Lavras-MG/Brasil;

³Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil.

⁴Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil;

⁵Professor Associado – Departamento de Agronomia -UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil;

⁶Professor Associado – Departamento de Agricultura -UFLA/Lavras-MG/Brasil.

A lagarta *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae) é um inseto-praga de ocorrência recente no Brasil, causando perdas na produção de tomate nos estados do Espírito Santo e Goiás. O controle químico ainda é a principal tática para o seu controle em todo o mundo. Uma alternativa promissora ao uso de agroquímicos é o desenvolvimento de cultivares resistentes pelos programas de melhoramento, os quais tem procurado introgridir a resistência presente nos acessos silvestres no tomateiro cultivado. Por isso, o objetivo neste trabalho foi verificar o nível de resistência pelo mecanismo de não-preferência da lagarta *H. armigera* por genótipos da população F₂, obtidos a partir do cruzamento (*S. lycopersicum* ‘TOM-684’ x *S. galapagense* ‘LA-1401’) e selecionados para alta e baixa densidade de tricomas glandulares do tipo IV. O bioensaio foi montado 65 dias após a clonagem de três genótipos selecionados para alta densidade de tricomas do tipo IV (BPX-486-17, BPX-486-10 e BPX-486-46), do acesso LA-1401, do genótipo BPX-486-313 selecionado para baixa densidade desse tipo de tricoma e sementeira das testemunhas comerciais Santa Clara e TOM-584. Foliolos das plantas de tomateiro foram dispostos em círculo, com a face abaxial voltada para cima, equidistantes entre si, formando uma arena, em placas de Petri de 15 cm de diâmetro. No centro de cada placa foram liberadas 24 lagartas de *H. armigera*, com quatro dias de idade, provenientes da criação de manutenção. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com sete genótipos de tomateiro e 18 repetições. As avaliações foram realizadas 12, 24, 36 e 48 horas após a liberação dos insetos, através da contagem de lagartas, presentes sobre cada folíolo de tomateiro. Também foi avaliada a área foliar consumida (%), por meio de notas visuais de injúrias. Em todas as avaliações observou-se número significativamente menor de lagartas sobre os folíolos dos genótipos de tomateiro selecionados para alta densidade de tricomas do tipo IV (BPX-486-17, BPX-486-10, BPX-486-46) e sobre o acesso LA-1401, quando comparados ao genótipo BPX-486-46-313 e às testemunhas comerciais Santa Clara e TOM-584 com baixa densidade de tricomas do tipo IV. Os genótipos com alta densidade de tricomas do tipo IV também apresentaram significativamente menores notas visuais de consumo em relação aos genótipos com baixa densidade de tricomas do tipo IV. Correlações lineares estimadas do número de lagartas e da nota visual de consumo foliar com a densidade de tricomas do tipo IV, da face abaxial dos folíolos dos genótipos foram todas altas e negativas, o que indica a ocorrência da associação entre a maior densidade de tricomas do tipo IV, sobre os folíolos dos genótipos de tomateiro, a maiores níveis de resistência do tipo não-preferência para alimentação de lagartas *H. armigera*.

Palavras-chave: Manejo integrado de pragas, acessos silvestres, seleção indireta, apêndices foliares.

Apoio: CAPES, FAPEMIG e CNPq.

PARÂMETROS GENÉTICOS E AMBIENTAIS DE CARACTERÍSTICAS ANATÔMICAS DO LIMBO FOLIAR DE PROGÊNIES CAFEEIRAS

¹ Pauliana Cristina Zito; Mariana Thereza Rodrigues Viana²; Harianna Paula Alves de Azevedo³; Janine Magalhães Guedes⁴; Nagla Maria Sampaio de Matos⁵; Rubens José Guimarães⁶.

1. UFLA; Graduando em Agronomia; DAG; UFLA; MG; Brasil; pauliana.zito@gmail.com
2. UFLA; Doutoranda em Fitotecnia; DAG; Lavras; MG; Brasil.
3. UFLA; Mestranda em Fitotecnia; DAG; Lavras; MG; Brasil.
4. UFLA; Bolsista de Pesquisa INCT Café; DAG; Lavras; MG; Brasil.
5. UFLA; Doutoranda em Fitotecnia; DAG; Lavras; MG; Brasil.
6. UFLA; Professor Titular; DAG; Lavras; MG; Brasil.

A estimativa de parâmetros genéticos é de grande importância no estudo da diversidade genética de populações, pois, permite conhecer o controle genético dos caracteres avaliados, e o potencial da população para o melhoramento fazendo inferências sobre a predição de ganhos com a seleção. Dessa forma, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos e ambientais em progênies de café resistentes à ferrugem do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, para um conjunto de características anatômicas do limbo foliar. Foram coletadas folhas de 15 progênies de café do cruzamento entre *Dilla e Alghe* e Híbrido de Timor, pertencentes ao grupo dos resistentes à ferrugem, do Banco de Germoplasma de Minas Gerais, localizado em Patrocínio-MG, pertencente a EPAMIG. As coletas foliares foram realizadas no terceiro ou quarto par de folhas completamente expandidas dos ramos plagiotrópicos situados no terço médio das plantas. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado, com 3 repetições considerando cada folha como uma repetição. As seções transversais foram obtidas com a utilização de um micrótomo de mesa do tipo LPC. Foram avaliadas as características anatômicas: espessura da cutícula da face adaxial (CUT), espessura da epiderme da face abaxial (EAB), espessura da epiderme da face adaxial (EAD), espessura do parênquima paliçádico (PPA) e espessura do parênquima esponjoso (PEP). Os dados foram submetidos a análise de variância pelo teste F a 5% de probabilidade. A partir dos componentes de variância, foram estimados para cada característica os seguintes parâmetros: coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}); coeficiente de variação genético (C_{Vg}); índice de variação (IV), que corresponde a razão entre o coeficiente de variação genético (C_{Vg}) e o coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}) e herdabilidade (h²). Para as análises estatísticas foi utilizado o programa GENES. Houve diferença significativa entre as progênies a 5% de probabilidade pelo teste F para a característica PPA e a 1% de probabilidade para as características CUT, EAB, PEP. O coeficiente de variação experimental (C_{Ve}) variou de 7,8% para a característica EAD a 22,84% para a característica CUT indicando uma maior influência do ambiente sobre a última característica e uma boa precisão experimental. O coeficiente de variação genética variou de 0,91% para EAD a 20,59% para CUT, coeficientes maiores que 7% são considerados altos. Observou-se valores de índice de variação de 0,54 a 1,73 para EAD e EAB respectivamente, coeficiente maiores que 0,7 são considerados favoráveis no processo de seleção. A herdabilidade estima quanto do valor fenotípico representa o valor genotípico, assim, valores de herdabilidades maiores que 0,5 são considerados altos. Apenas a característica EAD não apresentou herdabilidade maior que 50%. Conclui-se que características anatômicas foliares podem ser favoráveis na seleção de progênies resistentes à ferrugem em programas de melhoramento genético do cafeeiro.

Palavras Chave: Anatomia foliar; Ferrugem do cafeeiro; *Coffea arabica*.

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS COM DIFERENTES ÍNDICES DE SELEÇÃO NA POPULAÇÃO DE MILHO UFVM200

¹Luiz Silva Luz, Diego Gonçalves Caixeta, Sirlene Viana de Faria, Leandro Tonello Zuffo; Mateus Cupertino Rodrigues, Rodrigo Oliveira DeLima

¹Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia, Viçosa-MG

Para obtenção de cultivares superiores é necessário que os genótipos reúnam uma série de atributos favoráveis que lhes confirmem rendimentos comparativamente mais elevados. Na cultura do milho, há interesse por material que apresente elevada produtividade, precocidade e baixa estatura de planta. Desse modo, em programa de seleção recorrente, a escolha de progênies para recombinação deve considerar a seleção simultânea de caracteres, o que é possível por meio do uso de índices de seleção. O objetivo deste trabalho foi empregar índices de seleção na identificação de progênies de milho mais promissoras para produtividade de grãos, precocidade, altura de plantas e de espiga na população de milho UFVM200. Para isso, 119 progênies de meios-irmãos da população de milho UFVM200 foram avaliadas, na safra de 2014/2015, na área experimental da Horta Nova da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de cinco metros, espaçadas em 0,80 m. Tratos culturais realizados de acordo com as recomendações técnicas para cultura do milho na região. Os caracteres avaliados foram: florescimento feminino (FF, dias), florescimento masculino (FM, dias), altura de plantas (AP, m), altura de espiga (AE, m) e produtividade grãos (PG, kg ha⁻¹). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância. Realizou-se o uso de índices de seleção para a seleção de progênies superiores para a produtividade de grãos e com médias inferiores para altura de plantas e espigas e quantidade de dias para florescimento masculino e feminino (seleção para precocidade). Utilizou-se os índices de seleção: índice Z, com base no somatório de variáveis padronizadas, índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e o proposto por Mulamba e Mock (1978). Os três índices foram usados sem e com a utilização de coeficiente de variação genético (CVg) como peso econômico. Utilizou-se intensidade de seleção de 10%. Houve efeito significativo ($P < 0,01$) para todos os caracteres, indica a existência de variabilidade genética nessa população. O experimento apresentou acurácia que variou de 0,66 a 0,71, ou seja, de moderada a alta precisão experimental. Observa-se que a utilização do CVg como peso econômico no índice de seleção Z, os ganhos de seleção estimados foram de -0,95, -1,38, 3,09, -3,01, -4,48 e de Mulamba e Mock (1978), -0,48, -0,81, 3,30, -2,18, -4,59 para FM, FF, PG, AP e AE respectivamente. Apenas para estes dois índices, a utilização de CVg como peso econômico levou a ganhos preditos favoráveis para todos os caracteres analisados. Os ganhos com sinal negativo indicam a redução da média e os números positivos, aumento da média dos caracteres. Conclui-se que os índices Z e de Mulamba e Mock (1978) com a utilização de CVg como peso econômico, proporcionam ganhos favoráveis em todos os caracteres avaliados na população de milho UFVM200.

Palavras-chave: Índices de seleção; *Zea mays* L.; peso econômico.

PREDIÇÃO DO DESEMPENHO DE HÍBRIDOS NÃO REALIZADOS

Isabela de Castro Sant'Anna¹; Gabi Nunes Silva²; Laís Mayara Azevedo Barroso²; Antônio Carlos da Silva Júnior¹; Cosme Damião Cruz³;

¹ Doutorando do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, UFV/Viçosa – MG/Brasil, isabelacsantanna@gmail.com; ² Doutorando do curso de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, Universidade Federal de Viçosa, UFV/Viçosa – MG/Brasil; ³ Professor Titular do Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, UFV/Viçosa – MG/Brasil;

A seleção de genitores para produção de híbridos é uma etapa crucial de um programa de melhoramento e define o potencial de sucesso no desenvolvimento de uma cultivar superior. Neste contexto, a utilização de seleção genômica (GS), que permite a predição de indivíduos que ainda não tiveram seus fenótipos coletados, é uma alternativa viável e promissora. A acurácia do processo preditivo depende, fundamentalmente, de representatividade da população utilizada no treinamento em relação à população de validação. Em alguns programas tem-se, como população de treinamento, um grupo de g linhagens e, como população de validação, o conjunto de h híbridos possíveis de ser estabelecidos entre pares de genitores ($h = g(g-1)/2$). Assim, tais populações diferem quanto à variabilidade, níveis heterótico e representatividade genotípica. Outro problema é que o número h pode ser relativamente elevado e, em termos práticos, somente alguns híbridos serão estabelecidos apesar de haver interesse sobre os demais, denominados de híbridos não realizados. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência da GS na predição do valor genético de híbridos não realizados por meio do enriquecimento da população de genitores (treinamento) com alguns dos híbridos supostamente com alta complementação gênica. Foi simulado um conjunto de 100 linhagens, genotipadas em relação a 1000 SNPs, e geradas informações genotípicas em relação a 4950 híbridos oriundos do inter cruzamento de todos os pares de linhagens. Os dados fenotípicos dos genitores e alguns híbridos foram simulados adotando-se três modelos: modelo aditivo, aditivo-dominante e epistático, e considerando as situações: dominância parcial e dominância completa. Foram simulados caracteres quantitativos com herdabilidades (h^2) de 30 e 60%, controlados cada um por 20 locos, sendo dois alelos por loco, totalizando seis cenários. Para avaliar a capacidade de preditiva (CP) do modelo (RRBLUP) foi utilizado duas estratégias. Na primeira, o treinamento foi realizado utilizando apenas os dados das g linhagens para fins da predição dos h futuros híbridos. Na segunda, foi realizado o treinamento envolvendo dados de g linhagens enriquecidos com informações de h' ($h' = 625$) híbridos formados pelo dialelo parcial envolvendo 50 genitores (25 em cada grupo, representando os mais e menos produtivos da curva de distribuição de cada variável analisada). O quadrado da correlação entre o GBV verdadeiro e valor genético simulado foi utilizado para medir a CP, independente da estratégia utilizada para estimar os efeitos. Os resultados indicam que a predição de híbridos não realizados é um procedimento eficaz. Também indicam que incorporar alguns híbridos no conjunto de dados treinamento (dados de treinamento enriquecido) melhora a acurácia do processo preditivo em média de 5%. Para a característica de controle gênico apenas aditivo, a acurácia passou de 0,19 para 0,25, e para a característica mais complexa, com efeito epistático, passou de 0,30 para 0,39.

Palavras-chave: GS; Seleção de genitores; acurácia

Apoio: CNPq, CAPES e FAPEMIG

REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A *Podospaera xanthii*

Anânkia de Oliveira Ricarte^{1*}; Adriano Ferreira Martins¹; Alcileide Vieira Barreto¹; Elaine Welk Lopes Pereira Nunes²; Carla Caroline Alves Pereira¹; Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi árido, Departamento de Ciências Vegetais, Mossoró-RN, Brasil;

²Universidade Federal Rural do Semi árido, Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Pau dos Ferros-RN; Brasil;

*anankiaricarte@gmail.com

O meloeiro (*Cucumis melo*) é uma das espécies economicamente mais importantes em todo o mundo. A cultura é suscetível a vários estresses bióticos e abióticos, dentre eles, o oídio, uma doença fúngica causada principalmente pela espécie *Podospaera xanthii*. O desenvolvimento do fungo sobre a folha reduz a taxa fotossintética da planta, limitando a produção e a qualidade dos frutos de melão. O método mais indicado para controlar o patógeno é o uso de cultivares resistentes. A existência de muitas raças na população de *P. xanthii* reduz a durabilidade dos cultivares, o que torna necessário encontrar novas fontes de resistência no germoplasma disponível. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi identificar acessos de melão resistentes a *P. xanthii*. O experimento foi conduzido em casa-de-vegetação, na Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), na cidade de Mossoró-RN, de Junho a Julho de 2017. A temperatura média da casa-de-vegetação e a umidade relativa do ar foi de 33,4°C e 49,6%, respectivamente. Foram avaliados 46 acessos de meloeiro que compõem a coleção ativa de germoplasma da UFERSA, os quais foram semeados em vasos plásticos de 1L contendo a mistura na proporção 1:1 de solo e substrato comercial (Topstrato[®]). O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado com cinco repetições. A inoculação foi feita aos 25 dias após a semeadura, na terceira folha verdadeira de cada uma das plantas, com o depósito de uma pequena quantidade (<2g) de partes do fungo com o auxílio de um palito de dente. A avaliação ocorreu 10 dias após a inoculação, com auxílio de uma lupa (10X), observando-se o desenvolvimento de micélio, conidióforos e conídios do isolado do fungo. Foi empregada uma escala de notas que varia de 1 a 4, em que: Nota 1: sem colonização e reprodução do patógeno; Nota 2: pequeno crescimento de micélio e de conidióforos e cadeias curtas de conídios; Nota 3: crescimento de micélio, poucos conidióforos e cadeias longas de conídios; Nota 4: crescimento abundante de micélio, grande quantidade de conidióforos e cadeias longas de conídios. Os dados foram avaliados de acordo com o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis, com nível nominal de significância de 5% de probabilidade ($\alpha = 0,05$). A análise foi realizada utilizando o Software R Versão 3.4.2. Os acessos AC-02, AC-32 e AC-59 foram identificados como resistentes, podendo ser úteis como fontes de resistência em programas de melhoramento contra *P. xanthii*.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; Germoplasma; *Podospaera xanthii*; Resistência.

REDE DE SIMILARIDADE PARA INFERÊNCIA SOBRE O PADRÃO DE INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE

Gabi Nunes Silva^{1*}; Isabela de Castro Sant'Anna²; Laís Mayara Azevedo Barroso¹; Antônio Carlos da Silva Junior²; Cosme Damião Cruz²

¹Universidade Federal de Viçosa; Campus Viçosa; Departamento de Estatística; Viçosa; Minas Gerais, Brasil.

²Universidade Federal de Viçosa; Campus Viçosa; Departamento de Biologia Geral; Viçosa; Minas Gerais, Brasil.

*Email: gabi.nunessilva@yahoo.com.br

Nos programas de melhoramento genético, a avaliação da interação genótipo x ambiente ($g \times a$) é de suma importância, uma vez que a manifestação fenotípica é o resultado não somente da ação do genótipo sob influência do meio, mas também da interação destes. Para a avaliação de tais efeitos, diversas metodologias têm sido propostas seguindo os princípios de estratificação ambiental ou de análises de adaptabilidade e estabilidade baseadas em regressão linear simples, múltipla, análises não-paramétricas, dentre outras. Apesar de amplamente empregadas, quando aplicadas isoladamente, tais metodologias apresentam algumas limitações como o fato de, em geral, não informarem sobre interações específicas de genótipos com ambientes, além de serem de difícil interpretação. Nesse sentido, o uso de metodologias que avaliem simultaneamente genótipos e ambientes, por meio de análises de similaridade e com o auxílio da visualização gráfica, representa uma alternativa bastante útil para estudos de interação $g \times a$. Atualmente já existem metodologias que tratam da avaliação conjunta de genótipos e ambientes, tais como o método de AMMI e análise de fatores. O objetivo deste trabalho foi propor uma nova metodologia denominada Rede de Similaridades, também baseada em análises de similaridade e construída em analogia às Redes de correlações, como técnica simples e exploratória do padrão de similaridade entre genótipos e ambientes, implementada de modo a fornecer ao pesquisador uma análise gráfica que induza à organização, por zoneamento, dos ambientes avaliados e à informação da adaptação dos genótipos a regiões específicas. O estudo envolveu a avaliação de g genótipos avaliados em a ambientes, cuja similaridade foi estruturada numa matriz de dimensão $(g + a) \times (g + a)$ envolvendo dois blocos diagonais $R_{g \times g}$ e $R_{a \times a}$ e a informação $R_{g \times a} = R'_{a \times g}$. Os blocos diagonais foram construídos segundo dois princípios: o primeiro deles baseado na matriz de correlação de Pearson e o segundo baseado em distâncias de Gower. Fora da diagonal, os dados foram normalizados de forma que, em cada ambiente, o valor máximo tornou-se igual a 1 e o mínimo igual a 0. Utilizaram-se dados de produtividade de arroz de experimentos instalados em três locais (Fazenda Experimental de Gorutuba no município de Nova Porteirinha; Fazenda Experimental de Goiânia da Embrapa Arroz e Feijão e na Fazenda Experimental de Leopoldina), testando 25 genótipos, dos quais cinco eram cultivares comerciais (Rio Grande, Ourominas, Seleta, Predileta e Rubelita). As representações gráficas fornecidas pelas Redes de Similaridade propostas facilitaram o reconhecimento do padrão de interação $g \times a$ dos genótipos de arroz avaliados. Os resultados revelaram ainda concordância entre as discriminações dos grupos obtidos pelas Redes de Similaridade propostas e o Método já consolidado de AMMI, demonstrando que o uso de métodos baseados em redes de similaridades apresenta-se como ferramenta útil para estudos de interação $g \times a$.

Palavras-chave: Rede de correlações; similaridade; zoneamento; recomendação.

Apoio financeiro: FAPEMIG, CAPES e Cnpq.

RESISTÊNCIA A *HELICOVERPA ARMIGERA* EM GENÓTIPOS F₂RC₁ DE TOMATEIRO OBTIDOS DO CRUZAMENTO DE *SOLANUM LICOPERSYicum* COM *SOLANUM HABROCHAITES*

André Gabriel¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende²; André Ricardo Zeist³; Ricardo Antônio Zeist⁴; Cristhiano Kopanski Camargo⁵; Alex Antonio da Silva⁶

¹Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. E-mail: andre.gb85@hotmail.com.br;

²Professor Associado – Departamento de Agronomia -UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil;

³Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), Universidade Federal de Lavras, UFLA/Lavras-MG/Brasil;

⁴Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil;

⁵Bolsista Pós-Doutorado PNPB/CAPES Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil;

⁶Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil.

Entre as pragas que causam danos a cultura do tomateiro, destaca-se a lagarta da *Helicoverpa armigera*, que se alimenta tanto dos órgãos vegetativos como reprodutivos das plantas. Atualmente nos programas de melhoramento tem-se buscado incorporar ao tomateiro cultivado a resistência a pragas encontrada em acessos de espécies silvestres de tomateiro, que consiste na obtenção de resistência genética por meio de cruzamentos interespecíficos, com uso de genótipos com altos teores de compostos provenientes do metabolismo secundário, entre esses compostos destaca-se o zingibereno (ZGB). Objetivou-se com este trabalho avaliar genótipos de tomateiro (F₂RC₁) com altos teores de ZGB quanto a resistência a *H. armigera*. Para isso foram avaliados genótipos (F₂RC₁) selecionados com altos teores de ZGB obtidos do cruzamento interespecífico entre a cultivar Redenção (características para processamento, baixos teores de ZGB e sensível ao ataque de pragas) e o acesso silvestre *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* acesso PI-127826 (com altos teores de ZGB nos folíolos). O experimento foi conduzido em casa-de-vegetação no ano agrícola 2016 em delineamento experimental inteiramente casualizado com 10 repetições. As lagartas de *H. armigera* foram alimentadas com discos foliares da parte mediana das plantas de quatro genótipos F₂RC₁ selecionados com altos teores de ZGB mais os parentais ('Redenção' e 'PI-127826'). Foram avaliados massa (em g) e comprimento (em mm) das lagartas de *H. armigera* e a área foliar consumida (em cm²) após 48 horas de exposição a *H. armigera*. Verificou-se no genótipo RVTZ-2011-pl#117 selecionado com altos teores de ZGB redução na massa, comprimento e consumo de área foliar sem diferir do parental silvestre 'PI-127826'. Ao contrário na cultivar 'Redenção' observou os maiores valores de massa, comprimento da *H. armigera* e área foliar consumida. Enquanto os genótipos RVTZ-2011-pl#185, RVTZ-2011-pl#335 e RVTZ-2011-pl#503 selecionados com altos teores de ZGB foram verificados desempenho intermediário, mas interferiram em menor intensidade na massa, comprimento e consumo de área foliar das lagartas pelo mecanismo de antibiose, com resultados superior a cultivar comercial 'Redenção'. Dessa forma, conclui que os genótipos de tomateiro da geração F₂RC₁ selecionados com altos teores de zingibereno obtidos do cruzamento interespecífico de *Solanum lycopersicum* x *Solanum habrochaites* var. *hirsutum* PI-127826 são promissores para avanços na obtenção de linhagens de tomateiro com resistência à lagarta *Helicoverpa armigera*, tanto pelo mecanismo de antibiose e antixenose.

Palavra-chave; melhoramento genético, hortaliças, antibiose, antixenose.

Apoio: Fundação Araucária, CNPq e Capes.

RESISTÊNCIA À OÍDIO EM HÍBRIDOS DE ABOBRINHA

Nathalia Campos Vilela Resende¹; João Vitor Nomura²; Jessica Figueiredo Rezende³; Régis de Castro Carvalho⁴; Wilson Roberto Maluf⁵

- 1- Graduanda em Agronomia 8º período UFLA Departamento de Agricultura nathcvr@gmail.com Lavras, MG
- 2- Mestrando em Melhoramento de Plantas UFLA, Departamento de Biologia, Lavras, MG
- 3- Doutoranda em Melhoramento de Plantas UFLA Departamento de Biologia, Lavras, MG
- 4- Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas UFLA Departamento de Biologia, Lavras, MG
- 5- Professor Departamento de Agricultura

A abobrinha (*Cucurbita pepo* L.), conhecida no Brasil como abóbora de moita, abobrinha italiana, abobrinha de tronco, é uma das dez hortaliças de maior valor econômico e com maior produção nacional, principalmente no eixo Centro Sul do país. De acordo com o último levantamento do IBGE (2006), foram produzidas aproximadamente 160 mil toneladas, sendo a região sudeste responsável por grande parte da produção, em torno de 67% da produção do país. Uma das doenças que mais afeta a cultura dessa hortaliça é o oídio. Esta é uma doença fúngica causada por *Sphaerotheca fuliginea*. A severidade da infecção está condicionada ao clima, à espécie e à cultivar. Os sintomas da doença caracterizam-se pela presença de uma massa branca pulverulenta, formada por micélio, conidióforos e conídios do patógeno, podendo ocorrer em todos os tecidos das hastes, pecíolos e folhas, sendo essas as mais afetadas. Desse modo, foram testadas seis cultivares diferentes, sendo três híbridos comerciais (Alanis e Alicia da Sakata e PX-7051 da Seminis) e três híbridos desenvolvidos dentro do Programa de Melhoramento de Hortaliças da Universidade Federal de Lavras (AB-HE-15, AB-HE-12, AB-HE-17). Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com 3 repetições, cada parcela contendo 10 plantas. A avaliação com relação à incidência de oídio nas folhas se deu por meio de notas de 0 a 5, sendo 0 sem incidência e 5 lesões coalescentes ou com folhas secas e/ou mortas nas folhas do terço médio e terço superior. Esses genótipos foram submetidos a seis avaliações, a cada sete dias, sendo a primeira iniciada 40 dias após a semeadura. Após as avaliações foi calculada a área abaixo da curva, que corresponde à evolução da doença na planta. Posteriormente, os dados foram analisados e para comparação das médias foi utilizado o teste Scott Knott. As cultivares Alanis e Alicia foram as melhores, apresentando menor incidência da doença, não diferenciando entre si. A cultivar PX-7051 apresentou resultado intermediário, enquanto os híbridos AB-HE-12, AB-HE-15, AB-HE-17 apresentaram maior incidência da doença. Esses resultados podem ser explicados devido ao hábito de crescimento dessas plantas. As cultivares Alanis e Alicia possuem porte mais ereto (moita), enquanto os híbridos que tiveram menor desempenho apresentam crescimento não ereto (rasteiro). Esse fato pode ser explicado pelo fato de que a disposição das folhas em plantas de hábito prostrado facilita a dispersão da doença, além de poder propiciar um ambiente mais favorável ao desenvolvimento do oídio (alta temperatura e baixa umidade), quando comparado com plantas de hábito de moita.

Palavras chaves: Abobrinha, Oídio, Resistência

Apoio: Hortiagro, Cnpq, Fapeming

SCREENING FOR WHITE MOLD RESISTANCE IN COMMON BEAN USING PATHOGEN PROGRESSION RATE

Raoni Gwinner¹; Antonio Carlos Mota Porto^{2*}; Fernanda Souza Lopes²; Rafael Novais de Miranda²;
Welison Andrade Pereira²; Luciana Aparecida Miguel²; Moacir Pasqual¹; João Bosco dos Santos²

¹ Department of Agriculture, Federal University of Lavras, Lavras – MG, Brazil;

² Department of Biology, Federal University of Lavras, Lavras – MG, Brazil;

*porto.antonio@outlook.com

Sclerotinia sclerotiorum (White mold) can be considered a major pathogen for common beans, causing expressive yield losses worldwide. There are many methods available to detect resistance variation in common bean genotypes. Nevertheless, most of them consider a singular time of evaluation, regardless the differences in the pathogen growing rate according to the host. The aim of this project was to measure *S. sclerotiorum* lesion progression rate determining the most suitable time of evaluation based on the quality of the generated data. To measure lesion formation, we infected 12 common bean genotypes with a single *S. sclerotiorum* aggressive isolate, using a randomized block design with nine independent biological replicates of each plant genotype. Leaflets were placed on 1% phytoagar flats with humidity domes on top. Plugs were collected from mature (2 weeks old) *S. sclerotiorum* cultures (PDA media) and placed in the detached leaflets at room temperature with 24h light. Control leaves were mock-inoculated with sterile PDA media plugs. All leaflets infections were photographed at 60, 84, 108, 132 and 156 hours post inoculation for downstream image analysis. The lesion areas were measured using the EBImage and CRImage packages in the R statistical environment. ANOVA was done for each evaluation time and the area under the disease progression curve - AUDPC for each lineage was calculated. The evaluation time that provided higher quality data, was 132 after inoculation, which presented accuracy of 0.80 and heritability of 64.5. The evaluation at 156 hours presented accuracy of 0.78 and heritability of 61.1. Only in these two evaluations the normality of the errors was detected by the Shapiro-Wilk test. The lowest AUDPCs values were observed for genotypes 64/9 (216.2) and 56/0 (290.1) and higher values for the genotypes 61/12 (890.3) and 64/8 (1137.1). Comparing generated AUDPCs of the genotypes by the detached leaves assay and the straw test, there was a positive and a low Spearman correlation (0.203). The detached leaves assay can be used to screen common bean germplasm for white mold resistance. However, it can bring distinct inferences when compared to other phenotyping methods. Unmatched results from distinct methods suggest variation in the defense related mechanisms according to plant tissue. In order to reach a better germplasm characterization, we assume that multiple methods can be used to determine common bean resistance to white mold.

Keywords: Leaf spot method; *Phaseolus vulgaris* L.; Phenotyping; White mold

Acknowledgments: Capes, CNPq

SELEÇÃO CLONAL PRECOCE DE HÍBRIDOS DE *Eucalyptus spp.* COM BASE NA PRODUTIVIDADE DE MADEIRA

Caio Varonill de Almada Oliveira¹; Andrei Caíque Pires Nunes²; Gleidson Guilherme Caldas Mendes³; Elizabete Keiko Takahashi⁴; Glêison Augusto dos Santos⁵

¹ Universidade Federal de Viçosa, Mestrando em Ciência Florestal, Departamento de Engenharia Florestal, Viçosa, Minas Gerais, Brasil. caiovaronill@gmail.com

² Universidade Federal de Viçosa, Doutorando em Genética e Melhoramento, Departamento de Engenharia Florestal, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

³ Universidade Federal de Viçosa, Mestrando em Ciência Florestal, Departamento de Engenharia Florestal, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

⁴ Celulose Nipo-Brasileira S.A., Doutora em Biotecnologia, Belo Oriente, Minas Gerais, Brasil.

⁵ Universidade Federal de Viçosa, Doutor em Engenharia Florestal, Departamento de Engenharia Florestal, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Resumo: A superioridade brasileira na produção de madeira de *Eucalyptus spp.* é reconhecida mundialmente, contudo, nos últimos cinco anos, a produtividade do eucalipto não tem alcançado ganhos significativos. Visto isso, faz-se necessário o surgimento de indivíduos mais produtivos à curto prazo. Varias pesquisas apontam que a seleção precoce de *Eucalyptus spp.* pode ser realizada com alta acurácia a partir de variáveis de crescimento em razão da grande variabilidade genética para tais caracteres. Deste modo, objetiva-se com esta pesquisa analisar, a partir do incremento médio anual (IMA) em madeira, os parâmetros genéticos e selecionar, com base em ganhos de seleção, clones mais produtivos de eucalipto (*E. urophylla* x *E. grandis*) aos 3 anos. O experimento foi instalado no ano de 2013 em parceira com a empresa Cenibra Celulose Nipo-Brasileira S.A. na região de Cocais - MG. Utilizou-se o delineamento em blocos ao acaso, com 3 blocos, 10 clones e 64 indivíduos por parcela, sendo avaliadas as 36 árvores centrais da parcela. Em 2016 foram realizadas mensurações da altura total (m) e diâmetro (cm) à 1,3 m do solo. O volume (m³) individual foi obtido por meio da equação geral de volume da empresa, em seguida foi calculado o IMA (m³.ha⁻¹.ano⁻¹). Os parâmetros genéticos e rank de ganho de seleção foram determinados com base no valor genotípico de cada clone para o caráter IMA. Para realização das análises genéticas utilizou-se o modelo 2 do software Selegen RELM/BLUP. Os efeitos genéticos foram testados via razão de verossimilhança (LTR) pelo teste de qui-quadrado à 1% de probabilidade com 1 grau de liberdade. Constatou-se pelo teste LTR, efeito significativo ($p \leq 0,01$) para a herdabilidade individual dos efeitos genotípicos totais (h^2g), o que implica na existência de variabilidade genética entre os clones. O alto valor de coeficiente de variação relativa (2,24) corroborou com tal resultado, isso demonstra uma situação favorável à seleção de indivíduos superiores. A h^2g apresentou-se em magnitude mediana/alta ($0,32 \pm 0,05$), por conseguinte, pode-se afirmar que os clones possuem alto controle genético sobre a expressão fenotípica deste caráter. De acordo com os limites observados na literatura a acurácia da seleção dos genótipos apresentou alta magnitude (0.92), logo se obteve alta precisão experimental, pré-requisito fundamental para a viabilidade da seleção de materiais genéticos superiores. Verificou-se a obtenção de ganho de 34% em IMA com a seleção do melhor clone e ganho acumulado de 15,80% com a seleção dos 5 melhores. Por tanto, os parâmetros genéticos estimados apresentam valores que proporcionam seleção genética de clones superiores com acurácia satisfatória, sendo possível obter ganho de até 34% a ser explorado pelo programa de melhoramento dos clones avaliados.

Palavras-chave: Parâmetros Genéticos; Modelos Mistos; Selegen Relm/Blup; Urogran

Apoio: UFV; CENIBRA; CNPQ; GENMFLO

SELEÇÃO DE CLONES DE BATATA COM APTIDÃO PARA MESA

Carlos Eduardo Silva Santos¹; Antonio Carlos dos Santos¹; Mario Henrique Murad Leite Andrade²; Marcio Lisboa Guedes²; Claudio Carlos Fernandes Filho³; Cesar Augusto Brasil Pereira Pinto⁴.

¹Graduando em Agronomia; UFLA; Departamento de Biologia; Lavras; Minas Gerais; Brasil.² Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas; UFLA; Departamento de Biologia; Lavras; Minas Gerais; Brasil. ³Mestrando em Genética e melhoramento de Plantas; UFLA; Departamento de Biologia; Lavras; Minas Gerais; Brasil. ⁴Professor em Genética e Melhoramento de Plantas; UFLA; Departamento de Biologia; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

No Brasil, a batata de mesa (*in natura*) representa mais de 80% da fatia de mercado, sendo que quase a totalidade com cultivares oriundas de países de clima temperado. Essas cultivares possuem ótimas características de aparência, mas sofrem com as condições climáticas de regiões tropicais e, por tal motivo, não conseguem expressar todo o seu potencial genético para a produtividade e outras características desejadas para o setor. Por isso, o desafio para os programas de melhoramento genético de batata consiste em disponibilizar genótipos mais adaptados às condições tropicais e subtropicais. O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar clones gerados pelo Programa de Melhoramento de Batata da UFLA (ProBatata/UFLA), que apresentam características para o mercado de mesa quando comparados com as cultivares utilizadas atualmente neste setor. Foram realizados dois experimentos, nas safras de inverno de 2016 e 2017. Foram avaliados 18 clones no delineamento experimental de blocos completos casualizados, com três repetições, e parcelas de cinco plantas espaçadas de 0,30 x 0,80 m. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares Agata, Caesar, Cupido e Camila. Avaliou-se as características: produtividade total de tubérculos (g planta⁻¹), produtividade de tubérculos graúdos (g planta⁻¹), peso específico de tubérculos, formato de tubérculos, aparência geral dos tubérculos, textura da periderme, uniformidade e profundidade de olhos. Os dados coletados em campo foram submetidos à análise de variância conjunta utilizando o programa computacional R. As médias ajustadas foram agrupadas utilizando o teste de Scott-Knott. A fonte de variação clones foi significativa ($p < 0,05$), indicando que existe variação entre os clones, o que permite a seleção entre eles. Já para a interação clones e safras não foi verificada significância, o que indica que o ranqueamento dos clones nas diferentes safras foi semelhante. Para o mercado de mesa as características de aparência dos tubérculos são determinantes para o sucesso de uma nova cultivar, tais como: formato oval-alongado, pele brilhante e lisa, polpa creme, com olhos rasos e com uniformidade no tamanho dos tubérculos. Os clones: NES 07-150, GRO 09-14 e VNS 02-01 foram selecionados, pois apresentaram as características desejadas para o setor. Quando comparados com o desempenho das testemunhas não houve diferença significativa em relação a Cupido e Camila, porém foram superiores às outras testemunhas comerciais Agata e Caesar. Estes três clones possuem potencial para futuro uso como nova cultivar ou em futuros cruzamentos do programa de melhoramento, pois se mostraram superiores a cultivar Agata que representa mais de 65% da área cultivada de batata no Brasil.

Palavras chaves: Melhoramento genético; *Solanum tuberosum*; In Natura.

Apoio Financeiro: FAPEMIG

SELEÇÃO DE CLONES VERMELHOS DE BATATAS COM ELEVADO TEOR DE MATÉRIA SECA PARA MERCADO DE PRÉ-FRITAS CONGELADAS

Luana de Cássia Simões¹, Mário Henrique Murad Leite Andrade², Rafaela Pereira Carvalho³,
Maiara Oliveira Fernandes³, Cláudio Carlos Fernandes Filho⁴, César Augusto Brasil Pereira
Pinto⁵

¹ Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA – Departamento de Biologia – Lavras-MG/ Brasil. Bolsista CAPES – E-mail: luana.simo.es.17@gmail.com;

² Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA – Departamento de Biologia – Lavras-MG/Brasil; ³ Mestranda em Genética e melhoramento de plantas – UFLA – Departamento de Biologia – Lavras-MG/Brasil;

⁴ Mestrando em Genética e melhoramento de plantas – UFLA – Departamento de Biologia – Lavras-MG/Brasil;

⁵ Professor Titular – UFLA – Departamento de Biologia – Lavras-MG/Brasil.

Para o processamento industrial da batata algumas características devem ser consideradas como olhos rasos, formato alongado, altas produtividades e maiores teores de matéria seca, sendo esta última responsável por uma melhor qualidade de fritura. No Brasil, a cultivar Asterix destaca-se nesse nicho de mercado por possuir boas características culinárias, como elevado teor de matéria seca, assim, tal cultivar é responsável por um percentual considerável do mercado consumidor. Por ser uma cultivar importada, a Asterix apresenta problemas quando cultivada em condições tropicais, como alta suscetibilidade a doenças, instabilidade da coloração, intolerância a temperaturas elevadas e produtividade moderada. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônomico de clones de batata de periderme vermelha do programa de melhoramento da Universidade Federal de Lavras (UFLA) e selecionar genótipos para o processamento industrial. O experimento foi conduzido na safra de inverno, na área experimental da UFLA – Centro de desenvolvimento científico e tecnológico em agropecuária no município de Lavras - MG. Foram utilizados 17 clones desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético de batata (PROBATATA). Empregou-se o delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições e as parcelas continham dez plantas. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares Asterix, BRS-Ana e Infinity. Foram avaliadas as características agrônomicas: produtividade total, produtividade de tubérculos graúdos, peso específico de tubérculo, formato de tubérculos, profundidade dos olhos, cor da pele e cor de palitos fritos. Estas variáveis foram submetidas à análise de variância e ao agrupamento de médias por *Scott & Knott* com 5% de probabilidade. As análises estatísticas foram realizadas por meio do software R. Através de um ranqueamento pelo índice de Mulamba e Mock, foi possível selecionar quatro clones que apresentaram melhor desempenho geral, MLG 18-36, MLG 22-75, MLG 22-23 e MLG 22-09. Dentre eles, o clone MLG 18-36 se destacou, superando a produtividade total da Asterix em 47%, além de apresentar produtividade de tubérculos graúdos e peso específico superior ao das testemunhas, formato alongado e olhos superficiais.

Palavras-chave: *Solanum tuberosum*; melhoramento genético; matéria seca.

Apoio financeiro: Capes; CNPq.

SELEÇÃO DE *Coffea canephora* PARA TOLERÂNCIA À DEFICIÊNCIA HÍDRICA COM BASE NO STATUS HÍDRICO E NA EFICIÊNCIA FOTOSSINTÉTICA

Elisângela Aparecida da Silva^{1*}; Fernanda Aparecida Castro Pereira¹; Antonio Fernando Guerra²; Gustavo Costa Rodrigues³; Adriano Delly Veiga⁴; Milene Alves de Figueiredo Carvalho²

^{1*}Universidade Federal de Lavras; Inovacafé; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil. Autor para correspondência: agroelis@yahoo.com.br.

²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Embrapa Café; Brasília; Distrito Federal; Brasil.

³Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Embrapa Informática Agropecuária; Campinas; São Paulo; Brasil.

⁴Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Embrapa Cerrados; Planaltina; Distrito Federal; Brasil.

Os eventos climáticos que causam restrição hídrica no ambiente são extremamente prejudiciais para a cultura cafeeira, sendo assim, em um programa de melhoramento genético do cafeeiro, a seleção de clones tolerantes à deficiência hídrica é de grande importância. Diante desse fato, esta pesquisa objetivou selecionar clones de *Coffea canephora* com base no status hídrico e na eficiência fotossintética das plantas bem como a recuperação após o retorno da irrigação, em condições de Cerrado. O experimento foi conduzido na região do Cerrado do Planalto Central para a avaliação de sete clones de *C. canephora* (G1, G3, G7, G8, G11, G12 e G13), no ano de 2016. As plantas passaram por um período de suspensão da irrigação de, aproximadamente, 60 dias, para a uniformização da florada. No final desse período e dois dias após o retorno da irrigação avaliou-se o potencial hídrico de antemanhã (MPa), com a bomba de Scholander, em folhas completamente expandidas de todas as seis repetições do delineamento em campo, e a taxa fotossintética líquida obtida por meio do analisador de gás por infravermelho (LI-6400XT, LI-COR Bioscience®) em $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$. Os dados de cada clone nas épocas foram submetidos à análise de variância considerando parcelas subdivididas no tempo, e quanto às diferenças entre as épocas (recuperação) foi realizada uma análise de variância simples. As médias entre épocas e entre clones foram agrupadas pelo teste de Skott-Knott ($p < 0.05$). Para testar a significância da recuperação foi utilizado o teste t para duas amostras pareadas. No final do período de deficiência hídrica, os genótipos G3, G11 e G13 foram os que apresentaram os maiores valores de potencial hídrico (-1.54 -1.53 e -1.25 MPa respectivamente), seguido dos clones G7 e G8. Houve um aumento do potencial hídrico de todos os clones no retorno da irrigação, sendo que esse aumento foi maior nos clones G1 e G12. Quanto à fotossíntese, os clones G7, G8 e G12 aumentaram sua atividade fotossintética com o retorno da irrigação, mas somente o G8 e G12 se destacaram quanto ao desempenho fotossintético (9.1 e 8.8 $\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$, respectivamente). No que se refere à recuperação da planta submetida à deficiência hídrica, os clones G1 e G12 se destacam, porém foi o genótipo G8 que apresentou um dos melhores status hídrico na época de restrição hídrica (-1.72 MPa) e também uma maior fotossíntese quando no retorno da irrigação. Portanto, esses três clones são potencialmente tolerantes e adaptáveis em condições de restrição hídrica, podendo ser indicados para testes finais de avaliação e recomendação de clones de *C. canephora* tolerantes à deficiência hídrica.

Palavras-chave: melhoramento do cafeeiro; suspensão da irrigação; estresse hídrico.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, FAPEMIG e CONSÓRCIO PESQUISA CAFÉ.

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PARA RESISTÊNCIA E TOLERÂNCIA AOS PRINCIPAIS FUNGOS CAUSADORES DE DOENÇAS: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA

Fernanda Aparecida Castro Pereira¹; Natal Antonio Vello²; Claudinei Antonio Didoné²; Marcos Custódio Nekatschalow²

¹ Universidade Federal de Lavras; InovaCafé; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil. Autor para correspondência: fernandacastro01@gmail.com

² Universidade de São Paulo; Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz; Departamento de Genética; Piracicaba; São Paulo; Brasil

O uso dos escores, obtidos da análise de componentes principais como critério de identificação de genótipos superiores, tem sido apontado como alternativa viável no melhoramento genético de plantas. Na cultura da soja, a ocorrência de doenças fúngicas como o mofo branco e a ferrugem asiática, tem reduzido a produtividade de grãos significativamente nos últimos anos. Esta pesquisa objetivou selecionar progênies de soja, por meio da análise de componentes principais para resistência às principais doenças em soja. O material genético foi oriundo de um dialelo parcial da geração F₄, com 50 cruzamentos, entre o grupo I (dez genitores representados por linhagens experimentais com alta produtividade de grãos) e o grupo II (cinco genitores com possível resistência ao mofo branco). Para estimar a reação das plantas ao fungo causador da ferrugem, estimou-se o efeito ferrugem (nível de tolerância) por meio da diferença (perda) entre as médias de produtividade de grãos (PG) e tamanho das sementes (peso de cem sementes ou PCS), os experimentos com os cruzamentos e os genitores foram esquematizados em quatro experimentos (dois manejos para cruzamentos e dois manejos para genitores): manejo I, com aplicações de fungicidas para o controle da ferrugem e outras doenças fúngicas; manejo II, com aplicações de fungicida para controle de doenças fúngicas, exceto a ferrugem. Separadamente, dez plantas de cada cruzamento e os genitores foram avaliadas, quanto à reação ao fungo causador do mofo branco, utilizando o método da inoculação de folhas destacadas, a fim de se estimar a área abaixo da curva de progresso da doença, que resume a severidade da doença. Além dos caracteres citados anteriormente, foram avaliados também o número de dias para a maturidade (NDM) e a altura da planta na maturidade (APM). Posteriormente as análises estatísticas multivariadas foram realizadas no programa Genes. Em um primeiro momento foi realizado a análise de componentes principais, onde duas variáveis foram indicadas para a retirada (reação à ferrugem segundo o tamanho das sementes e apm) a fim de alcançar, nos primeiros dois componentes, 70% da explicação acumulada. Houve uma correlação positiva (em torno de 0.58) entre os caracteres NDM e PG com o primeiro componente e também positiva e alta (em torno de 0.74) entre o PCS e o segundo componente. A análise gráfica foi importante em identificar os cruzamentos que apresentaram resistência às duas doenças avaliadas, pois os vetores de resistência à ferrugem e mofo branco estavam localizados no quadrante inferior esquerdo. Portanto, os 11 cruzamentos localizados nesse mesmo quadrante pode conter genes importantes relacionados à resistência aos fitopatógenos em estudo. A análise de componentes principais foi útil em selecionar os cruzamentos mais promissores quanto à resistência aos principais fitopatógenos da soja.

Palavras-chave: *Sclerotinia sclerotiorum*; *Phakopsora pachyrhizi*; mofo branco; ferrugem asiática da soja; dialelo

Apoio financeiro: Os autores agradecem ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudos e à Universidade de São Paulo/ “Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS F₂ DE TOMATEIRO RESISTENTES A *RALSTONIA SOLANACEARUM*

Ricardo Antônio Zeist¹; Juliano Tadeu Vilela de Resende⁴; André Ricardo Zeist²; Alex Antônio da Silva³; André Gabriel⁵; Rafael de Matos¹

¹Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil. E-mail: ricardo-zeist@bol.com.br; ²Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), Universidade Federal de Lavras, UFLA/Lavras-MG/Brasil; ³Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil; ⁴Professor Associado – Departamento de Agronomia – UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil; ⁵Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil.

Ao longo do ciclo do tomateiro, são vários problemas de ordem fitossanitária que podem causar danos. Dentre estes, destaca-se a murcha bacteriana *Ralstonia solanacearum*, que limita o cultivo do tomateiro. Trata-se de uma bactéria sistêmica e suas consequências são decorrentes da ação mecânica, ocasionando o “entupimento” dos vasos ou por ação de metabólitos lançados nos vasos condutores de seiva. O objetivo com este trabalho foi por meio de triagem em campo naturalmente infestado, selecionar plantas F₂ de tomateiro com características para processamento e mesa resistentes à *R. solanacearum* a partir do cruzamento das linhagens. Os genótipos F₁ foram obtidos a partir de cruzamentos interespecíficos entre uma linhagem M8 *Solanum lycopersicum* com característica para mesa e I5 *Solanum lycopersicum* para processamento, (pertencente ao Banco de Germoplasma do Núcleo de Pesquisa em Hortaliças da Universidade Estadual do Centro-Oeste, suscetíveis a *R. solanacearum*) x espécie silvestre *Solanum pimpinellifolium*. O experimento foi conduzido numa área de um produtor de tomate localizado no município de Barra do Rio Azul – RS, na safra agrícola de 2016. O método de seleção de genótipos resistentes é o mesmo que é adotado pelo Programa de Melhoramento Genético do tomateiro do INPA, em área de campo infestada por *R. solanacearum*, utilizou-se os genótipos da população F₂, e dois como testemunhas sendo utilizado a linhagem “Hawaii 7996” (padrão internacional de resistência a *R. solanacearum*, da Universidade do Hawaii, E.U.A.) e o *Solanum pimpinellifolium*. Foram utilizadas dez plantas de cada padrão de referência e 200 plantas da população F₂. Destacaram os genótipos da geração F₂ obtidos do cruzamento [(‘M8’ x ‘*Solanum pimpinellifolium*’) #RVTR 56, #RVTR 102, #RVTR 109e #RVTR 186] e F₂[(‘I5’ x *Solanum pimpinellifolium*’) #RVTR 06, #RVTR 41, #RVTR 44, #RVTR 56, #RVTR 86, #RVTR 192, #RVTR 128, #RVTR 106 e #RVTR 111], são promissores para avanços na obtenção de linhagens com background para processamento, resistentes a *Ralstonia solanacearum*.

Palavra chave; melhoramento genético, hortaliças.

Apoio: Fundação Araucária e Capes

SELECTION OF SUGARCANE CLONES BY REML/BLUP

Elaine Cristina Batista¹; Mauro Alexandre Xavier²; Marcos Guimarães de Andrade Landell²; Márcio Aurélio Pitta Bidóia²; Luciana Rossini Pinto²; Luciana Aparecida Carlini-Garcia³.

¹Mastering student - Sanidade, Segurança Alimentar e Ambiental no Agronegócio, Instituto Biológico, São Paulo, SP, CEP 04014-002, e-mail: elainebatsta-agro@hotmail.com

²Centro de Cana - Instituto Agrônômico (IAC), Ribeirão Preto-SP, CEP 14001-970.

³Polo Regional Centro Sul - Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócio (APTA), Piracicaba-SP, CEP 13412-000.

Brazil is the first sugarcane (*Saccharum* spp.) world producer, and cane is the most important bioenergy source in this country. Plant breeding is continuously contributing to improve sugarcane traits like cane and pol yield, diseases and plagues tolerance, etc. Mixed model approach has gaining importance in sugarcane genetic improvement. This method has several advantages as allowing data to be unbalanced, and selection of better structures of variances and covariances matrices related the random effects in the model, among others. The use of REML/BLUP produces accurate predictions of the genetic values of the individuals contributing to elevate the efficiency of the selection process in the breeding programs. In this research, REML/BLUP method was employed to evaluate the yield performance of 39 sugarcane clones produced by IAC's Sugarcane Breeding Program. The 39 clones and 3 commercial checks were evaluated in a complete randomized block design, with three replications, in three municipalities of the Ribeirão Preto sugarcane producer area, in São Paulo State. The harvests occurred in the winter season (between June and August), in 2013, 2014, 2015 and 2016, and the evaluated traits were tons of cane by hectare (TCH), and tons of pol by hectare (TPH). The statistical model followed the notation adopted by Eckermann et al. (2001), Verbyla et al. (2003), Boer et al. (2007) and Pastina et al. (2012). Different VCOV structures for the G and R, associated to the random effects considered in the model (genetic and residual effects) were examined, and the model selection was performed based on Akaike and Bayesian criteria. Genotypes x environments interaction were observed, as well as genetic correlations within harvests and locals combinations. Based on the BLUPs, it was possible to select clones adapted to each municipality and stable clones that produces relatively well in all the considered geographic region.

Keywords: *Saccharum* spp.; genetic improvement; quantitative genetics; REML/BLUP.

Financial support: CAPES.

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE CLONES DE CAFÉ CONILON CULTIVADO EM SISTEMA ORGÂNICO

Camilla Sena Silva¹; Waldênia de Melo Moura²; Adriene Woods Pedrosa³;
Maria Carolina de Abreu Teles¹; Gustavo de Paula Gruppi⁴

¹EPAMIG Sudeste, Pesquisadoras, BSc., Viçosa-MG, Brasil, Bolsistas Consórcio Pesquisa Café, camillasenasilva@gmail.com

²EPAMIG Sudeste, Pesquisadora, DSc., Viçosa-MG, Brasil, Bolsista da FAPEMIG

³EPAMIG Sudeste, Pesquisadora Visitante, DSc., Viçosa-MG, Brasil, Bolsista da FAPEMIG

⁴EPAMIG Sudeste, Estudante de Agronomia da UFV, Viçosa-MG, Brasil, Bolsista PIBIC/ FAPEMIG

O café conilon apresenta variabilidade devido ao alto grau de heterozigose decorrente da polinização cruzada, em virtude da autoesterilidade. Diante dessa diversidade é possível a seleção de materiais genéticos com maior produtividade de grãos que reúnam características favoráveis. Diferentes técnicas biométricas podem ser utilizadas para identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico, sendo uma dessas, a divergência genética. No entanto, há poucos estudos sobre essa variabilidade do café conilon no cultivo orgânico. Assim, este trabalho objetivou avaliar a divergência genética, entre clones de café conilon visando identificar os mais dissimilares para auxiliar em futuras estratégias de cruzamentos. O experimento foi instalado na CELP, Leopoldina - MG, da EPAMIG, em delineamento de blocos casualizados com 35 clones de café conilon e três repetições, cultivados em sistema orgânico, com parcelas de nove plantas, espaçadas de 2,5 x 1,0 m. Em 2016 avaliaram-se as características: vigor vegetativo, porte, severidades de ferrugem, de cercosporiose e do ataque de bicho-mineiro, intensidade de seca de ponteiro, comprimento e largura dos frutos, número de frutos com lojas vazias, comprimento, largura e espessura de grãos e produtividade. Os dados foram submetidos às análises estatísticas, utilizando o programa Genes. A divergência genética entre os clones foi estimada por meio da distância generalizada de Mahalanobis e agrupados pelo teste de aglomerado de Tocher. As medidas de dissimilaridade genética, entre os pares de clones/códigos estudados apresentaram magnitude entre 3,1 a 131,2 apresentadas para as combinações 2 com 18 e 4 com 21, respectivamente. Verificou-se que os dez pares de clones mais dissimilares foram: 4 e 21 (131,2), 21 e 29 (126,4), 10 e 21 (122,7), 4 e 14 (102,0), 4 e 27 (100,8), 14 e 29 (100,2), 10 e 14 (94,7), 27 e 29 (93,5), 17 e 21 (90,9), 4 e 8 (89,1). Os pares de clones mais similares e que apresentaram à menor distância entre si foram: 2 e 18 (3,1), 4 e 29 (3,7), 22 e 35 (4,6), 19 e 33 (5,7), 2 e 25 (5,8), 6 e 25 (5,9), 20 e 34 (6,3), 4 e 10 (6,8), 10 e 29 (6,9), 9 e 11 (7,0). Os clones foram classificados em onze grupos, sendo que os clones 8, 17, 1, 32 e 13 ficaram isolados nos grupos 7, 8, 9, 10 e 11 respectivamente, evidenciando sua dissimilaridade em relação aos demais. Há variabilidade entre os clones/ códigos de café conilon no sistema de cultivo orgânico. As combinações mais promissoras de cruzamentos para obtenção de futuras variedades adaptadas a esse cultivo são entre os clones/códigos 4 e 21, 21 e 29, 10 e 21, 4 e 14, 4 e 27, 14 e 29, 10 e 14, 27 e 29, 17 e 21, 4 e 8.

Palavras-chave: *Coffea canephora*; cultivo orgânico; divergência genética; análise multivariada

Apoio Financeiro: Consórcio Pesquisa Café e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG).

VARIABILIDADE GENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS COMERCIAIS DE MILHO PARA CARACTERES RELACIONADOS A EFICIÊNCIA NO USO DE NITROGÊNIO

Leandro Tonello Zuffo¹; Wemerson Mendonça Rezende, Diego Gonçalves Caixeta, Felipe Ruan Marinheiro Silva, Maria Eduarda Jardim Silva, Rodrigo Oliveira DeLima¹

1: Universidade Federal de Viçosa; Fitotecnia; Viçosa; Minas-Gerais Brasil.

Autor para correspondência: rodrigoodelima@ufv.br

O milho é o cereal com maior produção mundial. Dentre os nutrientes importantes para produção de milho, o nitrogênio (N) é absorvido em maior quantidade e sua deficiência é considerada um dos principais fatores limitantes para produtividade de grãos. O aumento da produtividade nas últimas décadas está associado ao aumento da adubação nitrogenada e a utilização de híbridos tolerantes a altas populações, transgênicos e eficientes no uso do N. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar híbridos comerciais de milho para caracteres associados a eficiência no uso de N em níveis contrastantes de N. Para isso, 114 híbridos comerciais de milho disponibilizados no mercado de sementes por diferentes empresas foram avaliados para caracteres relacionados a eficiência no uso de N. Eles foram avaliados em dois experimentos, em nível ótimo de N (+N), com 200 kg ha⁻¹ de N em cobertura, e sem adubação nitrogenada (-N), na estação Experimental de Coimbra, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, nas safras 2015/16 e 2016/17. Os experimentos foram realizados em delineamento alfa-látice com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m. Foram avaliados os seguintes caracteres: concentração de N da biomassa no florescimento (NF), colheita e nos grãos, quantidade de N da biomassa no florescimento (NBF), colheita, grãos (NBG) e total (NBT), N absorvido pós-antese (NPA), N remobilizado (NRem), eficiência na utilização de N (EUtN), eficiência de remobilização (ERN), índice de esverdeamento e produtividade de grãos (PG). As análises estatísticas foram feitas com o emprego da metodologia de modelos mistos, pelo método da máxima verossimilhança residual/melhor predição linear não-viesada (REML/BLUP) com o auxílio do programa R. No ambiente +N, houve diferença significativa para quase todos caracteres, exceto para NF. No ambiente -N, houve diferença significativa para maioria dos caracteres, exceto para NBG, NBT, NPA, NRem e ERN. Em relação as interações duplas, verificou-se interação genótipos x anos apenas para produtividade de grãos nos dois ambientes. Entretanto, verificou-se presença de interação genótipos doses de para NBF, EUtN, ICN, NRem e PG e, assim, para esses caracteres, as diferenças nos níveis de N influenciou o comportamento relativo dos híbridos. Conclui-se que há variabilidade genética entre os híbridos comerciais de milho para eficiência do uso de N e se faz necessário avaliação e recomendação de híbridos para diferentes níveis de N.

Apoio: CNPq, CAPES, FAPEMIG e FUNARBE.

VARIABILIDADE PARA O MÁXIMO ACUMULO DE MATÉRIA SECA DOS GRÃOS DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA.

Jéssica Batista Ribeiro¹; Magno Antonio Patto Ramalho²; Rita de Kássia Siqueira Teixeira³.

¹Aluna do 5º período em agronomia- UFLA, Lavras, Minas Gerais-Brasil, bolsista PIBITI-CNPq; e-mail: jebari.96@hotmail.com; ²Professor Titular – Setor de Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA; ³Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA, bolsista da FAPEMIG.

A produtividade de grãos de feijão é função primária do número de vagens, do número de grãos por vagem e da massa de grãos. Esse último caráter depende do número de dias do início do florescimento (DIF) até a maturação fisiológica e da taxa de acúmulo de matéria seca (MS) durante o período de enchimento de grãos. A taxa de acúmulo varia com o tempo. Ela é muito pequena nos primeiros dias após o florescimento e posteriormente é máxima até atingir a maturação fisiológica. Esse trabalho teve por objetivo estimar a taxa de acúmulo de MS de algumas linhagens de feijão, considerando o período final do enchimento de grãos. Para isso foram avaliadas 16 linhagens de feijão, sendo oito já recomendadas para o cultivo no estado de Minas Gerais e oito em fase de recomendação. Elas foram avaliadas em três épocas de semeadura, do período de 2016 a 2017. Cada experimento foi conduzido no delineamento de blocos casualizados com cinco repetições e parcelas de quatro linhas de quatro metros. Foi anotado o número de dias em que as vagens já estavam completamente formadas (DAV). A partir desta data a intervalo de dois a três dias até o momento da colheita foi retirada uma amostra de cinco plantas em uma das linhas no centro da parcela. De cada amostra obteve-se o número de grãos e a massa seca de 100 grãos. Com esses dados foi obtida a massa seca de um grão. Foi estimada equação de regressão quadrática entre o número de dias após o início da coleta, a variável independente (x) e a MS de um grão (Y), variável dependente. Com essa equação foi obtida o ponto máximo de acumulação da MS (Y_{max}) e o número de dias em que ocorreu o Y_{max} (X_{max}). A taxa de enchimento de grãos foi obtida pelo estimador: $(Y_{max} - Y_0)/(X_{max} - DAV)$, em que Y_0 é a MS na primeira amostragem. As estimativas foram obtidas por parcela e submetidas à análise de variância. Constatou-se que a equação de regressão quadrática apresentou alto coeficiente de determinação, mostrando que ocorreu um bom ajuste da equação de utilizada para explicar a MS acumulada nos grãos com o tempo; as linhagens diferiram quanto a taxa de enchimento de grãos, variando de 0,016 a 0,026 g/grão/dia após a data do início das amostragens.

Palavras-chave: feijoeiro, matéria seca, produção

Apoio: CNPq; UFLA

VARIÂNCIA RESIDUAL HETEROGÊNEA NA ANÁLISE DE DADOS LONGITUDINAIS NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE *UROCHLOA RUZIZIENSIS*

Juliana Andrade Dias¹; Fausto de Souza Sobrinho²; Flávia Maria Avelar Gonçalves¹

¹ Universidade Federal de Lavras/UFLA, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil.

² Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora-MG, Brasil.

Autor Correspondente: Juliana Andrade Dias – julianajadiaz@gmail.com

As espécies do gênero *Urochloa* (syn *Brachiaria*) são importantes forrageiras de regiões tropicais. No Brasil, constituem-se na principal fonte de alimentação do rebanho bovino por meio do pastejo direto. Além de possuir grande potencial para pastagem devido à elevada qualidade nutricional e a melhor relação folha/colmo, a *Urochloa ruziziensis* destaca-se em programas de melhoramento por ser a única espécie sexual e diploide cultivada, possibilitando cruzamentos interespecíficos e a geração de variabilidade para a seleção de genótipos superiores. Avaliação e seleção de genótipos dessa espécie envolve a amostragem na mesma planta ao longo de diferentes cortes, levando em alguns casos a presença de heterogeneidade de variâncias e correlação entre cortes. As análises estatísticas de parcelas subdivididas no tempo, comumente empregadas no melhoramento dessa espécie, consideram as variâncias residuais entre cortes homogêneas e as covariâncias nulas, a abordagem de modelos mistos, portanto, é a mais indicada para a análise desses dados, pois permite a análise com variâncias residuais heterogêneas entre os cortes. Dessa forma, objetivou-se identificar a melhor forma de análise para dados longitudinais de *U. ruziziensis* a partir da modelagem das variâncias residuais. O experimento foi conduzido no Campo Experimental da Embrapa Gado de Leite em Coronel Pacheco (MG). Foram avaliadas 10 populações melhoradas de *U. ruziziensis*, juntamente com as testemunhas Marandu (*U. brizantha*) e Kennedy (*U. ruziziensis*) em blocos casualizados com três repetições e parcelas de 24m². Foram realizados 14 cortes de avaliação entre os anos de 2014 a 2016. As análises de produtividade de biomassa verde de forragem (t/ha) a partir dos modelos com variância residual homogênea e heterogênea foram realizadas por meio do programa ASREML-R, a estimação dos componentes de variância foi realizada por meio do REML/BLUP. O modelo com variância homogênea apresentou BIC (Bayesian Information Criterion) de 2354,91, já o modelo com variância heterogênea de 2333,17, indicando que a matriz com diagonal heterogênea seria mais adequada para análise desses dados. A variância genética ao considerar um modelo com variâncias homogêneas foi de pequena magnitude ($1,25 \times 10^{-6}$) e não significativa pelo teste da razão da verossimilhança (LRT). A presença da interação tratamentos x cortes foi acentuada com variância igual a 3,71 e altamente significativa (p-valor < 0,05), demonstrando que o comportamento dos genótipos não foi consistente nos diferentes cortes. Ao considerar as variâncias residuais heterogêneas, percebe-se uma melhor capacidade em captar as diferenças genéticas entre os tratamentos, uma vez que a variância genética observada foi de 1,35 e significativa. A variância da interação tratamentos x cortes foi significativa, porém inferior ao modelo anterior (2,21). A utilização da matriz com diagonal heterogênea se mostrou mais indicada para análise de dados de produtividade no melhoramento de *U. ruziziensis*, pois ajustou-se melhor aos dados significativamente que o modelo com variâncias do erro homogêneas.

Palavras-Chave: Melhoramento Genético de Forrageiras; Modelos Mistos; Medidas Repetidas

VIGOR VEGETATIVO DE PROGÊNIES BIG COFFEE VL.

Naiara Silvana dos Santos¹; Jussiara Messias de Carvalho²; Samuel Pereira de Carvalho³

¹Graduanda em Agronomia – UFLA/ Lavras-MG/Brasil. Bolsista de extensão-PIBIC/UFLA, email: naiara.silvana@hotmail.com; ²Graduanda em Agronomia – UFLA/ Lavras-MG/Brasil; ³Professor Titular- Departamento de Agricultura-UFLA/Lavras-MG/Brasil.

O Brasil como maior produtor de café tem realizado inúmeras avaliações em lavouras de cafeeiro, com o intuito de identificar e selecionar plantas com fenótipos de alto vigor vegetativo e produtivo. Em um experimento conduzido no setor de cafeicultura do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras (UFLA), foi avaliado o vigor vegetativo das progênies do cafeeiro Big Coffee VL (*Coffea arabica*), uma vez que, as mesmas possuem como principal característica, grãos maiores que os de cafeeiros convencionais. O experimento foi instalado em 2012, com 100 progênies. Para essa análise foram utilizadas 36 progênies classificadas como “grande”, 32 progênies classificadas como “média” e 32 progênies classificadas “pequenas”. O critério de identificação foi estabelecido de acordo com o tamanho dos grãos e o porte das plantas. O delineamento utilizado foi o látice 10x10, com 23 repetições adotando uma planta por parcela. O objetivo desse estudo foi avaliar o vigor de cafeeiros Big Coffee VL (*Coffea arabica*) cultivados na UFLA. A avaliação das plantas foi realizada atribuindo notas de um a cinco, estabelecendo critério de ordem crescente para classificação do maior vigor. Os ensaios estatísticos foram realizados por intermédio do programa R e através desse realizou a análise de variância e ranqueamento das progênies. A diferença entre as progênies foi constatada pela significância, em $P < 0,05$ através do teste F para o caráter vigor das plantas e por análise de variância. Frente a isso, foi comprovado que existem diferenças significativas entre as progênies. De acordo como os resultados das análises, foi possível identificar que as progênies M22 e P5 apresentaram maiores valores de vigor, diferindo das progênies G13, M32, G22, M21, M31, G15, P35, M34, as quais ocuparam as últimas posições no ranqueamento. Portanto conclui-se que a análise do vigor foi eficiente na avaliação das progênies, permitindo a detecção das promissoras em relação a este caráter.

Palavras-chave: *Coffea arabica* L.; melhoramento; seleção.

ANORMALIDADE MEIÓTICA EM HÍBRIDO DE *Brachiaria decumbens* RESISTENTE À DEGRANA NATURAL

Felipe Cardoso Tarifa Vido¹; Celina de Medeiros Ragalzi²; Cacilda Borges do Valle³; Andréa Beatriz Mendes-Bonato^{4*}

¹ Graduação em Agronomia; Departamento de Agronomia; Universidade Estadual de Maringá - Maringá – PR – Brasil

² Pós-Graduação em Genética e Melhoramento - Departamento de Agronomia – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR – Brasil

³ Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS – Brasil

⁴ Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular – Universidade Estadual de Maringá – Maringá – PR – Brasil

*E-mail correspondência: abmbonato@uem.br

A resistência à degrana, retenção das sementes nos racemos, é uma característica natural que ocorre na maturação de algumas plantas, importante para a sobrevivência das espécies. As gramíneas forrageiras não retêm por muito tempo as sementes unidas aos racemos após a maturidade, sendo esta a maior limitação para uma produção consistente de sementes. O melhoramento genético de *Brachiaria* possui grande interesse em cultivares resistentes à degrana, para a obtenção de maior quantidade e qualidade de sementes forrageiras, possibilitando, desta forma, a expansão e a renovação das áreas de pastagens no Brasil. Nos cruzamentos intraespecíficos, realizados com plantas tetraploides de *Brachiaria decumbens*, foram selecionados híbridos resistentes à degrana natural. Levando em consideração a importância dessa característica e o nível de ploidia dos híbridos, o objetivo do presente estudo foi analisar o comportamento meiótico de um híbrido intraespecífico de *B. decumbens* resistente à degrana. Para as análises citológicas, foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. A maior porcentagem das anormalidades meióticas verificadas foram relacionadas à segregação irregular dos cromossomos, característica comum em híbridos poliploides deste gênero, tal como a migração precoce de cromossomos aos polos durante as metáfases e a presença de cromossomos retardatários nas anáfases. Estas anormalidades levaram a formação de micronúcleos nas telófases e nos micrósporos das tétrades. Além dessas anormalidades, verificou-se uma citocinese anormal que se iniciou em metáfase I, dividindo o meiócito em duas ou três células que continuaram por todas as demais fases da meiose resultando em tétrades com micrócito, pêntades, héxades e héptades. Esta anormalidade foi observada em baixa frequência na meiose I, variando de 1,16% a 5,1%. Já na meiose II a frequência foi maior, variando de 8,33% a 37,75%. Estas anormalidades acabaram resultando em micrósporos com quantidade desbalanceada de material genético e, conseqüentemente, na formação de grãos de pólen inviáveis. A inviabilidade polínica pode acarretar em baixa produção de sementes e limitar o sucesso da hibridação.

Palavras-chave: meiose, microsporogênese, poliploidia.

COMPOSIÇÃO GENÔMICA E RECOMBINAÇÃO CROMOSSÔMICA EM HÍBRIDO FESTULOLIUM (*Festuca arundinacea* x *Lolium multiflorum*)

Laiane Corsini Rocha ¹, Matheus Braga Zanon Vitoriano ², Isabela Martinez Fontes Cunha², Marco Tulio Mendes Ferreira ³, Vânia Helena Techio⁴

1 – Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil. Autor para correspondência – laianecorsini@gmail.com

2 – Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil. Bolsista PIBIC/FAPEMIG

3 – Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia; Lavras-MG, Brasil.

4 – Professora Associada Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil.

As espécies do gênero *Lolium* e *Festuca* são gramíneas importantes para a agropecuária em regiões de clima temperado. Esses dois gêneros apresentam características fenotípicas semelhantes, reflexo da proximidade genética, que possibilita a formação de híbridos interespecíficos, denominados Festulolium. Estes híbridos reúnem características de interesse para os programas de melhoramento, tais como a alta produção de forragem do *Lolium* e a resistência ao estresse ambiental da *Festuca*. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a composição genômica e analisar a recombinação cromossômica intergenérica em um híbrido Festulolium [identificação 1885 ($2n=4x=28$) - *Festuca arundinacea* Schreb. ($2n=6x=42$) x *Lolium multiflorum* Lam. ($2n=2x=14$)] por meio da GISH (Hibridização *in situ* genômica). O DNA genômico (gDNA) de *L. multiflorum* (*Lm*), marcado com digoxigenina via nicktranslation, foi utilizado como sonda e o gDNA de *F. arundinacea* (*Fa*) foi usado como bloqueio, na proporção de 1:40 em relação à sonda. A sonda de gDNA de *Lm* marcou 21 dos 28 cromossomos de Festulolium de forma parcial ou quase completamente, atingindo 80 a 90% da extensão destes cromossomos. As marcações parciais estavam nas regiões intersticiais-terminais ou intersticiais-proximais. Em híbridos Festulolium, a recombinação dos cromossomos parentais ocorre livremente, o que explica a presença desses cromossomos marcados parcialmente. Os demais cromossomos (sete) não foram hibridizados com a sonda, evidenciando que estes são oriundos de um dos genomas de *F. arundinacea* e não possuem homologia e/ou recombinação com os cromossomos de *L. multiflorum*. O maior número de cromossomos de Festulolium marcados com a sonda de gDNA de *L. multiflorum* pode ser explicado de duas maneiras. A primeira é que tem sido demonstrado que há uma mudança gradual na composição cromossômica de Festulolium em favor do genoma de *Lolium*, ainda nas primeiras gerações desses híbridos. A segunda explicação é que alguns estudos detectaram sequências de DNA de *L. multiflorum* nos cromossomos de *F. arundinacea*. Portanto, na composição de Festulolium, o parental *F. arundinacea* fornece alguns cromossomos portadores de sequências de *L. multiflorum*, ampliando as regiões de homologia com o genoma desta espécie.

Palavras chaves: Homologia cromossômica; GISH; hibridação intergenérica

Apoio Financeiro: FAPEMIG, Capes e CNPq

DISTRIBUIÇÃO DE SEQUÊNCIAS DE DNAr 5S EM *PENNISETUM NERVOSUM*

Alex Junior Aparecido Silvestrini¹; Ludmila Cristina Oliveira²; Giovana Augusta Torres³

¹ Graduando em Agronomia – UFLA/DBI/Lavras-MG – Bolsista PIBIC/FAPEMIG – E-mail: alexjroquini@gmail.com

² Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA/DBI/Lavras-MG

³ Professora Associada do Departamento de Biologia/UFLA/Lavras-MG

Sequências de DNA repetitivas, principalmente as distribuídas em tandem, vêm sendo muito utilizadas para hibridização *in situ* fluorescente. Um exemplo são as sequências de DNA ribossomal 5S, que são organizadas em blocos que podem conter centenas a milhares de cópias em um genoma e são bem conservados no decorrer da evolução vegetal. Em decorrência de tais características, a distribuição, localização e tamanho desses locos têm aplicabilidade na caracterização de espécies vegetais. O objetivo deste trabalho é contribuir para a caracterização do cariótipo de *Pennisetum nervosum* (Poaceae) por meio da descrição do número e localização do DNAr 5S. Essa espécie selvagem é de interesse para introgressão de genes em espécies cultivadas de *Pennisetum*, tais como o capim-elefante (*P. purpureum*) e o milheto (*P. glaucum*). Para tanto, foram cultivadas em casa de vegetação acessos de *P. nervosum*. Radículas do acesso 15737 foram coletadas, tratadas com solução de ciclohexamida por 3:30h e posteriormente submetidas à digestão enzimática da parede celular para a confecção de lâminas pelo método de secagem à chama. As melhores lâminas foram selecionadas e submetidas à técnica de hibridização *in situ* fluorescente (FISH) com sondas de DNAr 5S marcadas com biotina, por meio da técnica de “nick translation”. Após a detecção das sondas com estreptavidina conjugada com Alexafluor 488 e a contra coloração dos cromossomos com DAPI, as lâminas foram avaliadas e as imagens capturadas em microscópio Olympus BX60 equipado com sistema de epifluorescência. As metáfases avaliadas contendo $2n=36$ cromossomos apresentaram consistentemente um par cromossômico com a sequência de DNAr 5S localizada próxima à região centromérica, possivelmente dentro desta região. Os valores morfométricos obtidos através do software Karyotype Analysis 2.0 para a sequência estudada variaram de 0,55 a 0,57 μ m. Os resultados referentes à localização da sequência são peculiares, principalmente quando comparados com outras espécies do gênero, nas quais o DNAr 5S apresenta frequente localização subteloamérica. Assim, futuramente, esse resultado deverá ser melhor investigado utilizando da co-localização do DNAr 5S e a sonda centromérica de *Pennisetum purpureum* para verificar se o DNA ribossomal está dentro da região centromérica ou na região pericentromérica.

Palavras-chave: Citogenética; DNAr 5S; Melhoramento genético.

Apoio Financeiro: FAPEMIG; CNPq, CAPES.

Estimativa da quantidade de DNA em diferentes copas de tangerineira por meio de citometria de fluxo

Lucas Alexandre Batista, Adalvan Daniel, Ester Alice Ferreira, Leila Aparecida Sales Pio, Moacir Pasqual

A citometria de fluxo é uma técnica que possibilita estimar a variação no conteúdo de DNA e assim auxiliarno entendimento do metabolismo de plantas cultivadas.No caso de plantas cítricas em que a interação entre porta-enxerto e copa é fundamental para bom desenvolvimento da planta, refletindo na positivamente na produtividade e qualidade dos frutos; essa ferramenta poderá auxiliar nas inferências sobre o processo adaptativo das mesmas.Nessa perspectiva, o presente trabalho objetivou observar a existência de cultivares com conteúdo de DNA próximos, tanto de enxertos (tangerinas) quanto de porta-enxertos.Foram analisadas 15 combinações resultantes da combinação entre cincocultivares de porta enxertos: Cravo Santa Cruz, CitrandarinIndio, San Diego, Riverside e três cultivares copas de tangerineira: Piemonte, Page e Ponkan em pomar experimental com quatro anos de idade, localizado no município de Perdões, MG. Foram colhidas folhas frescas das referidas combinações que foram imediatamente transportadas para o Laboratório de Cultura de Tecidos da Universidade Federal de Lavras. A partir destas folhas foi obtida uma amostra de 50-60mg que foi triturada em 1mL de tampão Marie e posteriormente foram adicionadas a mesma, 20µL do fluorocromo iodeto de propídeo. Todo o processo foi realizado sob gelo, para manter a integridade dos núcleos. Os extratos foliares, juntamente com uma porção foliar do padrão interno *Solanumlycopersicum*, foram analisadas no citômetro FacsCalibur (BD, Biosciences, San Jose, CA, USA). Os dados obtidos foram avaliados no programa WinMDI e submetidos ao programa estatístico SISVAR com comparação de médias pelo teste SkottKnott. Os resultados mostram interação na quantidade de DNA entre as cultivares porta-enxerto e copa. A cultivar San Diego apresenta quantidade de DNA menor quando está enxertada com copa 'Page' ou 'Piemonte' e maior quantidade de DNA quando está enxertada em Ponkan. Da mesma forma o porta-enxerto Indio com copa 'Piemonte' possui menor quantidade de DNA e maior quantidade em copa Page e Ponkan. As demais combinações mantêm a estabilidade genética tanto do porta-enxerto quanto do enxerto. Conclui-se que há mudanças na quantidade de DNA da copa a depender do porta-enxerto utilizado.

Palavras-chave: *Citrus* sp. ; Citometria; Citricultura.

Apoio financeiro: FAPEMIG.

Estimativa do conteúdo de DNA nuclear e comprimento total do lote haploide em *Cynodon dactylon* (L.) Pers. (Poaceae)

Ana Luisa Arantes Chaves¹; Raquel Bezerra Chiavegatto²; Flávio Rodrigues Gandolfi Benites³; Vânia Helena Techio⁴

1. Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras - MG, Brasil. Autor para correspondência: alaranteschaves@gmail.com
2. Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras - MG, Brasil.
3. Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG, Brasil.
4. Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras - MG, Brasil.

Cynodon dactylon é uma forrageira que apresenta características interessantes para contribuir como incremento do agronegócio brasileiro, tais como elevado teor de proteína bruta; boa palatabilidade e resistência ao pisoteio. Na espécie há grande diversidade genética, principalmente devido à ocorrência de poliploides. Estudos citogenéticos podem contribuir com a caracterização e discriminação de citótipos, auxiliando em processos de seleção de cultivares em programas de melhoramento. Neste sentido, o presente trabalho teve por objetivo quantificar o DNA nuclear e determinar o comprimento total do lote haploide (CTLH) de três acessos de *C. dactylon*, EGL-16 ($2n=2x=18$); EGL-8 ($2n=3x=27$) e EGL-17 ($2n=4x=36$). Os acessos são provenientes do banco de germoplasma do United States Department of Agriculture - USDA e cedidos pela Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG. A estimativa da quantidade de DNA foi realizada por citometria de fluxo, utilizando três amostras de cada acesso. Os tecidos foliares jovens, juntamente com o padrão de referência, (*Pisum sativum* L. com 9,09pg de DNA), foram macerados como tampão LB01 para a obtenção da suspensão nuclear. Para cada amostra foi quantificado pelo menos dez mil núcleos. Para obtenção de metáfases mitóticas, raízes foram pré-tratadas com ciclohexamida (0,025%) por 2 horas à temperatura ambiente e fixadas em Carnoy (3:1). A digestão foi realizada com mix enzimático a 37°C, por 1 hora e 30 minutos. As lâminas foram preparadas com técnica de secagem a chama. O CTLH foi obtido com o auxílio do software Karyotype a partir da medição dos cromossomos em cinco metáfases de cada acesso. Os valores da estimativa do conteúdo de DNA nuclear e CTLH foram submetidos à análise de variância com teste de Scott-Knott, a 5%. Todos os acessos diferiram estatisticamente entre si em relação à quantidade de DNA nuclear, com coeficiente de variação de 0,42. Para o CTLH, os acessos triploide e tetraploide, foram estatisticamente iguais, com $18,42\pm 0,40\mu\text{m}$ e $16,49\pm 0,16\mu\text{m}$, respectivamente. No entanto, o acesso tetraploide apresentou a maior quantidade de DNA, com $2,33\pm 0,06\text{pg}$, seguido do acesso triploide, com $1,99\pm 0,09\text{pg}$. O acesso diploide, apresentou o maior CTLH, com $24,15\pm 0,05\mu\text{m}$ e menor quantidade de DNA, com $1,22\pm 0,06\text{pg}$. A variação no CTLH pode ser relacionada ao tamanho e ao grau de condensação dos cromossomos. Nestes acessos, as variações na quantidade de DNA nuclear estão associadas aos diferentes níveis de ploidia. A poliploidia aumenta a possibilidade de rearranjos cromossômicos, e de acúmulo de sequências repetitivas, além de potencializar a ação dos elementos transponíveis, os quais podem contribuir para alterar a quantidade de DNA nuclear. A variabilidade genética presente na espécie também pode estar relacionada à maior plasticidade genômica, a qual é capaz de desencadear o aparecimento de novos fenótipos que podem ser selecionados a favor de sua utilização na agricultura.

Palavras chaves: citótipo; poliploidia; citogenética; forrageira

Apoio Financeiro: Capes, Fapemig e CNPq

IDENTIFICAÇÃO DE NUCLÉOLOS E SÍTIOS DE rDNA 45S EM NÚCLEOS INTERFÁSICOS DE HÍBRIDO DE *UROCHLOA*.

Gabriel de Campos Rume¹; Yasmim Dutra Santos²; Fausto Souza Sobrinho³; Vânia Helena Techio⁴

1-Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil. Bolsista PIBIC/UFLA

2- Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia; Lavras-MG, Brasil. Autor para correspondência – dutra.ys@gmail.com

3- Fausto Souza Sobrinho – Pesquisador, Embrapa Gado de Leite/Juiz de Fora- MG, Brasil.

4- Professora Associada Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil.

A interfase é considerada a fase mais longa do ciclo celular, período caracterizado pela replicação do DNA e pela intensa atividade transcricional, que inclui os genes de rDNA 45S e 5S. A transcrição dos genes de 45S pode ser evidenciada pela presença do nucléolo, que em associação com os transcritos do 5S e outras proteínas ribossomais, formam as subunidades ribossomais (ribonucleoproteínas). Assim, o objetivo desse trabalho foi identificar o número e a posição dos sítios de rDNA 45S em núcleos interfásicos do híbrido 1863 (*Urochloa ruziziensis* x *Urochloa brizantha*). Adicionalmente, foi avaliado o número de nucléolos, como uma das evidências da atividade transcricional desses sítios. Para evidenciar os nucléolos foi empregada a técnica de coloração com nitrato de prata (Ag-NOR) e foram avaliadas 200 células. Para a identificação dos sítios foi utilizada a técnica de FISH com sondas de rDNA 45S marcadas com anti-biotina conjugada com FITC. Foram avaliadas 10 células e 45 sítios, os quais foram classificados quanto à sua distribuição nos núcleos interfásicos (intra, extra ou perinucleolares). Em ambos os procedimentos, as lâminas foram preparadas pela técnica de secagem ao ar. A maioria das células apresentou apenas um nucléolo grande e, raramente, foi identificado um segundo ou terceiro, de tamanho nitidamente menor. Os núcleos apresentaram uma variação de três a cinco sítios de rDNA 45S. O número variável de nucléolos entre as células é dependente da taxa transcricional desses sítios e o polimorfismo observado pode estar associado à fusões nucleolares. Em relação à posição dos sítios de rDNA foi observado um predomínio nas regiões intra e perinucleolares. Na literatura há relatos de que os blocos de rDNA perinucleolares condensados são hipermetilados para 5-metil citosina e H3k9me2 nos promotores dos genes e, portanto, são inativos. As unidades de rDNA ativas, por outro lado, tem, geralmente, uma localização intranucleolar e apresentam hipometilação nas citosinas e na H3k9me2.

Palavras chave: *Brachiaria*; Ag-NOR; Hibridização in situ Fluorescente

Apoio: CAPES; CNPq; FAPEMIG; UFLA

STATUS DA METILAÇÃO DO DNA NOS SÍTIOS DE rDNA 45S EM NÚCLEOS INTERFÁSICOS E CROMOSSOMOS METAFÁSICOS DE *Lolium perenne* L.

Marco Tulio Mendes Ferreira¹; Laiane Corsini Rocha²; Matheus Braga Zanon Vitoriano³; Vânia Helena Techio⁴

1 – Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia; Lavras-MG, Brasil. Autor para correspondência – marco.wk@gmail.com

2 – Pós-doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil.

3 – Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil. Bolsista PIBIC/FAPEMIG

4 – Professora Associada Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras-MG, Brasil.

Lolium perenne L. é uma gramínea perene que se destaca entre as espécies do complexo *Lolium-Festuca* por apresentar características importantes para a forragicultura, principalmente nos Estados Unidos e na Europa. Como reflexo disso, muitos estudos visando estudar a variabilidade genética foram estimulados, incluindo análises das características citogenéticas. Nesse contexto, diversos trabalhos identificaram uma plasticidade no comportamento dos sítios de rDNA 45S, tanto em relação ao número quanto à posição dos mesmos. Além disso foi constatado, pela primeira vez em plantas, a manifestação de sítios frágeis nesse loci, na forma de gaps, nos cromossomos metafásicos. Alguns trabalhos mostraram que, em *Lolium*, os gaps se manifestam sob a forma de fibra estendida no sítio de rDNA 45S, os quais podem ser avaliados em relação à sua atividade/acessibilidade transcricional por meio de técnicas para identificação de marcas epigenéticas. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o status da metilação das citosinas do DNA (5-mCyt), diretamente relacionada ao silenciamento gênico, nas diferentes conformações dos sítios de rDNA 45S, em núcleos interfásicos e cromossomos metafásicos de *L. perenne* cultivar Ellet. A técnica de imunolocalização indireta com anticorpo primário anti-5-metilcitosina *mouse* monoclonal e secundário anti-*mouse* FITC-conjugado foi realizada em combinação com a FISH utilizando sondas de rDNA 45S (pTa 71 de *Triticum aestivum* L.) marcadas de forma direta com Texas red. Foram avaliados seis núcleos interfásicos, três com sete sítios e três com oito sítios de rDNA 45S, em um total de 45. A maioria dos sítios estavam posicionados na periferia ou no interior do nucléolo em estado hipometilado (46,66%) e/ou hiper/hipometilado (22,22%), ou seja, apresentavam uma parte do sítio hipermetilada e a outra hipometilada. Estas marcas foram observadas em regiões descondensadas ou parcialmente descondensadas, aptas a transcrição. Todos os sítios extranucleolares estavam condensados e hipermetilados. As doze metáfases analisadas apresentaram sete sítios de rDNA 45S, totalizando 84 sítios avaliados, dos quais 60,71% estavam hipometilados, 14,29% não metilados e 25% hipermetilados. Os sítios em estado hipermetilados estavam, portanto, silenciados. As diferentes conformações dos sítios de rDNA 45S, nos núcleos interfásicos e cromossomos metafásicos são diretamente influenciadas e relacionadas com o grau de metilação das citosinas do DNA e, conseqüentemente, com a atividade transcricional destes sítios.

Palavras chaves: Epigenética; *Lolium perenne*; 5-mCyt; Sítios frágeis

Apoio Financeiro: FAPEMIG, Capes e CNPq

VARIAÇÃO INTRAESPECÍFICA E EFEITO AMBIENTAL EM IMUNOMARCAÇÃO EPIGENÉTICA EM *PENNISETUM NERVOSUM* (NEES) TRIN. (POACEAE)

Kátia Ferreira Marques-de-Resende^{1*}; Clery de Oliveira Paixão¹; Vânia Helena Techio¹; Juarez Campolina Machado²; Lisete Chamma Davide¹

¹ Laboratório de Citogenética de Plantas, Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras

² Embrapa Gado de Leite - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) - Juiz de Fora – MG, Brasil

*katia.ufla@gmail.com

Recentemente, a função da fosforilação da histona H3 na serina 10 (H3S10f), durante a interfase, passou a ser associada com regulação transcricional, replicação do DNA e apoptose. Neste estudo, a variação intraespecífica em núcleos interfásicos (NI) com diferentes padrões de imunomarcacão de sinais de H3S10f foi investigada em quatro acessos de *Pennisetum nervosum* (Nees) Trin. provenientes de duas localidades e altitudes distintas (15736; 15737 – Ladário MS; 15742 e 15749 – Corumbá MS) e disponíveis no Banco de Germoplasma da Embrapa Gado de Leite. Raízes foram fixadas em paraformaldeído 4%, maceradas em PBS 1X com 1% Triton X-100, bloqueadas com BSA 3% e digeridas com pectinase:celulase (2%:4%, pH 7.5) por 4h. Para imunomarcacão, o anticorpo primário anti-H3S10f (Rabbit polyclonal IgG, Santa Cruz Biotechnology, USA) foi diluído 1:100 e detectado com anticorpo secundário (Goat anti-rabbit IgG FITC conjugado). Foram avaliados 200 NI/acesso e realizado o teste de Scott Knott ($p < 0.05$). Com a imunomarcacão foi observada variação intraespecífica ($p < 0,05$) no padrão da H3S10f em NI entre os acessos de *P. nervosum*. Seis tipos de NI foram observados. O núcleo tipo III com dois a seis foci de fosforilação marcados no centro do núcleo foi encontrado exclusivamente no acesso 15737. O tipo IV (sinais difusos e fundidos com alta intensidade e numerosos pequenos foci dispersos pelo núcleo e nucléolo) foi característico do acesso 15742 e o tipo VI (sinais de fosforilação polarizados) foi observado mais frequentemente no acesso 15749. Os acessos 15736 e 15737, que possuem resultados citológicos e estatísticos mais semelhantes, são do mesmo local (Ladário) e de altitudes próximas (144 e 137, respectivamente). Os outros dois acessos, 15742 e 15749, são da mesma localidade (Corumbá), porém foram encontrados em altitudes diferenciadas (140 e 85, respectivamente). Os resultados contribuíram para caracterizar e sugerir efeito de localidade e altitude sobre as marcas epigenéticas em NI dos quatro acessos de *P. nervosum*. Similarmente, como proposto para tabaco e milho, sugere-se que esta modificação epigenética está relacionada com regulação gênica em núcleos interfásicos nesta espécie.

Palavras-chave: mitose; modificação pós-traducional; H3S10f

Agências de fomento: CAPES, CNPq e FAPEMIG.

AVALIAÇÃO DA AGRESSIVIDADE DE ISOLADOS DE *PSEUDOCERCOSPORA GRISEOLA* EM DIFERENTES LINHAGENS DE FEIJOEIRO.

Nathália Bottrel Maia Pereira¹; Paula Furtado de Pádua²; Elaine Aparecida de Souza³

¹Graduanda em Agronomia, Bolsista do CNPq ;Universidade Federal de Lavras-UFLA ; DBI ; Lavras ; Minas Gerais; Brasil. nathalia.bmp@agronomia.ufla.br

²Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas; Universidade Federal de Lavras-UFLA; DBI; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

³Professora Titular do Departamento de Biologia; Universidade Federal de Lavras-UFLA; DBI; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

O feijoeiro é uma cultura com grande importância econômica e social para o Brasil. Entre os fatores que afetam a sua produtividade e causam instabilidade de produção, estão os patógenos, especialmente os fungos. A mancha angular do feijoeiro, causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola*, é uma das doenças mais importantes da cultura. Este patógeno apresenta ampla variabilidade patogênica, o que dificulta a obtenção de cultivares com resistência durável. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a agressividade de diferentes isolados de *P. griseola*, oriundos de folhas e vagens com lesões de mancha angular, coletadas em campos de feijoeiro na cidade de Lambari, MG. Para isso, foram obtidas 20 culturas monospóricas de *P. griseola*. O teste de agressividade foi conduzido sob o delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, em um esquema fatorial 4x20, sendo quatro linhagens de feijão (Madrepérola, Pérola, MA-III e Ouro Negro) e 20 isolados de *P. griseola*. Para o preparo da suspensão de conídios, discos de micélio da colônia de cada isolado de *P. griseola* foram replicados para tubos de ensaio contendo meio BDA (batata-dextrose-ágar) e mantidos à temperatura de 24°C na incubadora, por um período de 12 dias. As linhagens de feijoeiro foram semeadas em bandejas de polietileno oito dias após o plantio, as plântulas no estádio V2, foram inoculadas com uma suspensão de conídios, na concentração de $4,0 \times 10^4$ conídios/mL. A avaliação da reação das linhagens a *P. griseola* foi realizada 15 dias após a inoculação, com o auxílio da escala diagramática proposta por Librelon et al. (2015). As fontes de variação linhagens, isolados e a interação linhagens x isolados, apresentaram diferenças significativas ($P < 0,05$). Portanto, pode-se inferir que provavelmente diferentes raças de *P. griseola* estão atuando no campo. A cultivar Madrepérola apresentou-se suscetível a quase todos os isolados, sendo resistente a apenas três dos isolados avaliados. As cultivares Pérola, MA-III e Ouro Negro apresentaram-se resistentes a todos os isolados. O isolado 16 foi o mais agressivo, pois, causou em média, maior nota de severidade nas linhagens avaliadas. Os resultados obtidos indicam que ocorre ampla variabilidade patogênica de isolados *P. griseola* no campo, sendo necessário um constante monitoramento e coleta de novos isolados para se utilizar nos programas de melhoramento de feijoeiro visando à resistência a este patógeno.

Palavras-chave: Resistência genética; *Phaseolus vulgaris*; Mancha Angular.

Agradecimento: CAPES, FAPEMIG, CNPq

RESISTÊNCIA À PINTA PRETA DE GENÓTIPOS DE BATATA COM PERIDERME VERMELHA

Silvia Regina Rodrigues de Paula Ribeiro^{1*}; Rafaela Pereira Carvalho¹; Stéfany Balbino da Silva¹; Luana de Cássia Simões¹; César Augusto Brasil Pereira Pinto¹.

¹Universidade Federal de Lavras. Departamento de Biologia. Lavras-MG. Brasil.

* Autor para correspondência: silviaribeiro@dbi.ufla.br

Dentre as cultivares de batata mais plantadas no Brasil, a cultivar Asterix, possui periderme avermelhada e tem ótima aceitação na indústria de pré-fritas congeladas e também no mercado *in natura*. A cor da periderme associada ao alto teor de matéria seca dos tubérculos são características de destaque desta cultivar. Porém, ela apresenta algumas desvantagens, como a intolerância a altas temperaturas e suscetibilidade a doenças, como é o caso da pinta preta causada por *Alternaria* spp. Para o uso industrial, é necessário que algumas características estejam presentes como olhos rasos, formato alongado, maiores teores de matéria seca, conferindo uma melhor qualidade de fritura e altas produtividades. No entanto, o conhecimento sobre resistência ou suscetibilidade à doenças são também informações importantes. Com o intuito de conhecer o comportamento com relação a pinta preta, foram avaliados clones com periderme vermelha do Programa de Melhoramento de Batata da UFLA, previamente selecionados quanto à aparência geral, produtividade e qualidade de tubérculos em condições brasileiras. Foram obtidas, *in vitro*, plântulas de 23 clones vermelhos juntamente com as testemunhas: Aracy (resistente) e Bintje (suscetível). O teste foi realizado a partir de brotos dos tubérculos, inseridos em tubos de ensaio contendo meio de cultura MS e alocados em sala de crescimento sob condições controladas. Ao atingirem o crescimento ideal, cinco plântulas de cada tratamento foram inoculadas com um disco micelial do isolado AG 169 de *A. grandis*. Após cinco dias no escuro, a resposta das plântulas ao patógeno foi avaliada por meio da escala de notas adaptada de Van der Waals. As notas médias de cada tratamento foram submetidas à análise de variância e ao teste Scott-Knott. A ANAVA foi significativa ($p < 0,05$) para as notas, indicando diferentes níveis de resistência à pinta preta. Já o teste de Scott-Knott agrupou os tratamentos em quatro grupos, sendo possível diferenciar genótipos considerados resistentes e suscetíveis a doença. Dos clones avaliados 52% se mostraram resistentes ao patógeno e dois deles, CBM 08-20 e MLG 18-04, apresentaram notas inferiores às notas da testemunha resistente Aracy. A maioria dos clones que se comportou como resistente possui também alta produtividade de tubérculos graúdos, elevado peso específico e boa cor de fritura, além de boa aparência de tubérculos para o mercado *in natura*. Foram identificados clones com características semelhantes as da cultivar Asterix, porém, resistentes à pinta preta e tolerantes ao calor.

Palavras-chaves: Resistência à pinta preta; Periderme vermelha; Indústria de pré-fritas congeladas.

Agradecimentos: Capes, CNPq e FAPEMIG.

RESISTÊNCIA DE ACESSOS SILVESTRES À MOSCA BRANCA E TRAÇA-DO-TOMATEIRO

André Ricardo Zeist¹; Wilson Roberto Maluf²; André Gabriel³; Ricardo Antônio Zeist⁴; Luis Felipe Lima e Silva⁵; Alex Antônio da Silva⁶

¹Bolsista de Pós-Doutorado Júnior (CNPq), Universidade Federal de Lavras, UFLA/Lavras-MG/Brasil. E-mail: andre.zeist@bol.com.br

²Professor Titular do Departamento de Agricultura, UFLA/Lavras-MG/Brasil;

³Doutorando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil.

⁴Mestrando em Produção Vegetal – Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil;

⁵Bolsista Pós-Doutorado PNPB/CAPES Universidade Federal de Lavras, UFLA/Lavras-MG/Brasil;

⁶Bolsista Pós-Doutorado Júnior (CNPq), UNICENTRO/Guarapuava-PR/Brasil.

Dentre as diversas formas de manejo de pragas, a resistência genética presente em recursos genéticos é de grande valia para possibilitar a obtenção de descendentes que favoreçam o manejo integrado e a redução de produtos fitossanitários. Neste sentido, o objetivo com o trabalho foi estimar o nível de resistência à mosca branca e traça-do-tomateiro em acessos de espécies silvestres de tomateiro e na cultivar Redenção. Avaliaram-se os acessos silvestres *Solanum pimpinellifolium* 'AF 26970', *S. galapagense* 'LA-1401', *S. peruvianum* 'AF 19684', *S. habrochaites* var. *hirsutum* 'PI-127826', *S. habrochaites* var. *glabratum* 'PI-134417' e *S. pennellii* 'LA-716' e a cultivar Redenção (*Solanum lycopersicum*). Foram conduzidos dois experimentos, em delineamento experimental utilizado de blocos com os tratamentos distribuídos ao acaso e com três repetições. Nas avaliações da resistência à mosca branca, realizou-se a contagem do número de ovos, ninfas e adultos mortos em três folíolos do terço superior, mediano e inferior, sendo utilizada a média dos três terços da planta para a análise. Quanto à traça do tomateiro os danos causados foram avaliados por meio de metodologia visual por escala de notas. Os resultados foram analisados no programa SISVAR e seus grupos de média agrupados pelo Teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. As plantas resistentes a mosca branca foram também resistentes a traça-do-tomateiro. Os acessos silvestres 'LA-1401', 'PI-127826', 'PI-134417' e 'LA-716' foram os que apresentaram menor preferência para ovoposição e número de ninfas de mosca branca. Esses mesmos acessos foram também os com menor danos causados pela traça-do-tomateiro. A maior quantidade de adultos mortos de mosca branca foi observada em 'PI-127826', 'PI-134417' e 'LA-717'. Os acessos 'AF 26970' e 'AF 19684' e cultivar Redenção demonstraram-se suscetíveis às pragas avaliadas.

Palavra-chave; *Bemisia tabaci* biótipo B, *Tuta absoluta*, melhoramento genético.

Apoio: CNPq e Capes.