

# XXII International Symposium in Genetics and Plant Breeding

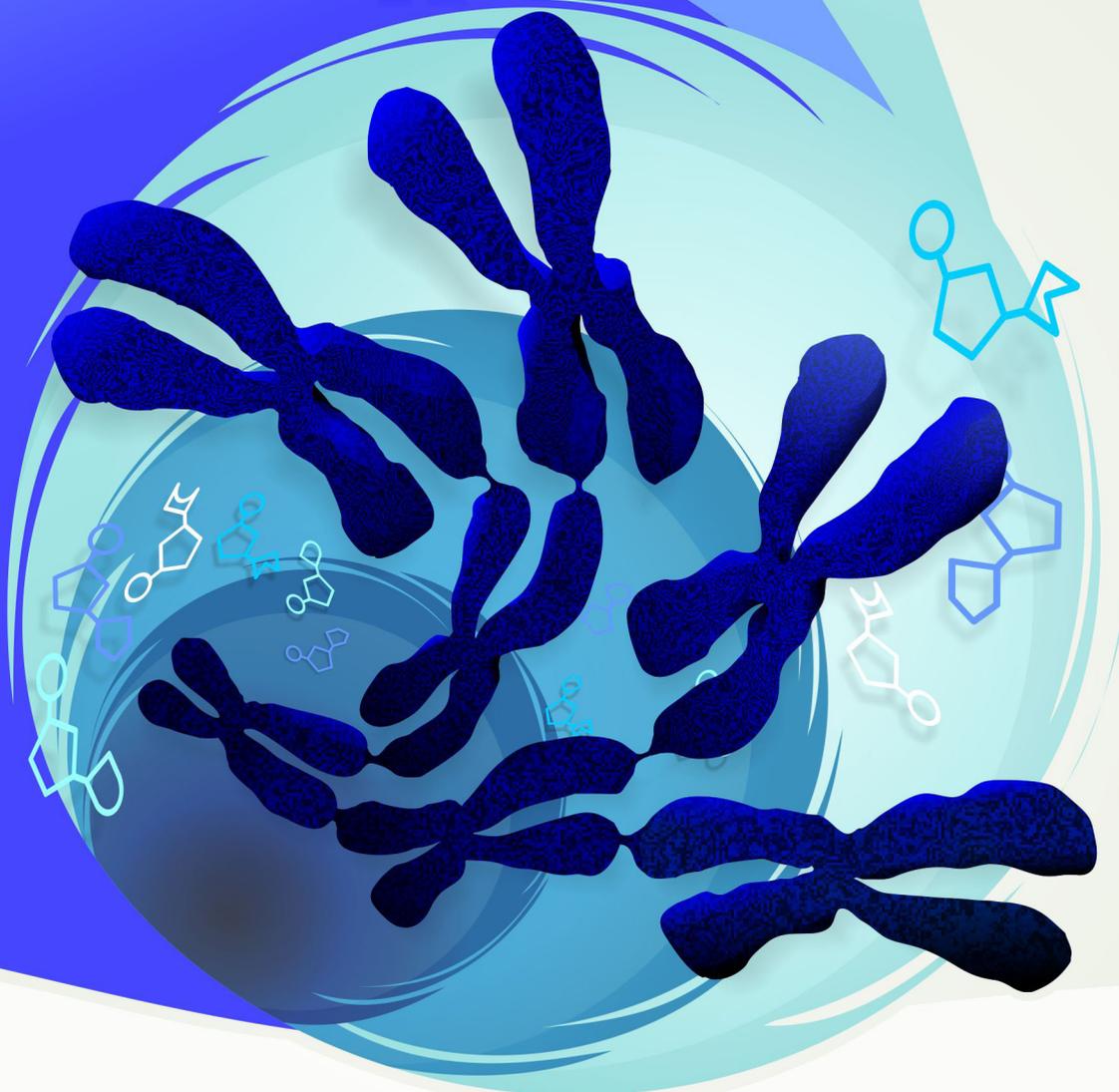
## Polyploidy challenges and implications in Genetics and Plant Breeding

Part of the Plant Science Symposia Series

November  
21<sup>st</sup> to 23<sup>rd</sup>

Anfiteatro  
Magno Antonio Patto Ramalho  
UFLA, Lavras - MG

Information  
[www.nucleoestudo.ufla.br/gen](http://www.nucleoestudo.ufla.br/gen)



Realization



Organization



Support



Sponsors



# XXII International Symposium in Genetics and Plant Breeding

**Polyploidy** challenges and implications  
in Genetics and Plant Breeding

Part of the Plant Science Symposia Series

Lavras - MG  
2018

## **Corpo Editorial**

Guilherme de Jong  
Gabriel Mendes Villela  
Juliana Andrade Dias  
Flaviane de Oliveira Ribeiro  
Roxane do Carmo Lemos  
Fernanda Souza Lopes  
Marco Túlio Mendes Ferreira  
Antonio Carlos Mota Porto  
Rafael Novais de Miranda  
Lucas Rodrigues Rosado  
Maiara Oliveira Fernandes  
Gustavo Pucci Botega  
Pedro Luis Benelli Balducci  
Flávia Maria Avelar  
Gonçalves João Cândido de  
Souza

# **Anais do XII International Symposium in Genetics and Plant Breeding**

22<sup>a</sup> edição

Ficha catalográfica elaborada pela Coordenadoria de Processos Técnicos da Biblioteca  
Universitária da UFLA

International Symposium in Genetics and Plant Breeding (22. :2018 : Lavras, MG)

[Abstracts of the] XXII International Symposium in Genetics and Plant  
Breeding : Polyploidy : Challenges and Implications in Genetics and Plant  
breeding / corpo editorial, Guilherme de Jong ... [et al.]. – Lavras : Ed.  
UFLA, 2018. 61 p.

Bibliografia

Prefixo Editorial: 80023

Número ISBN: 978-65-80023-00-4

1. Genética. 2. Melhoramento de plantas. 3. Poliplodia.

I. de Jong, Guilherme. II. Universidade Federal de Lavras. III. Título.

CDD - 631.53

Ficha elaborada por Márcio Barbosa de Assis (CRB 6/1930)

*A qualidade e conteúdo dos resumos publicados nesta obra são de inteira responsabilidade de seus autores.*

# COMISSÃO ORGANIZADORA

**Presidente:** Flávia Maria Avelar Gonçalves

*Coordenadora do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas/UFLA*

**Vice-presidente:** José Airton Rodrigues Nunes

*Coordenador Adjunto do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas/UFLA*

**Coordenação Geral:** Guilherme de Jong

*Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas*

**Vice Coordenador Geral:** Gabriel Mendes Villela

*Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas*

**Gestão de Recursos:** Flaviane de Oliveira Ribeiro

*Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas*

Juliana Andrade Dias

*Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas*

Roxane do Carmo Lemos

*Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas*

**Secretaria:** Fernanda Souza Lopes

*Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas*

Marco Túlio Mendes Ferreira

*Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas*

**Coordenação de Informática:** Antonio Carlos Mota Porto

*Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas*

Rafael Novais Miranda

*Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas*

**Coordenação de Eventos:** Lucas Rodrigues Rosado

*Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas*

Maiara Oliveira Fernandes

*Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas*

**Coordenação de Assuntos Estudantis:** Gustavo Pucci Botega

*Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas*

Pedro Luis Benelli Balducci

*Graduando em Agronomia*

**Docentes envolvidos:** João Cândido de Souza

*Professor Titular no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas/UFLA  
e chefe do Departamento de Biologia/UFLA*

Vânia Helena Techio

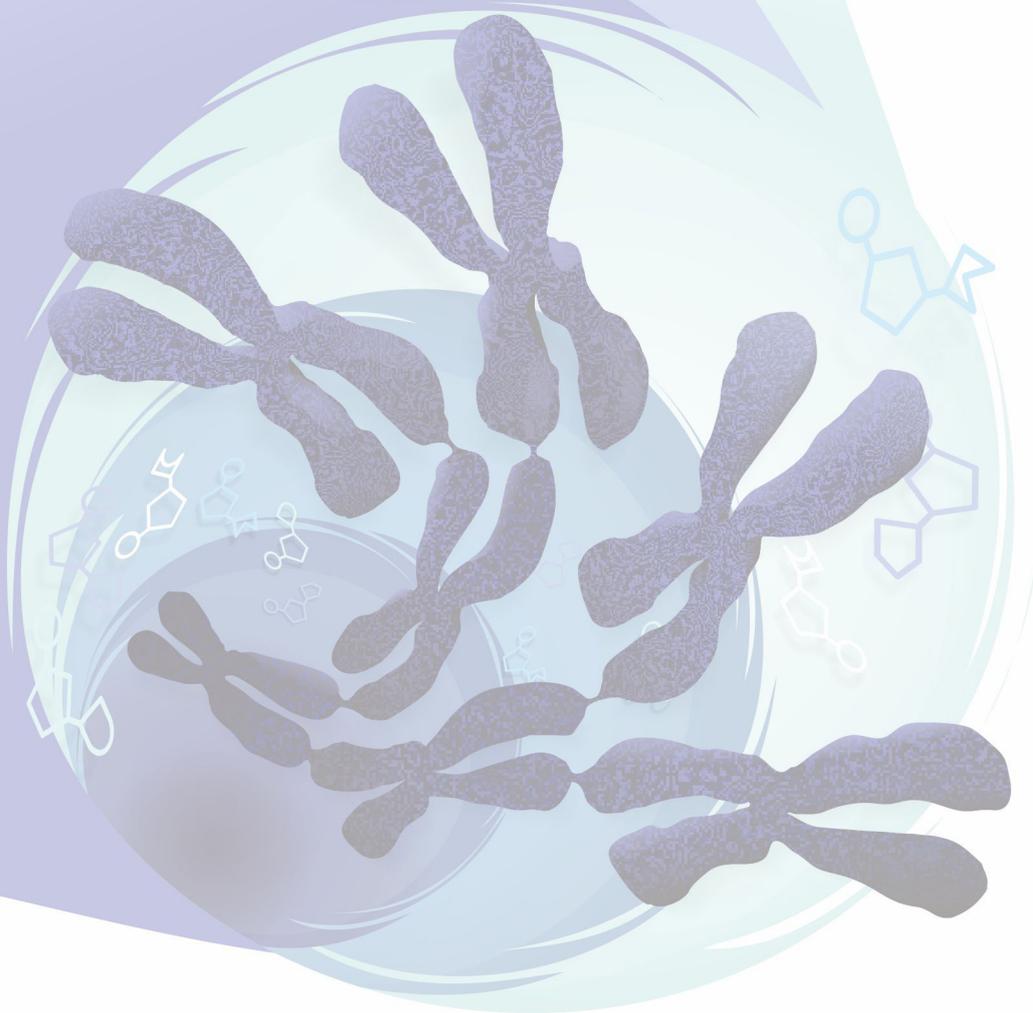
*Professora Associada no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas/UFLA*

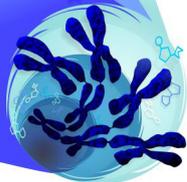
## SUMÁRIO

<b>CYTOGENETICS</b>	7
ANÁLISE DO NÍVEL DE PLOIDIA ATRAVÉS DECITOGENÉTICA MOLECULAR EM ACESSOS DE <i>Cenchrus Nervosus</i> (NEES) TRIN.	8
AFINIDADE GENÔMICA ENTRE <i>Piper aduncum</i> E <i>Piper hispidinervum</i> REVELADA POR GISH	9
MOLECULAR DRIVE IN <i>Arabidopsis thaliana</i> CENTROMERIC SATELLITE DNA AND ITS IMPLICATION FOR GENOME ASSEMBLY AND EVOLUTION	10
SEED AGING AND CHROMOSOME BEHAVIOR IN <i>Zea mays</i> L.	11
HETEROCHROMATIN HAS DIFFERENT EPIGENETIC INDEXING PATTERNS IN <i>Crotalaria juncea</i> (LEGUMINOSAE-PAPILIONOIDEAE)	12
IDENTIFICAÇÃO DO NÚMERO DE SÍTIOS DE rDNA 35S E 5S EM <i>Digitaria abyssinica</i> (Poaceae)	13
ON THE INFLUENCE OF CHROMOSOMAL REARRANGEMENTS IN THE SATELLITE DNA SEQUENCES HOMOGENIZATION	14
ELIMINAÇÃO DE CROMOSSOMOS EM HÍBRIDOS POLIPLOIDES INTRAESPECÍFICOS DE <i>Brachiaria humidicola</i>	15
CARACTERIZAÇÃO DOS ESTÁGIOS DE FORMAÇÃO DO SACO EMBRIONÁRIO EM ESPÉCIES DE <i>Urochloa</i> P. Beauv. E ASSOCIAÇÃO COM AS CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DA ESPIGUETA	16
CITOMIXIA, FORMAÇÃO DE MICRONÚCLEOS E INVIABILIDADE POLÍNICA EM HÍBRIDOS SEXUAIS INTERESPECÍFICOS POLIPLOIDES DE <i>Brachiaria</i>	17
CERTIFICAÇÃO DO NÚMERO CROMOSSÔMICO E ESTIMATIVA DA QUANTIDADE DE DNA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE <i>Urochloa</i> P. Beauv.	18
NÚMERO CROMOSSÔMICO E CONTEÚDO DE DNA DE <i>Stachys byzantina</i> K. KOCH	19
<b>MOLECULAR GENETICS</b>	20
ANÁLISE MORFOLÓGICA E FISIOLÓGICA DE LINHAGENS DE <i>Colletotrichum</i> spp. OBTIDOS DE LESÕES DE SARNA E ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO COMUM	21
COMPATIBILIDADE VEGETATIVA E SEXUAL ENTRE LINHAGENS DE <i>Glomerella</i> spp. DO FEIJOEIRO	22
PLANTAS INOCULADAS POR PATÓGENOS APRESENTAM MAIS ÁCIDOS NUCLEICOS QUE PLANTAS NÃO INOCULADAS?	23
ANÁLISE DO NÚMERO DE DIAS PARA ESPORULAÇÃO DE ISOLADOS DE <i>Pseudocercospora griseola</i>	24
DIVERSIDADE GENÉTICA E CONTEÚDO DE DNA ENTRE ACESSOS DE SERRALHA	25
EFEITO DO DÉFICIT HÍDRICO NA EXPRESSÃO GÊNICA EM MILHO	26
VALIDAÇÃO DE QTLS DE RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO EM PROGÊNIES DE FEIJÃO DERIVADAS DE SELEÇÃO RECORRENTE	27
SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES VISANDO A DETECÇÃO MÚLTIPLA DOS ALELOS DE RESISTÊNCIA AOS VÍRUS PVY (RYADG) E PVX (RX1) EM CLONES DE BATATA	28
<b>QUANTITATIVE GENETICS AND PLANT BREEDING</b>	29
CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERES DE VALOR NUTRITIVO EM HÍBRIDOS DE <i>Brachiaria</i> spp.	30
SELEÇÃO NÃO-TRUNCADA DE CLONES DE BATATA EM ENSAIO COM DESBALANCEAMENTO PLANEJADO USANDO O TESTE DE DUNNETT	31
GGE BILOT ANALYSIS IN MULTI-ENVIRONMENT TRIALS AND HARVESTS IN WET AND DRY SEASONS FOR LEAF DRY MATTER YIELD IN <i>Panicum Maximum</i> JACQ.	32
FRUIT SIZE HETEROYSIS IN TOMATO HYBRIDS OBTAINED FROM A MINI-TOMATO DWARF INBRED LINE	33

NORMAS DE REAÇÃO NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTE EM SORGO BIOMASSA	34
PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS DE INDIVÍDUOS EM TESTE CLONAL DE <i>Eucalyptus</i> spp.	35
CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM HÍBRIDOS TETRAPLOIDES DE <i>Paspalum notatum</i> Flüggé	36
ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE CANDEIA NO MUNICÍPIO DE AIURUOCA, MINAS GERAIS	37
MAPEAMENTO GENÉTICO DE MARCADORES SNPS (SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS) EM CANA-DE-AÇÚCAR ( <i>Saccharum</i> spp.)	38
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MORANGOS COM BASE EM CARACTERÍSTICAS QUÍMICAS	39
EFEITO DO DÉFICIT HÍDRICO NA ESTERILIDADE DE ESPIGUETAS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS	40
AVALIAÇÃO DA QUALIDADE DE LUZ EM CLONES HÍBRIDOS DE <i>Eucalyptus urophylla</i> x <i>Eucalyptus grandis</i> PELA MICROPROPAGAÇÃO	41
IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERES EM SORGO SACARINO	42
QUANTIFICAÇÃO DE AÇÚCARES TOTAIS EM GRÃOS DE CAFFEIRO ARÁBICA VISLUMBRANDO O MERCADO DE CAFÉS ESPECIAIS	43
RESISTÊNCIA DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO À ISOLADOS DE <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	44
AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE FRUTOS DE CUPUAÇUZEIRO EM PLANTIOS COMERCIAIS EM TOMÉ-AÇU, NORDESTE PARAENSE	45
ADAPTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO ( <i>Sorghum bicolor</i> L. Moench) PARA PRODUÇÃO DE AÇÚCARES E BIOMASSA	46
CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CAFEEIROS BIG COFFEE VL	47
COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE RELACIONADOS À PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS	48
COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS PARA OBTENÇÃO DA MASSA DE MIL GRÃOS EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS	49
IMPLICAÇÕES DO EMPREGO DE ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA-COVARIÂNCIA NA SELEÇÃO ANTECIPADA EM GENÓTIPOS DE ICATU ( <i>Coffea arabica</i> )	50
POTENCIAL DA POPULAÇÃO DO CICLO XVI DA SELEÇÃO RECORRENTE PARA A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS NO FEIJOEIRO	51
REAÇÃO DE DIFERENTES LINHAGENS DE FEIJOEIRO DE GRÃOS TIPO CARIOCA E PRETO A <i>Pseudocercospora griseola</i> .	52
SELECTION OF SUGARCANE CLONES BASED ON THE EARLY PREDICTION OF FIBRE CONTENT USING NEAR-INFRARED SPECTROSCOPY	53
USO DE ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA A DIFERENÇÃO DE GRUPOS VARIETAIS EM <i>Nicotiniana tabacum</i>	54
REAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO A ISOLADO DA RAÇA 65 DE <i>Colletotrichum lindemuthianum</i>	55
<b>GENETIC RESOURCES</b>	56
GENETIC DIVERSITY OF <i>Paspalum</i> L. ACCESSIONS FROM VIRGATA GROUP BASED ON MOLECULAR MARKERS	57
GERMINAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE <i>Ocotea odorifera</i> (Vell.) Rowher VISANDO A PROPAGAÇÃO E CONSERVAÇÃO GENÉTICA DA ESPÉCIE	58
DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE <i>Coffea arabica</i> EM CONDIÇÕES DE CERRADO DO PLANALTO CENTRAL DO BRASIL	59
GERMINAÇÃO <i>IN VITRO</i> DE <i>Cattleya crispata</i> (Thunb.) Van den Berg	60

# CYTOGENETICS





## **ANÁLISE DO NÍVEL DE PLOIDIA ATRAVÉS DE CITOGENÉTICA MOLECULAR EM ACESSOS DE *Cenchrus Nervosus* (NEES) TRIN.**

**Alex Júnior Aparecido Silvestrini<sup>1\*</sup>, Ludmila Cristina Oliveira<sup>1</sup>,  
Guilherme Tomaz Braz<sup>2</sup>, Giovana Augusta Torres<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG.

<sup>2</sup>Department of Plant Biology – Michigan State University.

\*Autor correspondente: alexjroquini@gmail.com

A determinação do nível de ploidia é uma importante etapa envolvida na caracterização de germoplasma para inserção em programas de melhoramento genético. Técnicas de citogenética clássica e molecular podem ser de grande valia nessa caracterização, seja através da descrição cariotípica da espécie ou da localização cromossômica de alguns genes. A localização dos genes ribossomais 45S e 5S são uma interessante estratégia a ser utilizada nesse tipo de estudo, uma vez que os mesmos formam extensos blocos de seqüências repetitivas e são extremamente conservados em eucariotos. *Cenchrus nervosus* (Nees) Trin. é uma espécie selvagem que possui relatos de  $2n=36$  cromossomos, supostamente tetraploide, e que possui potencial para inserção em programas de melhoramento genético de espécies cultivadas de *Cenchrus*, uma vez que espécies não domesticadas comumente possuem alelos favoráveis para caracteres de interesse agrônômico. Diante disso, objetivou-se realizar a avaliação do nível de ploidia em acessos de *C. nervosus* pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG através de técnicas de citogenética molecular. Para tanto, lâminas contendo radículas maceradas foram preparadas pelo método de secagem à chama e as melhores foram selecionadas e submetidas à técnica de hibridização in situ fluorescente (FISH), com sondas de DNAr 5S e 45S marcadas, respectivamente, com biotina e digoxigenina. A detecção das sondas foi feita com anti-biotina e anti-digoxigenina, e os cromossomos foram contra corados com DAPI com posterior captura em microscópio de epifluorescência. Todas as metáfases avaliadas apresentaram  $2n=36$  cromossomos com um par cromossômico possuindo o loco de DNAr 5S e um outro par o loco de DNAr 45S. Esse resultado contraria o esperado para espécies tetraploides, no qual seriam esperados ao menos dois pares cromossômicos portando cada um dos locos. Portanto, pode-se considerar a possibilidade de a espécie ser um diploide, devido ao número de locos apresentados, ou a ocorrência de eliminação de alguns desses locos em decorrência de rearranjos cromossômicos ao longo do período evolutivo da espécie.

**Palavras-chave:** Citogenética; Ploidia; Genes ribossomais; Melhoramento genético; *Pennisetum*.

**Apoio financeiro:** CAPES; CNPq; FAPEMIG.

## AFINIDADE GENÔMICA ENTRE *Piper aduncum* E *Piper hispidinervum* REVELADA POR GISH

Nina Reis Soares<sup>1\*</sup>, Caio Túlio Rodrigues Correa<sup>1</sup>, Giovana Augusta Torres<sup>1</sup>

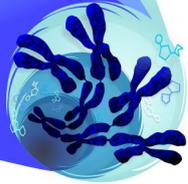
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: ninareissoares@hotmail.com

O gênero *Piper* possui mais de 700 espécies, sendo 450 são encontradas no Brasil, possuindo grande importância econômica pela presença de substâncias importantes em seu óleo essencial. *Piper aduncum* é fonte de dilapiol, enquanto que *Piper hispidinervum* é fonte de safrol. São consumidas mais de 3000 toneladas de safrol todos os anos mundialmente, com grande importância nas indústrias farmacêuticas e cosmética e ambas a substâncias são de interesse da indústria química com a produção de bioinseticidas. As espécies são morfologicamente muito similares e, portanto, sua definição taxonômica é controversa, existindo várias hipóteses quanto a sua classificação. Alguns trabalhos classificam *Piper hispidinervum* e *Piper aduncum* como espécies distintas, outros como *Piper hispidinervum* como um quimiotipo de *Piper aduncum* e ainda a hipótese de que são uma espécie, porém, *Piper hispidinervum* seria uma variedade de *Piper aduncum* com restrição geográfica. Se fazem necessários então estudos complementares para um melhor entendimento da classificação taxonômica. A técnica de hibridação in situ genômica (GISH) é uma metodologia eficiente para a análise genômica, permitindo a detecção de similaridades genômicas entre a espécie a ser estudada e a espécie utilizada para a confecção da sonda. No presente trabalho, sondas genômicas de *Piper aduncum* foram aplicadas em lâminas de *Piper hispidinervum*, de forma a comparar as homologies genômicas de ambas as espécies. Na análise dos resultados, foi observado um padrão de hibridização concentrado nas regiões centroméricas e mais disperso ao longo dos braços cromossômicos, curtos e longos. Isso indica que a similaridade se concentra nas regiões repetidas da região centromérica do complemento e que as regiões predominantemente codantes são diversas como em espécies sabidamente distintas. Dessa forma, o resultado ainda preliminar aponta para a hipótese de que se tratam de duas espécies distintas.

**Palavras-chave:** Sonda genômica; Piperaceae; centrômero.

**Apoio financeiro:** Capes; CNPq; FAPEMIG.



## **MOLECULAR DRIVE IN *Arabidopsis thaliana* CENTROMERIC SATELLITE DNA AND ITS IMPLICATION FOR GENOME ASSEMBLY AND EVOLUTION**

**Gabriel Fernando Silva<sup>1\*</sup>, Gabriela Moreira Machado<sup>1</sup>,  
Ramon Caria de Moraes<sup>1</sup>; Mateus Mondin<sup>1</sup>**

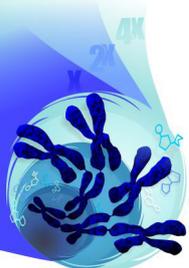
<sup>1</sup>CYNGELA – Cytogenomics and Epigenetics Laboratory, Department of Genetics, “Luiz de Queiroz” College of Agriculture - ESALQ, University of São Paulo - USP, Piracicaba - SP, Brazil.

\*Autor correspondente: gabriel.fernando.silva@usp.br

Repetitive DNA sequences *in tandem*, also named as satellite DNAs (satDNAs), are organized by monotonous motifs arranged as long arrays in specific regions of the genome. The motif monotony remains being the biggest challenge to the complete genome assembly. On the other hand, nucleotide mutations have been reported inside satDNA motifs accumulated by a process called molecular drive that does not follow Neo-Darwinian theory and Mendel’s Laws. Furthermore, most of the knowledge regarding the molecular drive arose from comparative studies between species. However, the mechanism on how the nucleotide mutations appear and spread through the satDNA arrays remains undetermined. In the *Arabidopsis thaliana* genome, satDNA regions are found in the pericentromeric regions of all chromosomes and are composed mainly by the pAL1 family (180pb). The pAL1 satDNA family was used for the nucleotide diversity analysis within and among chromosomes. A sample of 1995 motifs of pAL1 family from the *A. thaliana* genome were data-mined from assembled BACs. Each motif was processed and identified according to the BAC position inside the chromosomes. Nucleotide diversity analysis was carried out using the Maximum Likelihood (ML) tree applying the Tamura-3-Parameter as a model with gamma distribution and bootstrap of 1000 repetitions. A ML tree was constructed for each chromosome. Motifs belonging to the same arrays form strong cluster in the branches. For the motif clusters of the chromosome 4 and 5 the neighbor branches followed the same order of the BACs in the assembled genome. However, this order of the neighbor branches was discontinued by inversion of some BAC positions in the chromosomes 1, 2 and 3. The results suggest a strong relationship between satDNA arrays diversity and physical distance. Therefore, based on these results, a reorganization of the BACs in the *A. thaliana* centromeres was proposed. In an altogether analysis of the 1995 motifs the sequences of the chromosome 4 and 5 were clustered in well-defined branches, while the motifs of the chromosome 1, 2 and 3 were dispersed. The motifs found in the chromosome 5 had the lowest dispersion in the tree, revealing a high level of nucleotide homogenization. These results suggest a possible origin to the family pAL1 from motifs belonging to chromosomes 4 and 5. Moreover a highly homogeneous cluster of motifs with sequences of all the chromosomes was identified and interpreted as being the centromeric core. Once the centromeric core requires a close interaction between satDNA and the centromeric histone protein CENH3, the motifs would be under selective pressure conserving their nucleotide sequences required for DNA-protein interaction.

**Keywords:** Satellite DNA; Concerted Evolution; Molecular Drive; Genome Assembly.

**Financial Support:** CAPES and PET/MEC.



## SEED AGING AND CHROMOSOME BEHAVIOR IN *Zea mays* L.

**Renata Flávia Carvalho<sup>1\*</sup>, Sílvia C. Menuzzo-Molina<sup>1</sup>,  
Margarida L. R. Aguiar-Perecin<sup>1</sup>; Mateus Mondin<sup>1</sup>**

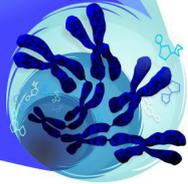
<sup>1</sup>CYNGELA – Cytogenomics and Epigenetics Laboratory, Genetic Department, ESALQ/ USP.

\*Autor correspondente: carvalho.rf@usp.br

Seed aging is one of the causes that leads to increased frequencies of chromosomal abnormalities observed in different plant crops, including maize. Maize inbred lines were obtained by sibling crosses S4 and S5 of progenies that were established from seeds of two families of progenies S2 and S3 of the commercial variety Jac-Duro (JD - Flint type endosperm). These lines were then designated as JD 1-3, JD 2-1, JD 4-4 and JD 4-1. In particular, the JD 4-1 family underwent a long period of storage until its recover in 2016. In this context, with the goal of evaluating the effects of seed aging and its impacts on maize physiology and cytogenetics, samples of new (recently multiplied) and old (stored since 1992) seeds of three genotypes of the inbred lines JD 4-1 (41122, 41242 and 412331) were evaluated for mitotic instability and germination. The experiment was set up in a 3x2x5 factorial design completely randomized performed in a growth chamber at 28°C. The collected roots were fixed in Carnoy, stained by the Feulgen Method and slides were made by the squashing method. Cell cycle phases, mitotic index and abnormalities frequency (micronucleus, anaphase bridge, telophase bridge, C-metaphases, chromosome loss and stickiness) were evaluated. Similarly, percentage of germination was determined for each treatment. Regarding the mitotic division phases and mitotic index, there were no significant differences when old and young seeds were compared. This same result was observed comparing the different abnormalities found between treatments. However, three types of chromosomal aberrations were commonly observed: micronucleus, anaphase bridge and chromosome loss. Moreover, it was observed that the new seeds of all genotypes showed the highest abnormality frequencies. Concerning percentage of germination, a higher rate of germination of new seeds was observed for the three genotypes. The results indicate that seeds aging may have affected the genome stability, since aging causes functional decrease in all tissues, leading to reduced ability to overcome stress environments. Consequently, can be observed DNA damage, which affect the chromosomes behaviour. Therefore, chromosomal abnormalities shown in this study are indicators that the seed age may have a clastogenic and aneugenic actions on the genome. Association between reduction of the percentage of germination and the increase of chromosomal alterations with the aging of maize seeds have been shown. Nevertheless, this result was not found in the present study, since the young seeds exhibited both higher percentage of germination and higher abnormalities frequency. Aging is still a phenomenon little understood in plants. In this investigation, under natural conditions, it was possible to observe the aging effects on chromosome behaviour after a long storage period, generating some insights that may contribute to the understanding of the effect of aging on the maize genome.

**Keywords:** Aging; Chromosomal Aberrations; Genome; Maize.

**Financial support:** Capes; CNPq.



## **HETEROCHROMATIN HAS DIFFERENT EPIGENETIC INDEXING PATTERNS IN *Crotalaria juncea* (LEGUMINOSAE-PAPILIONOIDEAE)**

**Yajahaira Carbajal<sup>1\*</sup>, Larissa Andrade<sup>1</sup>, Sílvia C. Menuzzo-Molina<sup>1</sup>,  
Mateus Mondin<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>CYNGELA – Cytogenomics and Epigenetics Laboratory, Genetic Department, ESALQ/ USP.

\*Autor correspondente: ycarbajalg@usp.br

Heterochromatin is cytologically an ever-condensed chromatin structure, composed of satellite DNA [satDNA], with late replication on S-phase, heavily methylated in cytosine residues and a desert for gene presence. Heterochromatin is a highly homogenous chromosomal structure, once independently of its position on the genome its features remains unchangeable. On the other hand, heterochromatin presents a highly variable satDNA composition among species, and it has been used as a marker for genome/chromosomal evolution studies. Histone modifications and methylcytosine play a central role on the chromatin structure and consequently for epigenetic indexing. The advent of antibody against these modifications opened the opportunity for a detailed characterization of the chromatin. *Crotalaria juncea* (Leguminosae-Papilionidae) has been a model for chromatin structure and epigenetic studies due its chromosomal features. The species presents only  $2n=2x=16$  chromosomes, with ribosomal arrays of 45S rDNA mapped on chromosome 1 and 4, and the 5S rDNA on chromosome 1. The pericentromeric regions are characterized by a CMA<sup>+</sup>/CMA-DA<sup>-</sup>/DAPI<sup>-</sup> heterochromatin suggesting a GC-rich satDNA. A chromatin epigenetic indexing mapping was carried out in *C. juncea* by immunolocalization of 5'-methylcytosine (5MC) and histone modifications. Immunolocalization of the 5MC revealed a quenched fluorescent pattern associated to the pericentromeric heterochromatic regions, while euchromatin remains fluorescent. Despite the fact of the pericentromeric region been CG-rich the 5-MC does not show any intense signal inside this region. The NOR-chromatin is not completely quenched, but due the lower DNA density inside this region the fluorescence is quite lower. Inside the nucleolus the chromatin shows positive signal for the 5MC, following the pattern observed in the secondary constriction of the mitotic metaphase chromosomes. The H3K9met1 has a gradient of distribution starting intense from pericentromeric regions, diminishing inside the euchromatin, but stopping before the telomeric region. On the other hand, the H3K27met3 has an intense fluorescence at the telomeric heterochromatic region and no signal at the pericentromeric heterochromatin. Surprisingly, these heterochromatic telomeric regions showed bright signals for H3K14ac and H4K8ac. Moreover, during interphase the H3K14ac has a strong signal inside the NOR-chromatin, but not in the adjacent heterochromatin. This distribution of histone acetylation has a clear correlation to the cytosine methylation at the same region, despite the fact the 5MC is localized also in the NOR-heterochromatin while the H3K14ac is only found at the euchromatin inside the nucleolus. The results suggest that the heterochromatic regions have different patterns of epigenetic indexing even sharing the same cytological properties.

**Keywords:** *Crotalaria juncea*; heterochromatin; epigenetic indexing; histone; 5MC.

**Financial support:** CNPq.

## **IDENTIFICAÇÃO DO NÚMERO DE SÍTIOS DE rDNA 35S E 5S EM *Digitaria abyssinica* (Poaceae)**

**Ana Luisa Arantes Chaves<sup>1\*</sup>, Raquel Bezerra Chiavegatto<sup>1</sup>,  
Marco Tulio Mendes Ferreira<sup>1</sup>, Flávio Rodrigo Gandolfi Benites<sup>2</sup>,  
Vânia Helena Techio<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: alaranteschaves@gmail.com

*Digitaria* Haller compreende forrageiras poliploides de importância agropecuária que se apresentam como um potencial reservatório de alelos para resistência a estresses bióticos e abióticos. Apesar de sua importância, inexistem programas de melhoramento no Brasil, reflexo disso são as poucas análises genéticas e citogenéticas entre as espécies do gênero. O aprofundamento nessa abordagem pode permitir, por exemplo, a caracterização cromossômica que contribui para estudos de citotaxonomia e sistemática, além de auxiliar no direcionamento de cruzamentos para o melhoramento genético. Portanto, o objetivo deste trabalho foi confirmar o número cromossômico e o nível de ploidia, assim como o número e a posição dos sítios de rDNA 35S e 5S em três genótipos de *Digitaria abyssinica*. Para a obtenção de C-metáfases, raízes foram pré-tratadas em ciclohexamida 0.0025%, por 2h em temperatura ambiente e fixadas em Carnoy (etanol:ácido acético, 3:1 v/v). A digestão da parede celular foi realizada com mix enzimático por 1h e 32 min. Para a localização dos sítios de rDNA 35S e 5S foi utilizada a técnica de hibridização *in situ* fluorescente (FISH). As lâminas foram analisadas em microscópio de epifluorescência, totalizando a avaliação de 45 metáfases. Todos os genótipos de *D. abyssinica* apresentaram  $2n=4x=36$ , com 4 sítios de rDNA 45S em posição terminal e apenas um sinal hemizigoto de rDNA 5S em posição intersticial nos cromossomos. A detecção de apenas um sítio de rDNA 5S pode ser considerada rara em comparação com outras angiospermas, que normalmente evidenciam este locus em homozigose em um par cromossômico, com uma tendência de aumento do número de sítios de acordo com o incremento do nível de ploidia. Esta situação pode ser decorrente de processos de pós-poliploidização que envolvem uma reestruturação do genoma, sobretudo por eventos de deleção.

**Palavras-chave:** Poliploidia; Citogenética; Forrageiras.

**Apoio Financeiro:** Capes; CNPq; Fapemig.

## ON THE INFLUENCE OF CHROMOSOMAL REARRANGEMENTS IN THE SATELLITE DNA SEQUENCES HOMOGENIZATION

**Gabriela Moreira Machado<sup>1\*</sup>, Gabriel Fernando Silva<sup>1</sup>, Mateus Mondin<sup>1</sup>**

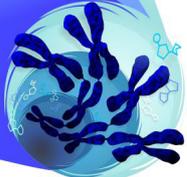
<sup>1</sup>CYNGELA - Cytogenomics and Epigenetics Laboratory, Department of Genetics, “Luiz de Queiroz” College of Agriculture - ESALQ, University of São Paulo.

\*Autor correspondente: gabrielamachado@usp.br

Satellite DNA (satDNA) sequences are the most susceptible fraction of the genome to acquire mutations through a molecular drive process named Concerted Evolution. The satDNAs are characterized by motifs of nucleosomal size, organized *in tandem* on certain regions of the genome, such as the centromere. The centromere is a chromosomal structure responsible for the correct segregation of the chromosomes during the cell cycle. The DNA sequences inside the centromere are not conserved among species. As a result of the molecular drive, the accumulation of nucleotide mutations through the generations may cause the complete turnover of the satDNA. The process of molecular drive and Concerted Evolution are well-described in the literature. However, it has not been studied if chromosome rearrangement affects this process. It is thought that *A. thaliana* karyotype arose from numerous chromosomal rearrangements from an ancestral karyotype similar to modern *A. lyrata*. Only four rearrangements occurred in regions involving the centromeres of the ancestral chromosomes 6, 7 and 8, giving place to modern *A. thaliana* chromosomes 4 and 5. There are at least four known centromeric 180 bp satDNA families in *Arabidopsis* genera, one of which is only present in *A. thaliana*, and *A. lyrata* has the remaining three of these families. Considering this evolutionary history involving centromeric rearrangements and satDNA families, the genus *Arabidopsis* offers the landscape to address the impact of these events on the molecular drive of repetitive sequences. To answer these questions, the centromeric regions of both species were downloaded from the database (<https://plants.ensembl.org/>). BACs from centromeric regions were analyzed by DotPlot using JDotter software to locate those that presented repetitive sequences. The motifs of four different satDNA families were mined and individualized by the software Tandem Repeats Finder and BioEdit, and then were aligned using MEGA7 software. A Maximum Likelihood tree (ML) was generated using the Tamura-3 parameter, with gamma distribution and bootstrap of 1000. The ML tree showed a clear separation between both species. *A. thaliana* chromosomes 4 and 5 are intermingled and clustered together, which indicates a high level of homology between them. On the other hand, *A. lyrata* chromosomes 6, 7 and 8 clustered individually and presented a high level of nucleotide polymorphism according to their three different subfamilies. Both species differ from each other by chromosome rearrangements that allow us to infer that during the chromosome evolution, centromeric breaks followed by inversions altered the molecular drive, forcing a rapid turnover and homogenization of the repetitive sequences in *A. thaliana*. This result hints that changes in the genomic context provided by the rearrangements influence the homogenization process, shaping the way the concerted evolution occurs.

Keywords: Repetitive Sequences; satellite DNA; Concerted Evolution; Karyotype Evolution.

Funding agencies: CNPq, PET-MEC.



## **ELIMINAÇÃO DE CROMOSSOMOS EM HÍBRIDOS POLIPLOIDES INTRAESPECÍFICOS DE *Brachiaria humidicola***

**Gabriel Luiz de Melo Sales<sup>1\*</sup>, Celina Medeiros Ragalzi<sup>1</sup>, Italo José de Araújo Vidal<sup>1</sup>,  
Cacilda Borges do Valle<sup>3</sup>, Andréa Beatriz Mendes-Bonato<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular, Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR, Brasil.

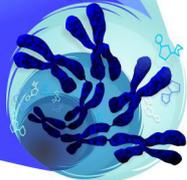
<sup>3</sup>Embrapa Gado de Corte, Campo Grande – MS, Brasil.

\*Autor correspondente: gabrielmsales9@gmail.com

No gênero *Brachiaria*, a maioria das espécies é apomítica, um modo de reprodução caracterizado pela produção de sementes sem a necessidade de fecundação, produzindo indivíduos geneticamente idênticos à planta mãe. A descoberta de indivíduos sexuais dentro do gênero possibilitou a exploração desses genótipos fixados pela apomixia. Assim, os programas de melhoramento passaram a utilizar esta sexualidade para a introgressão de genes desejáveis através das hibridações. A hibridação de plantas sexuais com apomíticas segrega 1:1. Os híbridos sexuais são utilizados para ampliar a variabilidade genética nos programas de melhoramento. Além do modo de reprodução, o melhoramento da *Brachiaria* também enfrenta a barreira imposta pela poliploidia. A poliploidia é frequente no gênero e acarreta na ocorrência de anormalidades meióticas que resultam na inviabilidade dos grãos de pólen produzidos. As análises da microsporogênese dos híbridos de *Brachiaria* possibilitam identificar os níveis de ploidia, as anormalidades que acontecem durante a meiose e a organização de novos cruzamentos viáveis. Portanto, o objetivo deste trabalho foi analisar citogeneticamente sete híbridos intraespecíficos sexuais de *B. humidicola*, participantes do programa de melhoramento da Embrapa Gado de Corte – Campo Grande, MS. Para as análises citológicas, foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmim propiônico 1%. A porcentagem de anormalidades meióticas identificadas variou de 4,64% nas metáfases I do híbrido PL 289 a 100% nas anáfases I do híbrido PL02 e nas anáfases II dos híbridos PL02, PL216, PL289 e PL350. Essas irregularidades segregacionais culminaram na formação de micronúcleos que tiveram diferentes destinos. Em algumas células, foi possível observar a reincorporação desses cromossomos no conjunto principal, em outras, os micronúcleos permaneceram até o final do processo de divisão, formando tétrades com micronúcleos nos seus micrósporos. Nos híbridos PL 64 e PL 179 também foi observada ocorrência de citocinese irregular que levou a formação de tétrades com micrócitos e/ou políades. Qualquer que seja o destino dos micronúcleos, eles vão resultar na eliminação de cromossomos gerando micrósporos com quantidade desbalanceada de material genético e consequente formação de grãos de pólen inviáveis. Por serem híbridos intraespecíficos esperava-se uma menor ocorrência de anormalidades meióticas, pois os genomas parentais são compatíveis. Entretanto, a condição tetraploide desses híbridos pode estar afetando o processo meiótico e comprometendo a viabilidade do pólen e a produção de sementes.

**Palavras-chave:** microsporogênese, meiose, poliploidia.

**Apoio financeiro:** UEM, Embrapa, Unipasto.



## **CARACTERIZAÇÃO DOS ESTÁGIOS DE FORMAÇÃO DO SACO EMBRIONÁRIO EM ESPÉCIES DE *Urochloa* P. Beauv. E ASSOCIAÇÃO COM AS CARACTERÍSTICAS MORFOMÉTRICAS DA ESPIGUETA**

**Ana Gabriela Damasceno<sup>1\*</sup>, Mara Jane da Rocha<sup>1</sup>, Fausto Souza Sobrinho<sup>2</sup>, Vânia Helena Techio<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, Brasil.

<sup>2</sup>EMBRAPA Gado de Leite, Juiz de Fora- MG, Brasil.

\*Autor correspondente: agd.gabriela@gmail.com

O gênero *Urochloa* P. Beauv. [Sin. *Brachiaria* (Trin.) Griseb.] apresenta espécies com reprodução sexual e apomítica. Estudos comparativos em nível anatômico são importantes ferramentas para o entendimento desses dois modos de reprodução. A partir disso, o objetivo deste estudo foi analisar a megasporogênese e megagametogênese nas espécies *Urochloa ruziziensis* (diploide e sexual) e *Urochloa decumbens* (tetraploide e apomítica) por meio de cortes anatômicos e correlacionando-os com aspectos de morfometria da espiguetas. Para isso, as plantas cedidas pela EMBRAPA Gado de Leite, Juiz de Fora, foram cultivadas em vasos e mantidas em casa de vegetação. As inflorescências foram coletadas e fixadas em Carnoy (Álcool etílico: Ácido acético, 3:1). Posteriormente, foram medidos o comprimento e diâmetro das espiguetas contidas na inflorescência, com auxílio do software ImageJ 1.51j8. Em seguida, estas foram emblocadas em historesina para a realização dos cortes. As lâminas foram coradas com Azul de Toluidina 1% e montadas com Verniz Acrilex e observadas em microscópio de luz. Foram avaliadas 31 espiguetas de *U. ruziziensis* sendo que no estágio de megasporogênese o comprimento variou de 2.475 a 5.025mm e o diâmetro de 0.507 a 1.303mm e na megagametogênese, de 5.085 a 6.239mm de comprimento e diâmetro 1.224 a 1.731mm. Em *U. decumbens* foram avaliadas 28 espiguetas, cujo comprimento variou de 2.766 a 4.816mm e o diâmetro 0.995 a 1.811mm na megasporogênese e de 5.069 a 5.811mm para o comprimento e 1.771 a 2.100mm para o diâmetro na megagametogênese. O aumento no comprimento acompanhou o desenvolvimento do saco embrionário, no entanto, o mesmo não foi observado para o diâmetro das espiguetas. Na megagametogênese, o saco embrionário formado em *U. ruziziensis* foi do tipo *Polygonum*, característico de espécies sexuais e em *U. decumbens* do tipo *Panicum*, característico de espécies apomíticas. As informações obtidas neste estudo, serviram como ferramentas importantes para a realização de novos trabalhos para melhor compreensão tanto da apomixia como da reprodução sexual em *Urochloa*.

**Palavras- chaves:** Anatomia floral; Apomixia; Gametófito feminino.; *Brachiaria*.

**Apoio financeiro:** CNPq, Capes e FAPEMIG.

## **CITOMIXIA, FORMAÇÃO DE MICRONÚCLEOS E INVIABILIDADE POLÍNICA EM HÍBRIDOS SEXUAIS INTERESPECÍFICOS POLIPLOIDES DE *Brachiaria***

**Celina de Medeiros Ragalzi<sup>1\*</sup>, Gabriel Luiz de Melo Sales<sup>1</sup>,  
Felipe Cardoso Tarifa Vido<sup>1</sup>, Cacilda Borges do Valle<sup>2</sup>,  
Andréa Beatriz Mendes-Bonato<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Corte, Campo Grande – MS, Brasil.

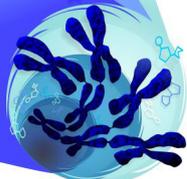
<sup>3</sup>Departamento de Biotecnologia, Genética e Biologia Celular, Universidade Estadual de Maringá, Maringá – PR, Brasil.

\*Autor correspondente: celina\_ragalzi@hotmail.com

O gênero *Brachiaria* (syn. *Urochloa*) destaca-se entre as espécies forrageiras, ocupando até 90% da área plantada no Brasil. Aproximadamente 50 milhões de hectares, o que corresponde à metade da área plantada, são ocupados com a cultivar Marandu, uma *Brachiaria brizantha*. Frente esta situação, é premente a necessidade de desenvolvimento de novas cultivares de *Brachiaria* que apresentem boas qualidades agrônomicas e forrageiras a fim de atender à demanda dos produtores. O programa de melhoramento de *Brachiaria* da Embrapa Gado de Corte tem investido recursos no desenvolvimento de novas cultivares. As espécies do gênero *Brachiaria* são apomíticas e poliploides, o que faz com que haja necessidade de plantas sexuais para serem utilizadas como genitor feminino nos programas de hibridação. Fontes sexuais poliploides, normalmente, não são encontradas na natureza. Além disso, muito dos híbridos obtidos na descendência são instáveis e apresentam variados graus de irregularidades meióticas. Os estudos de citogenética são constantes nos programas de melhoramento, com o objetivo de identificar os genótipos mais estáveis. Neste sentido, o presente estudo teve como objetivo auxiliar o programa de melhoramento genético de *Brachiaria* realizado pela Embrapa Gado de Corte (Campo Grande – MS) através da determinação do comportamento meiótico do genótipo 460-9, um híbrido sexual interespecífico. Para as análises citológicas foi utilizada a técnica de esmagamento e coloração com carmin propiônico 1%. A viabilidade do pólen foi testada pelo método colorimétrico. As imagens mais representativas foram capturadas usando microscópio óptico Olympus CX 31, contendo câmera SC 30 e o programa *AnalySIS getIT*. As anormalidades meióticas encontradas no híbrido se iniciaram nas subfases da prófase I. Nestas subfases, foram evidenciados canais citoplasmáticos, com e sem citomixia e fusão celular. Na Metáfase I, foram visualizados muitos cromossomos fora da placa equatorial e grandes micronúcleos já formados nesta fase. Estas anormalidades e a presença de muitos cromossomos retardatários nas anáfases I, levaram a formação de uma grande quantidade de micronúcleos de diferentes tamanhos em telófases I e prófases II. Nas metáfases II, além dos grandes micronúcleos que ainda eram visualizados, também foi observada a formação de micrócitos com grande quantidade de material genético. Os micronúcleos permaneceram durante a anáfase e a telófase II, levando a formação de produtos finais anômalos com micrósporos de diferentes tamanhos e com quantidade desbalanceada de material genético. Quando irregularidades ocorrem durante a meiose e culminam na formação de micrósporos desbalanceados, os grãos de pólen formados, por sua vez, são inviáveis. A inviabilidade polínica acarreta em baixa produção de sementes, limitando o sucesso da hibridação.

**Palavras- chave:** meiose; poliploidia; microsporogênese.

**Apoio financeiro:** Embrapa, Unipasto, CAPES.



## **CERTIFICAÇÃO DO NÚMERO CROMOSSÔMICO E ESTIMATIVA DA QUANTIDADE DE DNA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Urochloa* P. Beauv.**

**Mara Jane da Rocha<sup>1\*</sup>, Raquel Bezerra Chiavegatto<sup>1</sup>,  
Fausto de Souza Sobrinho<sup>2</sup>, Vânia Helena Techio<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora - MG, Brasil.

\*Autor correspondente: marajane\_r@hotmail.com

Espécies do gênero *Urochloa* têm grande importância como forrageiras para a agropecuária mundial. No melhoramento genético, híbridos interespecíficos tem sido obtidos com objetivo de reunir características de interesse, bem como ampliar a variabilidade genética. De modo geral, para viabilizar os cruzamentos interespecíficos, utiliza-se como genitores masculinos as espécies *Urochloa decumbens* (Stapf) R. D. Webster e *Urochloa brizantha*, (Hochst. Ex. A. Rich.) R. D. Webster, apomíticas e tetraploides, e como genitor feminino a espécie *Urochloa ruziziensis* (R.Germ. & Evrard) Crins, sexual e tetraploidizada artificialmente. Nesse sentido, tendo em vista um melhor aproveitamento e manipulação desses híbridos, avaliações citogenéticas podem auxiliar os programas de melhoramento. Portanto, objetivou-se com esse estudo determinar o número cromossômico e estimar a quantidade de DNA nuclear do híbrido interespecífico HDR36, cruzamento entre *U. ruziziensis* x *U. decumbens* e do híbrido interespecífico H10.6/168 (Genótipo 1), cruzamento entre *U. ruziziensis* x *U. brizantha*. Para a contagem cromossômica, meristemas radiculares foram coletados e pré tratados com ciclohexamida (0,025%) por 2 horas a temperatura ambiente. Posteriormente, foram fixados em Carnoy (3:1, álcool etílico: ácido acético). As lâminas foram preparadas pela técnica de dissociação de células e secagem ao ar e contrastadas com DAPI. As melhores metáfases, com cromossomos espalhados, foram capturadas usando uma câmera acoplada a um microscópio de fluorescência Olympus BX 60. Para estimativa do conteúdo de DNA, três amostras de cada híbrido foram quantificadas por meio de citometria de fluxo. Tecidos foliares jovens dos híbridos e do padrão de referência, *Pisum sativum* (padrão interno de referência – quantidade de DNA 2C = 9,09pg) foram macerados com o tampão de extração o LB01 afim de obter uma suspensão nuclear. Em seguida, foi adicionado iodeto de propídio e quantificado, pelo menos, dez mil núcleos. Pelos resultados obtidos confirmou-se  $2n=4x=36$  para o híbrido HDR 36 e  $2n=4x=36+1$  para o híbrido H10.6/168 (Genótipo 1), caracterizando-o como aneuploide. Os valores em pg de DNA nuclear encontrados para H10.6/168 (Genótipo 1) e HDR36 foram de  $2C=2,93pg \pm 0,2$  e  $2,91pg \pm 0,04$ , respectivamente. As análises apresentaram boa precisão, com coeficientes de variação médios considerados baixos (0,4). Finalmente, as técnicas citogenéticas usadas no trabalho possibilitaram caracterizar eficientemente os híbridos quanto ao número cromossômico e a quantificação do tamanho do genoma nuclear.

**Palavras-chave:** *Brachiaria*; Aneuploidia; Gramíneas forrageiras.

**Apoio financeiro:** Capes, CNPq, Fapemig.



## NÚMERO CROMOSSÔMICO E CONTEÚDO DE DNA DE *Stachys byzantina* K. KOCH

Luis Felipe Lima e Silva<sup>1\*</sup>, Vânia Helena Techio<sup>2</sup>, Luciane Vilela Resende<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

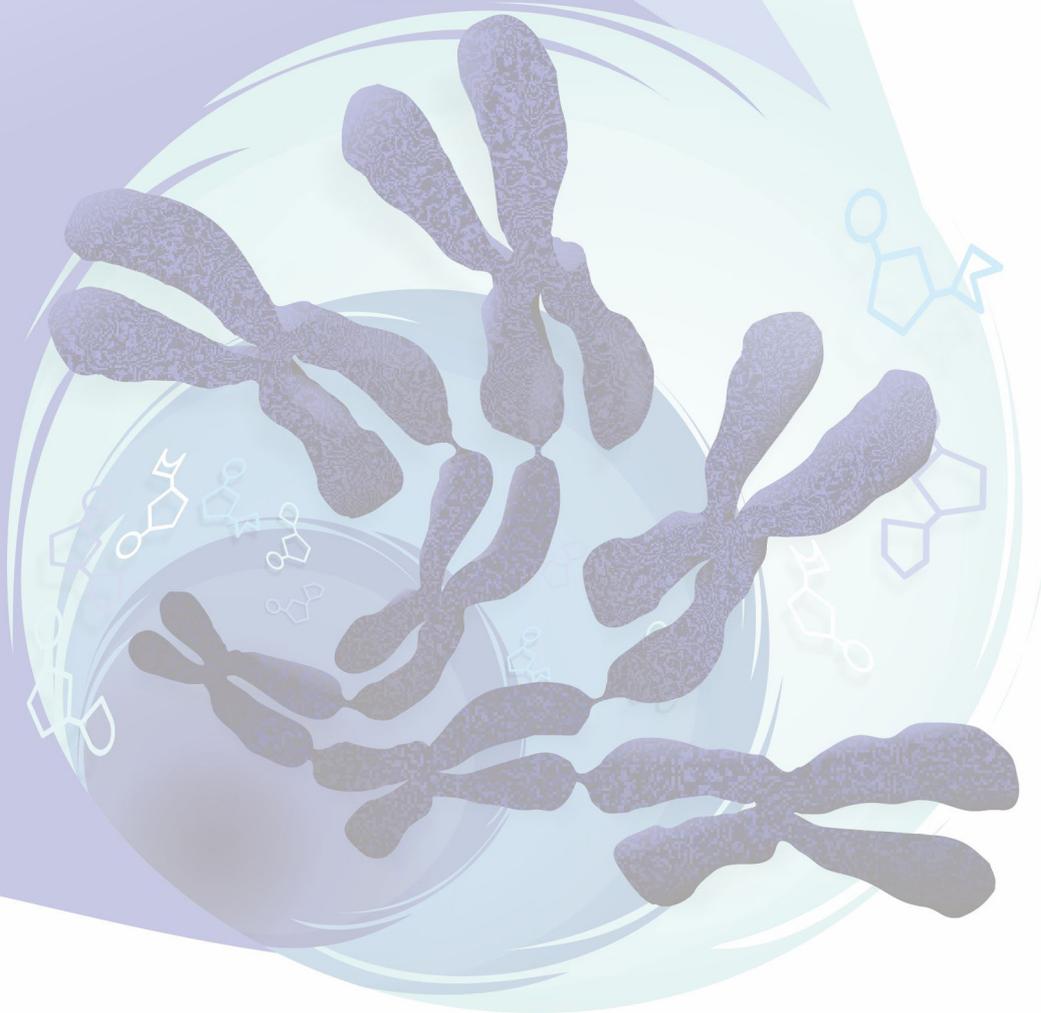
\*Autor correspondente: luisufla@hotmail.com

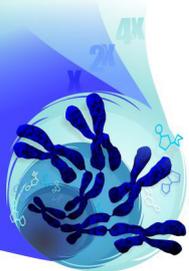
No Brasil, tem sido incentivado o resgate de espécies de hortaliças não convencionais, tal como o peixinho (*Stachys byzantina* K. Koch). Conhecimentos sobre a diversidade genética e a taxonomia das variedades dessa hortaliça são limitados, e também pouco se encontra sobre as similaridades e as diferenças genéticas apresentadas. Visando o melhoramento genético é fundamental a caracterização citogenética de espécies que apresentam grande variabilidade genética e têm mecanismos evolutivos pouco estudados. *S. byzantina* apresenta ampla variabilidade fenotípica, entre as diversas variedades cultivadas, e existe grande carência de estudos genéticos sobre esta espécie. Com isso, o objetivo do trabalho foi realizar contagens cromossômicas e quantificação do DNA nuclear da espécie *Stachys byzantina* K. Koch. O material vegetal foi obtido a partir de plantas pertencentes ao setor de Olericultura da Universidade Federal de Lavras. Os tecidos meristemáticos foram coletados das pontas das raízes, e posteriormente, submetidos ao tratamento com o bloqueador mitótico Colchicina 0,002 M, por 5 horas, a uma temperatura de 25° C, para depois serem fixados em Carnoy. Após a digestão enzimática, as lâminas foram preparadas de acordo com a técnica do esmagamento e coradas com Giemsa 5%, por 7 minutos. Para a determinação da quantidade de DNA nuclear por citometria de fluxo, as amostras dos tecidos foliares das espécies estudadas foram avaliadas juntamente com amostras de tecido foliar jovem de ervilha (*Pisum sativum*), tida como espécie padrão de referência. A espécie *Stachys byzantina* apresentou 30 cromossomos e 1,54 pg de DNA. Não foram encontrados relatos de outros trabalhos que realizaram a quantificação do DNA nuclear desta espécie.

**Palavras-chave:** Citogenética; Hortaliças subutilizadas; Melhoramento Genético Vegetal.

**Apoio financeiro:** Capes, CNPq, Fapemig.

# MOLECULAR GENETICS





## ANÁLISE MORFOLÓGICA E FISIOLÓGICA DE LINHAGENS DE *Colletotrihum spp.* OBTIDOS DE LESÕES DE SARNA E ANTRACNOSE DO FEIJOEIRO COMUM

Mariana Andrade Dias<sup>1\*</sup>, Ana Carolina Faria Martins<sup>1</sup>,  
Larissa Carvalho Costa<sup>1</sup>, Suellen Finamor Mota<sup>1</sup>, Elaine Aparecida de Souza<sup>1</sup>

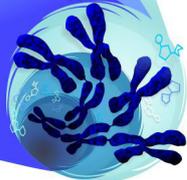
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: mariandrade\_mb@hotmail.com

O gênero *Colletotrichum* infecta muitas espécies de hospedeiros apresentando ampla variabilidade entre e dentro de espécies. No feijoeiro comum, a antracnose e a sarna são doenças fúngicas que apresentam sintomas semelhantes no caule, mas distintos nas vagens. Estas doenças são causadas por espécies do gênero *Colletotrichum*, sendo o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* o agente causal da antracnose. No entanto, no caso da sarna, ainda há dúvidas sobre o agente etiológico da doença. Isolados oriundos de lesões de antracnose e sarna têm sido investigados nos últimos anos e linhagens de *Glomerella spp.* (fase teleomórfica) e *Colletotrichum spp.* (fase anamórfica) têm sido obtidas e identificadas por diversas características morfológicas, citológicas, moleculares e patogênicas. Portanto, esse estudo teve como objetivo caracterizar linhagens de *Colletotrichum* isoladas a partir de lesões de sarna e antracnose do feijoeiro. Para isso 30 linhagens de *Colletotrichum*, sendo quatro isoladas a partir de lesões de antracnose (uma monospórica e três monoascospóricas) e 26 de lesões de sarna (22 monospóricas e quatro monoascospóricas) foram avaliadas quanto ao índice de velocidade de crescimento micelial (IVCM), diâmetro colonial (DC) e as respectivas taxas de esporulação aos 11 e 18 dias. Os experimentos foram montados em delineamento inteiramente casualizado com três repetições, sendo a parcela constituída por uma placa de Petri. As 30 linhagens foram repicadas, separadamente, em placas de Petri contendo meio BDA e mantidas em BOD a 23°C. Foi observada variabilidade para ambas as características avaliadas. Para o diâmetro colonial e IVCM houve diferença significativa ( $P \leq 0,05$ ) entre as linhagens avaliadas. O crescimento micelial das linhagens de *C. lindemuthianum* foi mais lento quando comparado com o das linhagens *Colletotrichum spp.* Para a esporulação, diferenças significativas foram observadas nas fontes de variação Linhagens e também para interação Linhagem x Tempo. Na avaliação aos 11 e 18 dias as linhagens foram classificadas em cinco e oito grupos distintos. Sendo que a maioria das linhagens foram agrupadas no grupo C (53,33%) e E (23,33%) aos 11 e 18 dias, respectivamente. Essas informações são importantes para os programas de melhoramento que visam obter cultivares resistentes a antracnose e sarna do feijoeiro.

**Palavras-Chave:** *Colletotrichum lindemuthianum*; Melhoramento genético; *Phaseolus vulgaris*.

**Apoio Financeiro:** FAPEMIG; CNPq; CAPES.



## COMPATIBILIDADE VEGETATIVA E SEXUAL ENTRE LINHAGENS DE *Glomerella* spp. DO FEIJOEIRO

Ana Carolina Faria Martins<sup>1\*</sup>, Mariana Andrade Dias<sup>1</sup>,  
Fernanda Aparecida Castro Pereira<sup>1</sup>, Elaine Aparecida de Souza<sup>1</sup>

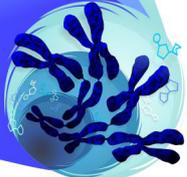
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras- MG, Brasil.

\*Autor correspondente: anacfmartins44@gmail.com

A antracnose é uma das principais doenças fúngicas do feijoeiro. O agente etiológico é o fungo *Colletotrichum lindemuthianum* e na forma sexuada é denominado *Glomerella cingulata* f. sp. *phaseoli*. Recentemente, o gênero tem sido associado a uma nova doença, a sarna. Devido à grande variabilidade apresentada pelo patógeno, a resistência obtida é “quebrada” facilmente. Essa variabilidade tem sido associada também à reprodução sexuada. Diante disso, este trabalho objetivou verificar a ocorrência de reações de compatibilidade vegetativa e sexual entre quatro linhagens de *Glomerella* spp.. As linhagens foram oriundas de lesões de sarna (51-2A, 13-2A, 13-1A1) e antracnose (38-3A). Discos miceliais de 5mm de diâmetro foram confrontados dois a dois a uma distância de 5cm um do outro em placas de Petri contendo meio BDA (Batata-Dextrose-Ágar), sendo quatro repetições por tratamento. As placas foram mantidas em BOD (Bio-Oxygen Demand) à 23°C no escuro e avaliadas após 20 dias. A compatibilidade vegetativa foi caracterizada pela mistura micelial na zona de contato e a sexual pela formação de uma linha de contato negra contendo peritécios entre as linhagens. Após a visualização dos peritécios, estes foram esmagados e avaliados quanto a sua fertilidade, ou seja, produção de ascos e ascósporos, utilizando o microscópio Olympus CX41. Observou-se compatibilidade vegetativa entre as linhagens em 50% dos pareamentos realizados. Quanto à compatibilidade sexual, 33% dos pareamentos foram compatíveis e 67% não compatíveis. Todos os pareamentos em que houve formação de peritécios, estes foram férteis. Importante ressaltar que os cruzamentos entre as linhagens 51-2A x 38-3A foram 100% compatíveis vegetativamente e sexualmente. A formação de diferentes grupos de compatibilidade corrobora com a hipótese de se tratar de um complexo de espécies associadas à essas doenças.

**Palavras-chave:** *Glomerella* spp.; reprodução sexual; Antracnose.

**Apoio financeiro:** FAPEMIG, CNPq.



## PLANTAS INOCULADAS POR PATÓGENOS APRESENTAM MAIS ÁCIDOS NUCLEICOS QUE PLANTAS NÃO INOCULADAS?

**Caroline Marcela da Silva<sup>1\*</sup>; Rafael Novais de Miranda<sup>1</sup>; Antonio Carlos Mota Porto<sup>1</sup>; Fernanda Souza Lopes<sup>1</sup>; Welison Andrade Pereira<sup>1</sup>**

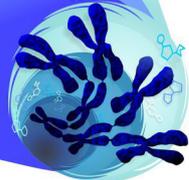
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: carolmsilva@posgrad.ufla.br

Para o melhor entendimento da ação dos genes chave na interações entre plantas e patógenos, é cada vez mais importante analisar a expressão gênica diferencial entre genótipos resistentes e suscetíveis a um determinado patógeno. Por esta razão, diversos estudos vêm sendo realizados no feijoeiro quando desafiado por patógenos, tais como *Colletotrichum lindemuthianum* e *Sclerotinia sclerotiorum*. Com base em observações da etapa de extração do RNA total das plantas, tem sido verificada maior quantificação de ácidos nucleicos em amostras inoculadas relativamente àquelas não inoculadas. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi verificar se, de fato, mais ácidos nucleicos são extraídos de plantas inoculadas. Para isto, três diferentes ensaios foram realizados, envolvendo diferentes linhagens de feijão e duas diferentes espécies de patógenos. No ensaio 1 as linhagens Esplendor BRS (resistente) e Valente BRS (susceptível) foram inoculadas com o isolado LV238, raça 65, de *C. lindemuthianum* em delineamento experimental inteiramente casualizado com três repetições.. Amostras foliares foram obtidas 72 horas após a inoculação e acondicionadas em freezer -80°C até a extração do RNA total. Nos ensaios 2 e 3, as linhagens Cornell 605 (resistente) e Beryl (susceptível) foram inoculadas pelo método *straw test* por meio plugs de DBA com micélios do isolado UFLA27 de *S. sclerotiorum*, em delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições.. Então, amostras de hastes foram obtidas 0 e 72 horas após a inoculação no ensaio 2, e em 0, 24, 48 e 72 horas após a inoculação no ensaio 3, sendo condicionadas em freezer -80°C até o momento da extração. O RNA total foi extraído utilizando PureLink™ RNA Plant Extraction Kit, seguindo as recomendações do fabricante com modificações. As alíquotas do RNA foram quantificadas em espectrofotômetro NanoVuePlus™, e tanto as quantificações quanto as relações de absorbâncias foram observadas e analisadas. Adicionalmente, as amostras foram submetidas à eletroforese em gel de agarose a 1% para verificação da integridade do RNA obtido. Para cada ensaio, os dados de quantificação de RNA (ng/mL) foram submetidos a análise de variância e posteriormente as médias foram comparadas pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade. As amostras apresentaram relações de absorbâncias e integridade satisfatórias, certificando de que o protocolo de extração utilizado foi eficiente em sua atribuição. Quanto às quantificações, de fato, foi observado mais RNA Total em amostras inoculadas do que em amostras não inoculadas. Estudos adicionais vêm sendo realizados com a finalidade de verificar a possível influência destes resultados sobre ensaios subsequentes de quantificação relativa da expressão gênica entre genótipos inoculados e não inoculados.

**Palavras- chave:** *Phaseolus vulgaris*; RNA total, extração, interação planta-patógeno.

**Apoio financeiro:** CNPq.



## **ANÁLISE DO NÚMERO DE DIAS PARA ESPORULAÇÃO DE ISOLADOS DE *Pseudocercospora griseola***

**Nathália Bottrel Maia Pereira<sup>1\*</sup>, Paula Furtado de Padua<sup>1</sup>,  
Mariana Andrade Dias<sup>1</sup>, Elaine Aparecida de Souza<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: nathalia.bmp@agronomia.ufla.br

Entre os fatores que reduzem a produtividade do feijoeiro e causam instabilidade de produção, estão os patógenos, especialmente os fungos. Uma das doenças fúngicas de maior relevância é a mancha angular do feijoeiro, causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola*. Este patógeno apresenta ampla variabilidade genética e objetivou-se avaliar a taxa de esporulação de isolados de *P. griseola* em tempos diferentes. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com 5 repetições em esquema fatorial 4x4 sendo quatro isolados de *P. griseola* e quatro dias diferentes para avaliação da esporulação. Cada parcela foi constituída por um tubo de ensaio. Para a taxa de esporulação, os isolados foram retirados pelo método do papel filtro e repicados para tubo de ensaio contendo BDA (batata- dextrose- ágar), os tubos foram mantidos à temperatura de 24°C na incubadora (B.O.D). Após 12, 16, 18 e 21 dias da incubação uma alíquota de 5ml de água destilada foi adicionada aos tubos e realizou-se a contagem do número de esporos utilizando a câmara de Neubauer e microscópio óptico. Todas as fontes de variação da análise de variância foram significativas ( $P < 0,05$ ). Desta maneira, pode-se inferir que os isolados apresentaram taxas de esporulação diferentes em relação aos dias avaliados, com exceção do isolado 63-23 que, de acordo com o teste F, apresentou taxa de esporulação todos os dias no mesmo grupo. O isolado LV3 apresentou a maior esporulação com 12 dias. Já os isolados 63-63 e LB1 apresentaram maiores taxas de esporulação com 16 e 18 dias. Portanto, o uso de isolados de *P. griseola* em testes de patogenicidade deve ser realizada a priori a determinação do melhor tempo de esporulação visando obter quantidade adequada de inóculo.

**Palavras-Chave:** *Pseudocercospora griseola*; *Phaseolus vulgaris*; Mancha Angular.

**Apoio Financeiro:** CAPES, FAPEMIG, CNPq.

## **DIVERSIDADE GENÉTICA E CONTEÚDO DE DNA ENTRE ACESSOS DE SERRALHA**

**Krisnanda Kelly Castro Lima<sup>1\*</sup>, Luciane Vilela Resende<sup>1</sup>, Gisele Cenzi<sup>1</sup>,  
Leila Aparecida Salles Pio<sup>1</sup>, Suzan Kelly Vilela Bertolucci<sup>1</sup>,  
José Eduardo Brasil Pereira Pinto<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: krisnandasouza@gmail.com

A Serralha (*Sonchus oleraceus* L.) é uma hortaliça não convencional com propriedades medicinais, pertencente à família Asteraceae, originária da Europa. A serralha é utilizada na medicina popular brasileira para tratar dores, infecções, inflamações, reumatismo e hepatite. Estudos de diversidade genética em Bancos Ativos de Germoplasma são essenciais para a conservação e melhoramento genético. Este estudo teve como objetivo analisar a diversidade genética de 8 genótipos de Serralha por meio de marcadores ISSR e conteúdo de DNA. Os genótipos avaliados são compostos por acessos oriundos de Lavras/MG, Pouso Alegre/MG, Itumirim-Dutra/MG, Itumirim 1, Itumirim 2 e do Paraná. O conteúdo de DNA foi avaliado por citometria de fluxo. Para as reações de amplificação foram testados 17 primers, sendo que todos apresentaram bandas polimórficas e informativas, resultando em 504 bandas amplificadas com 49,20% de polimorfismo. As distâncias genéticas foram estimadas com base no coeficiente de similaridade Jaccard, através do programa NTSYS-pc 2.1, e de acordo com estas elaborou-se um dendograma baseado no método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Average*). No dendograma gerado, pôde ser observada a formação de dois grandes grupos e três subgrupos, com similaridade média de 0,50. Na matriz de similaridade de Jaccard houve variação de 0,23 a 0,77. Os genótipos 1 e 2 (Lavras/MG) foram os que mais divergiram dos demais e também entre si. Os genótipos 6 (Itumirim-Dutra/MG) e 7 (Paraná) apresentaram 0,77% de similaridade genética, apesar de terem sido coletados em Estados diferentes. Com relação ao conteúdo de DNA não se observou diferenças significativas pelo teste de Scott Knott a 0,05% entre os acessos estudados, embora a amplitude tenha variado de 1,59 no acesso 2 (Itumirim 2) a 1,96 no acesso 5 (Pouso Alegre/MG). Os resultados obtidos permitiram concluir que os marcadores ISSR mostraram consistentes na avaliação da variabilidade genética, detectando alta divergência genética entre os acessos analisados, comprovando a ampla variabilidade genética dentro da espécie.

**Palavras-chave:** Serralha; plantas medicinais; hortaliça não-convencional; diversidade genética; ISSR.  
**Apoio financeiro:** FAPEMIG, UFLA.

## **EFEITO DO DÉFICIT HÍDRICO NA EXPRESSÃO GÊNICA EM MILHO**

**Thaís Lima Marques<sup>1\*</sup>, Renzo Garcia Von Pinho<sup>2</sup>,  
Édila Vilela de Resende Von Pinho<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: limamarques.thais@gmail.com

A planta quando sujeita a baixa disponibilidade hídrica busca adaptar-se a tal condição por meio da expressão de genes específicos. No entanto, a tolerância das plantas a seca é uma característica complexa associada a vários fatores, como a expressão de enzimas antioxidantes as quais desempenham importante papel na remoção das espécies reativas de oxigênio. Uma importante ferramenta com a finalidade de auxiliar e acelerar o processo de seleção de genótipos de milho mais adaptados às condições de déficit hídrico é o estudo da expressão de genes em sementes e em plântulas de milho. Assim, objetivou-se avaliar a expressão das enzimas catalase e peroxidase por meio da técnica de eletroforese. E avaliar a expressão dos genes relacionados ao déficit hídrico, *ZmALDH9*, *ZmDREB2A* e *AOX2*, em duas linhagens de milho (91-T e 57-NT). Sendo a linhagem 91 considerada tolerante ao déficit hídrico e a linhagem 57 não tolerante. Os tratamentos avaliados para cada linhagem foram sementes secas, ponta de espigas com aproximadamente 3 a 5 cm de comprimento coletadas entre 5 a 10 dias após a emissão dos estilo-estigmas, e plântulas coletadas três, cinco e sete dias após a semeadura. Sendo as plântulas desenvolvidas em condições com e sem déficit hídrico, ou seja, condições com 10% e 70% da capacidade de retenção de água pelo substrato respectivamente. Pode-se concluir com relação as análises proteômicas, que houve maior expressão em ponta de espigas da linhagem 91 para as enzimas catalase e peroxidase. Para ambas as linhagens analisadas, as plântulas com sete dias de desenvolvimento nas duas condições de disponibilidade hídrica, apresentaram redução na expressão da enzima catalase. O gene *ZmALDH9* em relação a expressão em plântulas, foi maior na linhagem 91 nas plântulas desenvolvidas em condições de baixa disponibilidade hídrica, sendo considerado uma estratégia eficiente para eliminar as substâncias tóxicas causadas pelas espécies reativas de oxigênio e promover uma maior adaptação da planta a condição adversa de seca. Para o gene *ZmDREB2A* observou-se em geral, maior expressão para as sementes secas da linhagem 91, seguida pelas sementes secas da linhagem 57. Nas duas linhagens analisadas a expressão em plântulas foi maior em condições de déficit hídrico, sendo maior para a linhagem 57. Maior expressão do gene *AOX2* foi observado nas plântulas desenvolvidas em condições de déficit hídrico para a linhagem tolerante. Diante disso, o gene *AOX2* pode, por meio de mais estudos, atuar como potencial marcador na seleção precoce de genótipos tolerantes a baixa disponibilidade hídrica.

**Palavras-chave:** Zea mays; Eletroforese; qRT-PCR; Estresse abiótico.

**Apoio financeiro:** Capes, CNPq.

## **VALIDAÇÃO DE QTLs DE RESISTÊNCIA AO MOFO BRANCO EM PROGÊNIES DE FEIJÃO DERIVADAS DE SELEÇÃO RECORRENTE**

**Luciana Aparecida Miguel<sup>1\*</sup>, Fernanda Souza Lopes<sup>1</sup>,  
Antonio Carlos Mota Porto<sup>1</sup>, Caroline Marcela da Silva<sup>1</sup>,  
Gabriela Mendes de Oliveira<sup>1</sup>, Welison Andrade Pereira<sup>1</sup>**

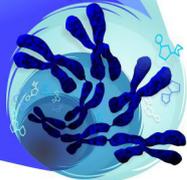
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: lucianaapmiguell@hotmail.com

O feijão possui grande importância econômica, nutricional e social. Entretanto, a cultura sofre com a ocorrência de várias doenças, dentre estas, o mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*. Este fungo vem se destacando por causar consideráveis perdas, principalmente em lavouras irrigadas no inverno. O objetivo deste trabalho foi validar QTLs (*Quantitative Trait Loci*) de resistência para o mofo branco, estimar o ganho com a seleção assistida em progênies da geração S<sub>0.1</sub> do décimo segundo ciclo de seleção recorrente e comparar a seleção assistida por marcadores (SAM) com a seleção fenotípica. Os experimentos foram conduzidos no Departamento de Biologia no Laboratório de Genética Molecular, utilizando materiais genéticos oriundos da geração S<sub>0.1</sub> do XII ciclo de seleção recorrente. O DNA obtido destas progênies, foi submetido a PCRs (Reações em cadeia da Polimerase) seguida de eletroforese vertical em gel de poliacrilamida a 6%, coradas em solução de prata e solução reveladora, levada ao fotodocumentador para visualização e registro. Foram analisados 15 pares de *primers* marcadores microssatélites para o feijoeiro, disponíveis no Laboratório de Genética Molecular. As análises de regressão múltipla foram realizadas pelo software SAS, e a estimativa do ganho com a seleção assistida por marcadores foi realizada pelo software RStudio. Dos 15 marcadores analisados, apenas 2 foram polimórficos, obtendo valores significativos pelo teste T a 5% de probabilidade. Este resultado pode ser explicado devido à baixa herdabilidade de reação ao mofo branco, além da possibilidade de não ocorrer equilíbrio de ligação suficiente entre os marcadores e os QTLs, dada a existência de fatores de interferência como o tamanho da população utilizada. Os ganhos obtidos com a SAM foram inferiores aos obtidos com seleção fenotípica (5,63% e 14,96% respectivamente), indicando superioridade da seleção fenotípica em relação a seleção assistida por marcadores nas condições estudadas. Desta forma, concluiu-se que a SAM teve baixa eficiência, provavelmente, devido ao pequeno número de marcadores ligados a QTLs de resistência e também à pequena variação entre as progênies para a resistência. Vários QTLs de resistência ao mofo branco foram identificados em outros países ou regiões com condições ambientais diferentes. Assim, a validação dos mesmos torna-se importante devido às interações que ocorrem entre QTLs-ambiente

**Palavras chave:** Mofo branco; *Sclerotinia sclerotiorum*; validação de QTLs; SAM.

**Apoio financeiro:** CNPq, Capes.



## **SELEÇÃO ASSISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES VISANDO A DETECÇÃO MÚLTIPLA DOS ALELOS DE RESISTÊNCIA AOS VÍRUS PVY (*RY<sub>ADG</sub>*) E PVX (*RX1*) EM CLONES DE BATATA**

**Silvia Regina Rodrigues de Paula Ribeiro<sup>1\*</sup>, Rafael Raveli Chagas<sup>2</sup>,  
Rafaela Pereira Carvalho<sup>1</sup>, Stéfany Balbino da Silva<sup>1</sup>  
Cesar Augusto Brasil Pereira Pinto<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

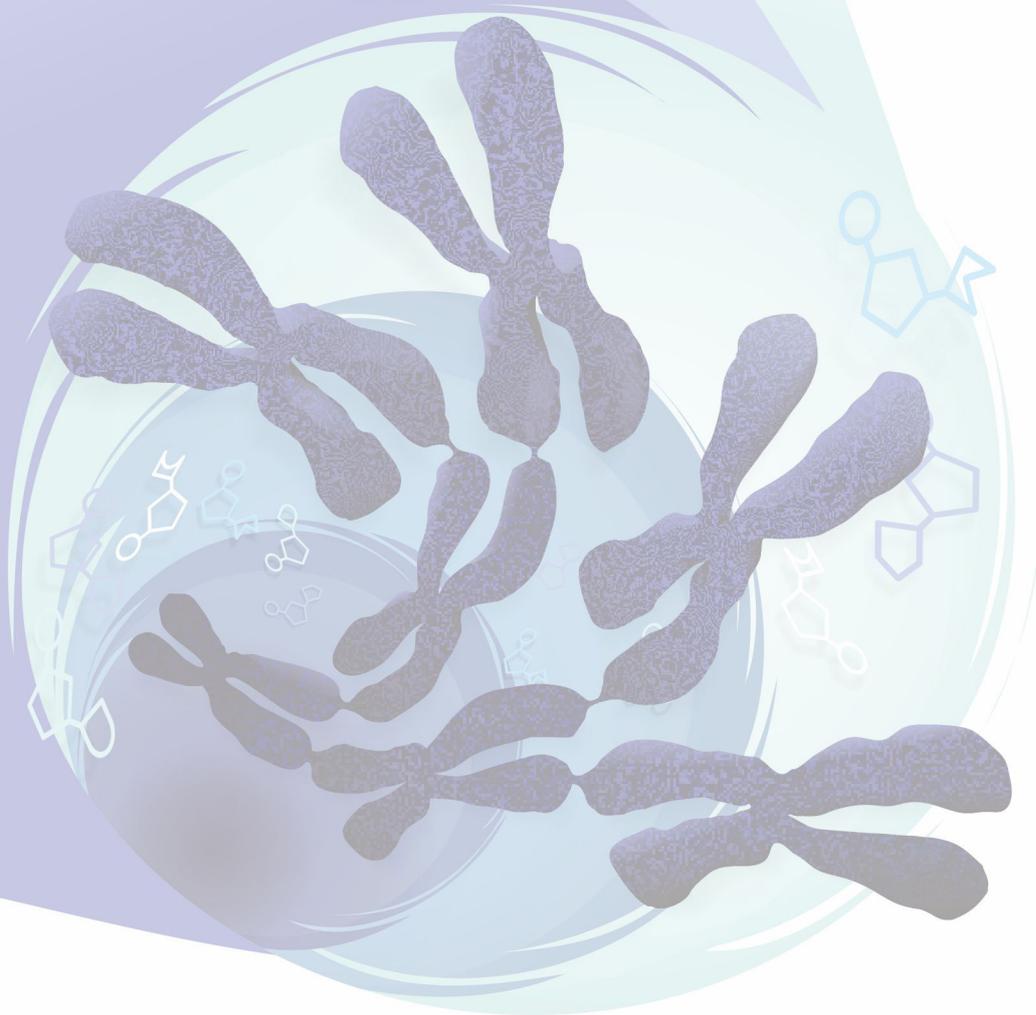
\*Autor correspondente: silviaribeiro@dbi.ufla.br

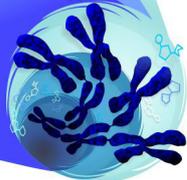
A batata (*Solanum tuberosum* L.) cada vez mais se destaca como fonte alimentar, principalmente nos países em desenvolvimento. São conhecidas mais de 100 doenças que afetam a cultura, causadas por diferentes espécies de fungos, vírus e viróides, bactérias, nematóides e fitoplasma. Dentre as principais viroses, o PVY (*Potato virus Y*) e o PVX (*Potato virus X*) são os mais importantes pra cultura, sendo o PVY o que causa maiores perdas e o PVX apresenta importância pelo seu efeito sinérgico com outros vírus, principalmente com o PVY, aumentando drasticamente as perdas na produção de batata nacional. As viroses merecem lugar de destaque por seu difícil controle e pela facilidade de disseminação desses fitopatógenos na lavoura, sendo assim uma estratégia de controle bastante requerida, seria a resistência genética, uma vez que, a presença de uma cópia dos alelos que conferem resistência às duas viroses, já é suficiente para a imunidade do genótipo contra esses vírus. Com o intuito de selecionar clones de batata com resistência múltipla aos vírus Y e X foi feita a avaliação de 54 clones do PROBATATA/UFLA, por meio de marcadores moleculares. Para isso foi extraído o DNA dos controles, dos 54 clones e quatro cultivares de batata: Ana, Caesar, Asterix e Atlantic utilizando o método CTAB. Como controle positivo, foi utilizado o DNA do clone XY9, sabidamente resistente aos vírus X e Y, como controle negativo foi utilizada a cultivar Ágata. Nas reações de PCR foram utilizados o par de primer SCAR RYSC3 para o PVY e também o par de primer RxSP para o PVX. Entre as cultivares testadas somente a cultivar Atlantic apresentou resistência aos dois vírus. Dos 54 clones avaliados em nove deles foram detectadas as bandas características dos dois alelos que conferem resistência aos dois vírus. A resistência múltipla a viroses agrega mais valor a esses clones promissores do PROBATATA, pois estes já possuem tolerância ao calor e notável desempenho agrônomo.

**Palavras-chave:** *Solanum tuberosum* L.; resistência múltipla; PVX; PVY.

**Apoio financeiro:** Capes, CNPq e FAPEMIG.

# QUANTITATIVE GENETICS AND PLANT BREEDING





## **CAPACIDADE COMBINATÓRIA PARA CARACTERES DE VALOR NUTRITIVO EM HÍBRIDOS DE *Brachiaria* spp.**

**Beatriz Tomé Gouveia<sup>1\*</sup>, Sanzio Carvalho Lima Barrios<sup>2</sup>,  
Cacilda Borges do Valle<sup>2</sup>, Anderson Ramires Candido<sup>3</sup>,  
Wyverson Kim Rocha Machado<sup>4</sup>, José Airton Rodrigues Nunes<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Embrapa Gado de Corte, Campo Grande –MS, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual do Mato Grosso do Sul, Aquidauana –MS, Brasil.

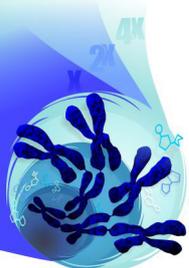
<sup>4</sup>Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campo Grande –MS, Brasil.

\*Autor correspondente: [biatgouveia@hotmail.com](mailto:biatgouveia@hotmail.com)

As variâncias aditiva e de dominância são parâmetros genéticos que auxiliam o melhorista na definição de estratégias de hibridação e seleção. Entretanto, estimativas para esses parâmetros ainda são ausentes na literatura para algumas características de valor nutritivo em *Brachiaria* spp. O objetivo desse estudo foi quantificar a contribuição dos efeitos aditivos e de dominância para caracteres de valor nutritivo em híbridos de *Brachiaria* spp. Um esquema de dialelo parcial foi utilizado para cruzar três genitores apomíticos e dez genitores sexuais, resultando em 29 progênes de irmãos germanos, que foram avaliadas em experimento implantado no delineamento experimental em blocos incompletos e parcela constituída por cinco plantas. Os caracteres fibra em detergente ácido (FDA), celulose (CEL) e sílica (SIL) foram estimados utilizando a Espectroscopia de infravermelho próximo (NIRS) em três cortes. As variâncias aditiva e de dominância foram estimadas a partir das variâncias das capacidades gerais de combinação (CGC) dos genitores sexuais e apomíticos e da capacidade específica de combinação (CEC) entre genitores apomíticos e sexuais, respectivamente, usando a abordagem de modelos mistos no ambiente R utilizando o pacote ASReml. Adicionalmente foi realizada a modelagem da matriz de variâncias e covariâncias residuais (R). A estrutura da matriz R que proporcionou o menor critério de informação Bayesiano (BIC) foi a autoregressiva de segunda ordem heterogênea para CEL e simetria composta heterogênea para FDA e SIL. A variância das CGC dos genitores sexuais foi diferente de zero pelo teste LRT a 5% de probabilidade apenas para CEL, enquanto para os genitores apomíticos para todos os caracteres a variância foi nula. As estimativas da CGC dos genitores sexuais para CEL variaram de -0,47 a 0,62 e os genótipos que se destacaram foram R69 (0,62) e R33 (0,41). A variância da CEC entre genitores apomíticos e sexuais foi diferente de zero para todos os caracteres. Pelas estimativas das CEC, os melhores cruzamentos foram R33 x Marandu para FDA, R69 e Basilisk para CEL e 336 x Basilisk para SIL. Os coeficientes de determinação das CEC foram de 76, 42 e 72% relativo aos caracteres FDA, CEL e SIL, respectivamente. Em síntese, os efeitos genéticos não-aditivos se mostraram predominantes para os caracteres avaliados.

**Palavras-chave:** *Urochloa* spp.; dialelo; capacidade de combinação.

**Apoio financeiro:** CNPq, Capes, Unipasto.



## **SELEÇÃO NÃO-TRUNCADA DE CLONES DE BATATA EM ENSAIO COM DESBALANCEAMENTO PLANEJADO USANDO O TESTE DE DUNNETT**

**Luana de Cássia Simões<sup>1\*</sup>, Maiara Oliveira Fernandes<sup>1</sup>,  
Rafaela Pereira Carvalho<sup>1</sup>, Abel Jamir Ribeiro Bastos<sup>1</sup>,  
José Airton Rodrigues Nunes<sup>1</sup>, César Augusto Brasil Pereira Pinto<sup>1</sup>**

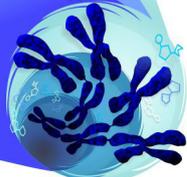
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: maiara.olfer@gmail.com

O uso de testes para comparações múltiplas entre médias de genótipos de um experimento é comum em algumas etapas no melhoramento de plantas. Em programas de melhoramento tem-se, por vezes, limitações de recursos (e.g. material experimental, área) que conduzem ao uso de experimentos com desbalanceamento no tamanho amostral ou número de repetições dos genótipos. Em situações em que se tem interesse na seleção usando como referência a média da(s) testemunha(s) como padrão(ões) (seleção não-truncada), é comum ter um maior número de repetições da(s) testemunha(s). No contexto de genótipos assumidos fixos, o teste de Dunnett se mostra apropriado para comparar genótipos sob teste com a(s) testemunha(s). Contudo, um equívoco normalmente cometido é ignorar o desbalanceamento no número de repetições entre os genótipos em teste e testemunhas, o que pode ocasionar em erros na seleção. O objetivo deste trabalho foi comparar o uso do teste de Dunnett considerando diferentes tamanhos amostrais dos genótipos em teste e testemunhas e analisar as consequências na seleção não-truncada. Foram utilizados dados advindos de um experimento de reação de clones de batata (*Solanum tuberosum* L.) à podridão mole. O experimento foi realizado em delineamento alfa-látice 68x5, com 340 clones em teste e duas testemunhas – a cultivar Ágata (suscetível) e o clone CBM09-10 (resistente), com três repetições dos clones e quinze das testemunhas. A característica avaliada foi o diâmetro (mm) da lesão após 72h de inoculação. Os dados foram submetidos à análise de variância e posteriormente realizou-se o teste de Dunnett utilizando o pacote nCDunnett no software R. As médias ajustadas dos clones foram comparadas com as testemunhas considerando dois casos: I) Ignorando o desbalanceamento; número de repetições iguais para todos os clones e testemunhas ( $p = 0,5$ ); II) Considerando o desbalanceamento, número de repetições diferente, com  $r = 3$  para clones e  $r = 15$  para as testemunhas ( $p = 0,1667$ ). No caso I, considerando a comparação com a testemunha suscetível, 66 clones apresentaram-se significativamente diferentes da ‘Ágata’ ( $p$ -valor  $< 0,05$ ), enquanto no caso II, apenas 53 clones mostraram-se diferentes da testemunha suscetível. Isso evidencia que, no caso I, houve maior taxa de erro tipo I, isto é, clones considerados diferentes da testemunha, quando na verdade não são. O mesmo ocorreu na comparação com a testemunha resistente: no caso I, 48 clones mostraram diferenças significativas em relação ao ‘CBM09-10’, enquanto no caso II, apenas 39 apresentaram-se diferentes da testemunha. Novamente, 9 clones foram considerados diferentes da testemunha resistente, quando não são. Fica evidente que o uso incorreto do teste de Dunnett pode ocasionar em aumento das taxas de erro, além da possibilidade de classificação errônea dos clones sob teste no que concerne à seleção com base na(s) testemunha(s) nos programas de melhoramento de batata.

**Palavras-chave:** Pacote nCDunnett; *Solanum tuberosum* L.; comparação de médias; taxa de erro tipo I.

**Apoio financeiro:** Capes, CNPq, FAPEMIG.



## **GGE BIPLLOT ANALYSIS IN MULTI-ENVIRONMENT TRIALS AND HARVESTS IN WET AND DRY SEASONS FOR LEAF DRY MATTER YIELD IN *Panicum Maximum* JACQ.**

**Carlos Henrique Pereira<sup>1\*</sup>, José Airton Rodrigues Nunes<sup>1</sup>,  
Mateus Figueiredo Santos<sup>2</sup>, Liana Jank<sup>2</sup>, Alexandre Romeiro de Araújo<sup>2</sup>,  
Esteban Fernando Rios<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departament of Biology, Program in Plant Genetics and Breeding, Federal University of Lavras, Lavras, MG, Brazil.

<sup>2</sup>Embrapa Beef Cattle, Campo Grande, MS, Brazil.

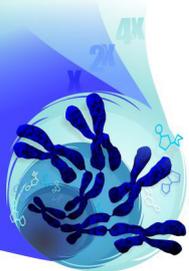
<sup>3</sup>Agronomy Department, University of Florida, Gainesville, FL, USA.

\*Autor correspondente: [chpereira88@hotmail.com](mailto:chpereira88@hotmail.com)

In order to identify new genotypes with broad adaptation in different seasons, an understanding of the effect of genotype by environment interaction (GEI) it is necessary. The GEI of potential new cultivars is best evaluated in multi-environment trials (MET). Information about adaptability and stability under different environmental and season conditions are important for the design of breeding strategies for efficient production in *Panicum maximum*. The objective of this research was to verify the effect of GxE interaction, as well as to obtain information about the performance in different seasons for genotype selection in the context of multi-environment trials (MET) for leaf dry matter yield (LDMY). The trials were planted in 3 locations in Brazil: Campo Grande, MS; Planaltina, DF and Rio Branco, AC. Evaluation was performed with 23 genotypes: 14 genotypes selected from the genebank, 4 selected hybrids and 5 cultivars as checks (Aruana, Milênio, Mombaça, Tanzânia and Massai), in 11 harvests in two years, under wet and dry seasons. A randomized complete block design (RCBD) was used with three replications. Plots were 6 rows of 4m in length, occupying an area of 12 m<sup>2</sup>, with spacing of 0.5m between rows and 2m of distance between plots. Statistical analysis was performed by the Mixed Models approach, with the ASReml-R package. Visual grouping of the seasons associated with the genotypes were obtained through the GGE Biplot analysis performed by GGEbiplotGUI R package and the scores of the first two principal components (PC1 and PC2) were used to display two-dimensional biplot. Strong evidence of the presence of the GxE interaction was observed. By the PC analysis, it was possible to differentiate two mega-environments. The wet season constituted one, while dry season were the other two mega-environments. The GGE biplot analysis indicated that genotypes: 15 for the AC; 15 and 9 for the DF and 10 for the MS, performed better at wet season, respectively. Genotypes 16 for the AC; 21 and 16 for the DF and 11 and 3 for the MS, performed better at dry season, respectively. The harvests performed in the dry season tended to decrease the average and genetic variability correlations between harvests, showing inability to discriminate genotypes. These results show us the importance of studying the GxE interaction effects in MET analysis, to support the forage breeders in the context of genotype selections and improve the *Panicum maximum* breeding programs prior to release.

**Keywords:** Forage breeding; GGE biplot; Mixed models.

**Financial Support:** CNPq; Capes; Fundect; Unipasto; Embrapa Gado de Corte.



## **FRUIT SIZE HETEROSIS IN TOMATO HYBRIDS OBTAINED FROM A MINI-TOMATO DWARF INBRED LINE**

**Hugo Gabriel Peres<sup>1\*</sup>, Rafael Resende Finzi<sup>1</sup>, Gabriel Mascarenhas Maciel<sup>1</sup>,  
Maurício Pivetta Momesso<sup>1</sup>, Igor Matheus Alves<sup>1</sup>, João Felipe Larocca Garcia<sup>1</sup>**

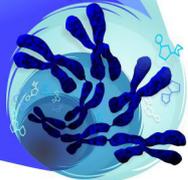
<sup>1</sup>Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: hugogabrielperes@gmail.com

The tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is a vegetable that has a great social and economic importance in Brazil. In the last few decades, the tomato crop presented a significant increase in productivity due to the adoption of various technologies, such as the use of hybrid cultivars. Despite the heterotic potential explored by decades ago, it's possible to introduce desirable traits in hybrids by using natural genetic variability. Several mutations are already used extensively in tomato breeding, like the ones affecting fruit shape and color, growth habit and post-harvest lifetime. Recently, was discovered a useful application for a dwarfism recessive mutation in mini-tomato breeding: hybrids obtained from a dwarf inbred line present short internodes and high productivity. Despite the known agronomic potential of mini-tomato hybrids from a dwarf inbred line, little is known about heterosis in hybrids obtained from the cross of a mini-tomato dwarf inbred line versus normal (non-dwarfs) Salad, Italian and Santa Cruz inbred lines. Thus, the objective of this study was to determine heterosis values for fruit size in these types of hybrids. The genitors used was UFU-MCTOM1 (Mini-tomato), UFU-389 (Salad), UFU-728 (Italian) and UFU-12 (Santa Cruz). The experiment was conducted in a greenhouse at the Vegetables Research Station of the Federal University of Uberlândia, located in Monte Carmelo, Minas Gerais, Brazil. We evaluated the length and diameter of 20 fruits from each genotype. Heterosis was estimated by the following equation:  $H\% = [(F1-P)/P]*100$ , where F1 is mean of the F1 genotype and P is the mean of his parents. The use of the dwarf genitor promoted heterosis in all F1 genotypes for both response variables. For diameter, Salad, Santa Cruz and Italian presented 8,43%, 2,88% and 13,18% of heterosis, respectively. In fruit length, the obtained values were 17,2%, 13,48%, and 4,26%, in the same order used for diameter. Therefore, it's possible to affirm that a mini-tomato dwarf inbred line promotes low heterosis values for fruit size when crossed with Salad, Santa Cruz and Italian inbred lines.

**Palavras-chave:** Hybrid Vigour; *Solanum lycopersicum* L.; Dwarfism.

**Apoio financeiro:** UFU.



## **NORMAS DE REAÇÃO NO ESTUDO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTE EM SORGO BIOMASSA**

**Claudio Carlos Fernandes Filho<sup>1\*</sup>, Thiago Tavares Botelho<sup>1</sup>, Daniela Oliveira Ornelas<sup>1</sup>,  
Rafael Augusto da Costa Parrella<sup>1</sup>, José Airton Rodrigues Nunes<sup>1</sup>**

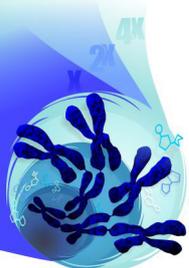
<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: claudiocff3@yahoo.com.br

O sorgo (*Sorghum bicolor*) biomassa é uma cultura promissora para cogeração de energia por apresentar características destacáveis (ciclo de cultura de apenas 5 meses, produtividade de biomassa verde até 150 t/ha, cultivo totalmente mecanizável). Para que cultivares sejam lançadas no mercado, é necessário a avaliação destas em diferentes locais e anos, com o objetivo de selecionar aquelas mais amplamente adaptadas às regiões de cultivo. O objetivo deste trabalho foi comparar modelos de Normas de Reação quanto a descrição da resposta diferencial de genótipos de sorgo biomassa em diferentes ambientes. Os ensaios multiambientais foram conduzidos em dez locais, no delineamento de látice triplo 6x6, sendo testados 36 genótipos de sorgo biomassa em parcelas formadas por quatro sulcos de 5 metros lineares. Foi mensurada a característica produção de massa verde ( $t\ ha^{-1}$ ). Foram avaliados quatro modelos de Norma de Reação (NR0 – apenas intercepto aleatório; NR1 – regressão polinomial de 1º grau com intercepto e coeficiente de regressão aleatórios; NR2 – regressão polinomial de 2º grau com intercepto e coeficientes de regressão aleatórios; NR3 - regressão polinomial de 3º grau com intercepto e coeficientes de regressão aleatórios). Para a escolha do modelo que melhor se ajustou foi usado o critério BIC. Além disso, foi feito o teste da razão de verossimilhanças (LRT) e calculada a correlação ( $r$ ) entre os valores observados e os preditos para cada modelo. Ao se observar os valores do BIC, o modelo que melhor se ajustou foi o NR2 (BIC = 2544), enquanto que pelo teste LRT, o modelo recomendado foi o cúbico (NR3). No entanto, ao se verificar a capacidade preditiva notou-se que não houve mudança relevante entre os dois modelos ( $r_{NR2} = 0,9687$ ;  $r_{NR3} = 0,9708$ ). Quando se compara o NR2 ao NR1, observou-se aumento mais expressivo na correlação entre valores observados e preditos pelo modelo ( $r_{NR1} = 0,9596$ ;  $r_{NR2} = 0,9687$ ), evidenciando-se a resposta não linear dos genótipos nos ambientes avaliados. Há também redução na variância residual de aproximadamente 17% em comparação ao modelo NR1. Conclui-se que o modelo de Norma de Reação quadrático foi o que melhor se ajustou às respostas diferenciais de genótipos de sorgo biomassa aos ambientes avaliados.

**Palavras-chave:** *Sorghum bicolor*; Interação Genótipos X Ambientes; Regressão Aleatória.

**Apoio financeiro:** FAPEMIG.



## **PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS DE INDIVÍDUOS EM TESTE CLONAL DE *Eucalyptus* spp.**

**Thiago Vilela Tristão<sup>1\*</sup>, Heloisa Guimarães Santos<sup>1</sup>, Lucas Rodrigues Rosado<sup>1</sup>,  
Jorcélio Cabral Moreira<sup>2</sup>, Izabel Cristina Rodrigues de Figueiredo<sup>2</sup>,  
Flávia Maria Avelar Gonçalves<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

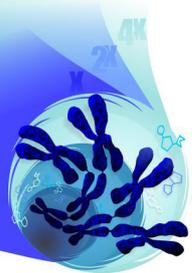
<sup>2</sup>Empresa PLANTAR S.A., Itacambira, MG.

\*Autor correspondente: thiagovilelatristao@hotmail.com

O melhoramento genético é um dos principais fatores responsáveis pela alta produtividade das florestas de Eucalipto no Brasil. No caso do *Eucalyptus* spp., paralelamente ao programa de melhoramento via seleção recorrente, podem e devem ser clonadas, as matrizes superiores. Assim é possível realizar a seleção no teste clonal a cada ciclo de seleção. Este trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e prever os ganhos de seleção dos indivíduos em um teste clonal de *Eucalyptus* spp. para fins de seleção com alta produtividade de carvão. O estudo foi realizado em um teste clonal plantado no município de Itacambira em Minas Gerais, na área experimental pertencente à empresa PLANTAR S.A. O teste foi instalado em 2013, com 430 clones em blocos completos casualizados com 20 repetições e uma planta por parcela. Aos quatro anos de idade foram avaliadas as características circunferência à altura do peito (CAP) em centímetros e altura total (ALT) em metros. As análises estatísticas foram realizadas pelo software SELEGEN REML/BLUP. As variáveis avaliadas dos clones foram significativas pelo teste de LRT, a 5% de probabilidade. O coeficiente de variação relativa (CVr) individual foi de pequena magnitude, sendo estimado em 0,6521 para CAP e 0,4011 para ALT. Alguns autores relatam que o valor ideal é maior ou igual a 1,0, indicando superioridade da variância genética em detrimento da variância ambiental. Contudo, se o número de repetições do experimento for superior a cinco, mesmo tendo um CVr abaixo de 1,0, este apresentará uma boa acurácia e precisão experimental. A acurácia seletiva (AS) foi de alta magnitude para ambas variáveis (0,9459 para CAP e 0,8735 para ALT). A herdabilidade média clonal foi de 0,8948 para CAP e 0,7629 para ALT e as estimativas dos valores de herdabilidade individual no sentido restrito foi de 0,2983±0,0167 para CAP e 0,1386±0,0114 para ALT. Para a herdabilidade realizada as estimativas foram de 54,09% para CAP e 44,24% para ALT o que aponta boa possibilidade de ganhos genéticos com a seleção. A estimativa do ganho genético, considerando uma intensidade de seleção de 10%, foi de 10,47% para CAP e 4,29% para ALT, alcançando uma média de 35,24 centímetros para o CAP e 15,25 metros para a altura.

**Palavras-chave:** Herdabilidade; Setor de Carvão; Ganho de Seleção.

**Apoio financeiro:** CAPES, CNPq, FAPEMIG, Empresa PLANTAR S.A.



## **CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM HÍBRIDOS TETRAPLOIDES DE *Paspalum notatum* Flüggé**

**Elsa Andrea Brugnoli<sup>1\*</sup>, Florencia Marcón<sup>1</sup>, Valeria Gutierrez<sup>1</sup>, Alex Leonel Zilli<sup>1</sup>,  
José Airtón Rodrigues Nunes<sup>2</sup>, Eric Javier Martínez<sup>1</sup>, Carlos Alberto Acuña<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina.

<sup>2</sup>Departamento de Biología, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: [abrugnoli@agr.unne.edu.ar](mailto:abrugnoli@agr.unne.edu.ar)

*Paspalum notatum* Flüggé é uma espécie forrageira nativa da América, que apresenta um citótipo diploide de reprodução sexual e outro tetraploide apomítico. A obtenção de plantas tetraploides sexuais, a partir da duplicação cromossômica de citótipos diploides, e seu uso como plantas genitoras em cruzamentos com genótipos tetraploides apomíticos, permitiu liberar a variação genética contida nos genótipos apomíticos. Neste estudo, objetivou-se selecionar genitores sexuais de *P. notatum* tetraploide pela estimação da capacidade combinatória em cruzamentos com cultivares apomíticas superiores quanto a caracteres morfológicos e agrônômicos. Foram avaliadas 24 progênies, geradas de cruzamentos entre 29 genótipos tetraploides sexuais e 5 genótipos tetraploides apomíticos em experimento realizado em Corrientes, Argentina. O delineamento experimental foi em blocos completos casualizados com três repetições. As análises estatísticas dos dados dos caracteres morfológicos e agrônômicos foram feitas pela abordagem de modelos mistos com obtenção das predições BLUP das capacidades de combinação das genitoras, bem como a herdabilidade de cada característica. As progênies foram significativamente diversas para todas as características avaliadas. Ademais, alguns caracteres mostraram altos valores de heritabilidade (0.81 para tolerância ao frio e 0.78 para crescimento no verão). Foi possível selecionar 10 genitoras sexuais com alta capacidade de combinação para a maioria das características. Como conclusão, diversidade genética expressa a partir das hibridações entre genótipos sexuais e apomíticos e a identificação de genitores sexuais com elevada capacidade combinatória permitirá continuar com o trabalho de melhoramento na espécie.

**Palavras-chave:** Capacidade combinatória general; *Paspalum notatum*.

**Apoio financeiro:** CONICET- AMPCyT.

## **ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE CANDEIA NO MUNICÍPIO DE AIURUOCA, MINAS GERAIS**

**Maria Lopes Martins Avelar<sup>1\*</sup>, Vitor Passos da Silva Júnior<sup>2</sup>,  
Denys Matheus Santana Costa Souza<sup>1</sup>, Flávia Maria Avelar Gonçalves<sup>2</sup>,  
Lucas Amaral de Melo<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Florestais, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: maria.lma@hotmail.com

Os estudos em silvicultura e melhoramento genético da espécie *Eremanthus erythropappus* ainda são incipientes, apesar da importância econômica que apresenta, principalmente pela produção de óleo essencial, cujo princípio ativo é o alfabisabolol, amplamente empregado na indústria farmacêutica e de cosméticos. A continuidade de tais estudos por meio da implantação de testes de progênies, das constantes avaliações e análises genéticas é essencial para identificar famílias com melhores desempenhos a partir da liberação da variabilidade genética ao longo do tempo. Objetivou-se com este trabalho detectar a variabilidade genética e estimar parâmetros genéticos em progênies de *Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish em campo aos 6, 15 e 22 meses de idade. O experimento foi instalado na Fazenda Guapiara, localizada no município de Aiuruoca, sul de Minas Gerais, em janeiro de 2016. Foram plantadas mudas de 15 progênies em delineamento experimental de blocos casualizados, com cinco repetições compostos por parcelas lineares com seis plantas por parcela em um arranjo espacial de 2,5 x 2,5 m. Foram realizadas avaliações da altura das mudas aos 6, 15 e 22 meses de idade com o auxílio de uma régua graduada. A partir dos dados obtidos, procederam-se aos estudos genéticos no software SELEGEN por meio do método REML/BLUP. As estimativas da herdabilidade média de progênies foram consideradas de baixa a média magnitude nas três idades avaliadas (0,13; 0,20 e 0,24), os valores de acurácia foram considerados baixos (0,36; 0,45; 0,49), porém são crescentes ao longo do tempo, assim como as estimativas de coeficiente de variação genética aditiva individual (13,99; 21,40; 25,33), o que pode estar atrelado à juvenilidade do material experimental, que ainda não expressou devidamente seus valores genéticos, além da grande influência da variação ambiental nesse estágio de desenvolvimento. Portanto, mesmo em estágio juvenil, foi possível identificar a existência da variabilidade genética e analisar a sua expressão, a partir do crescimento das plantas em campo.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Alfabisabolol; *Eremanthus erythropappus*.

**Apoio financeiro:** Capes, Fapemig, Citróleo.

**MAPEAMENTO GENÉTICO DE MARCADORES  
SNPS (*SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS*)  
EM CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*)**

**Priscila Magalhães da Veiga Jardim<sup>1\*</sup>, Alexandre Siqueira Guedes Coelho<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia – GO, Brasil.

\*Autor correspondente: priscilamvj@gmail.com

A cana-de-açúcar é uma cultura de grande importância para a economia brasileira. Nos últimos anos, no entanto, a produtividade de cana-de-açúcar tem se mantido estável, apesar da expectativa de aumento da demanda de bioetanol e açúcar. Os estudos genômicos com cana-de-açúcar têm encontrado uma série de desafios advindos das complicações resultantes do alto nível de ploidia e do grande genoma que a cultura apresenta. Dentre os diferentes estudos de caracterização básica de uma espécie, o desenvolvimento de mapas genéticos se destaca por fornecer informações acerca da estrutura do seu genoma e da localização de genes de interesse. Além disso, os mapas genéticos podem ser úteis para o desenvolvimento de técnicas baseadas na utilização de marcadores moleculares, ancorados em regiões específicas do genoma. Os mapas construídos para cana-de-açúcar, até agora, não se mostraram completos. Neste trabalho foi obtido um mapa de ligação para cana-de-açúcar utilizando marcadores SNPs baseados na tecnologia de genotipagem por sequenciamento de nova geração utilizando a estratégia de *target sequencing* (*RAPiD-seq*). Para a obtenção do mapa foram utilizados 103 genótipos obtidos do cruzamento entre os clones RB97327 e RB72454. A construção dos grupos de ligação, considerando-se como critério de ligação uma fração de recombinação de 0,20 e LOD=8; permitiu a identificação de 249 grupos de ligação para a população biparental com segregação 1:1. Foram consideradas 20555 marcas polimórficas nas análises de construção do mapa de ligação. A soma dos tamanhos médios dos grupos de homeologia identificados, utilizando-se o genoma de sorgo como referência, foi de 3964,68 cM para o genitor feminino e de 3797,05 cM para o genitor masculino.

**Palavras-chave:** Mapas genéticos; cana-de-açúcar; SNPs; poliploide; RAPiD-Seq, genotipagem por sequenciamento.

## **SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MORANGOS COM BASE EM CARACTERÍSTICAS QUÍMICAS**

**Marcos Guilherme Ruthes<sup>1\*</sup>, Débora Fernandes Pinheiro<sup>2</sup>,  
Flávia Cristina Panizzon Diniz<sup>2</sup>, Ricardo Antônio Zeist<sup>2</sup>,  
Juliano Tadeu Vilela Resende<sup>2</sup>, Katielle Rosalva Voncik Córdova<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro Oeste, Guarapuava – PR, Brasil.

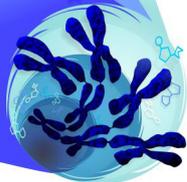
<sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Estadual do Centro Oeste, Guarapuava – PR, Brasil.

<sup>3</sup>Departamento de Engenharia de Alimentos, Universidade Estadual do Centro Oeste, Guarapuava – PR, Brasil.

\*Autor correspondente: mgruthes@hotmail.com

O morango (*Fragaria x ananassa Duch.*), é um dos frutos mais conhecidos e apreciados mundialmente. Uma das características que o melhoramento genético de plantas almeja alcançar nos frutos são a alta qualidade nutricional e organoléptica, principalmente sua doçura e sabor. Com isto, o objetivo do presente estudo foi avaliar a doçura dos frutos, com a finalidade de avançar na seleção de novos híbridos de morangueiro. O experimento foi realizado no Setor de Olericultura do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste – UNICENTRO, Guarapuava – PR situado na latitude 25°23'01" Sul e longitude 51°29'46" Oeste, com altitude de 1.025 m. O clima local é subtropical úmido com temperatura média anual de 17 °C e de solo local classificado como Latossolo Bruno distroférico típico. Foram analisados em triplicata o teor de sólidos solúveis de 175 híbridos oriundos do cruzamento da cultivar Camino Real X RVFS06. O teor de sólidos solúveis foi obtido pela leitura direta em refratômetro de bancada, obtendo-se os valores em graus Brix (°Brix). Os dados obtidos foram analisados por Análise de Variância (ANOVA), e as médias foram submetidas ao teste de comparação de médias, pelo Teste de Tukey à 5% de probabilidade, com auxílio do software estatístico Sisvar®. Com os resultados obtidos podemos observar de que a média dos cruzamentos foram de 6,1 °Brix, e os híbridos que mais se destacaram foram RVFSC 152, RVFSC 112, RVFSC 4 e RVFSC 138, chegando a alcançar valores de até 9,1 °Brix, muito acima do valor mínimo aceitável para a cultura, sendo estes promissores a seguir em programa de melhoramento.

**Palavras-chave:** Melhoramento Genético; Fruto; Sabor.



## **EFEITO DO DÉFICIT HÍDRICO NA ESTERILIDADE DE ESPIGUETAS EM ARROZ DE TERRAS ALTAS**

**Amanda Mendes de Moura<sup>1\*</sup>; Flávia Barbosa Silva Botelho<sup>1</sup>; Marco Renan Félix<sup>2</sup>; Camila Soares Cardoso da Silva<sup>1</sup>; Antonio Rosário Neto<sup>1</sup>, Adriano Pereira de Castro<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>3</sup>Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás – GO, Brasil.

\*Autor correspondente: amandammoura.agro@gmail.com

O estresse ocasionado pelo déficit hídrico é um dos fatores mais limitantes para a cultura de arroz de terras altas uma vez que seus efeitos são a principal causa de baixa produtividade e instabilidade da cultura, contribuindo para que seja considerada de alto risco. A produção de arroz é determinada por componentes os quais são definidos em estádios de desenvolvimento da planta diferentes e apresentam contribuições quantitativas distintas. Dentre os componentes, o número de espiguetas por panícula e a fertilidade das espiguetas são os componentes que mais influenciam na produção, sendo definidos no estágio reprodutivo. A fertilidade de espiguetas é determinada desde a meiose, com a microsporogênese e macrosporogênese, até a iniciação da fase de maturação, sendo assim, influenciada pelas condições ambientais ao longo deste período. Desta forma, objetivou-se o estudo do comportamento de linhagens de arroz de terras altas em relação à esterilidade de espiguetas, cultivadas em ambientes com e sem deficiência hídrica. Foi avaliada uma população contrastante composta por 22 linhagens derivadas do cruzamento entre as cultivares BRS Soberana e Douradão, oriundas do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa Arroz e Feijão. Além das 22 linhagens, foram utilizadas três testemunhas, sendo elas os parentais e a cultivar BRS Esmeralda, totalizando assim 25 linhagens. Foram implementados dois experimentos contíguos no município de Lavras - MG, na estação experimental da Universidade Federal de Lavras, em delineamento em látice simples 5x5. Em ambos, as parcelas experimentais foram constituídas por duas linhas de três metros, espaçadas a 0,40 m e densidade de semeadura de 80 sementes/metro. O primeiro experimento foi conduzido sob irrigação suplementar durante todo o desenvolvimento da cultura, mantendo as condições hídricas ideais de cultivo. No segundo, foi induzido o estresse hídrico, antes da emissão das panículas, em torno de 50 dias após a emergência. Contabilizou-se o número médio de espiguetas estéreis de cinco panículas e realizou-se análise de variância conjunta com auxílio do software R, considerando as condições hídricas como ambientes. As fontes de variação genótipos (G) e ambientes (A) foram significativas, indicando variabilidade no comportamento das linhagens em relação às condições hídricas e efeito do déficit hídrico na esterilidade de espiguetas. A esterilidade média para o experimento sem estresse foi de 32,1% enquanto no experimento com estresse observou-se 52,7% de espiguetas estéreis, um aumento expressivo de 64,3% na condição estressada. A amplitude mínima observada entre as condições hídricas foi de 1,8% e a máxima de 49,9%. Assim, pode-se concluir que o déficit hídrico afetou na fertilidade e desenvolvimento reprodutivo das plantas de arroz de terras altas, com aumento médio de 64,3% na esterilidade de espiguetas.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa*; condições hídricas; estresse abiótico.

**Apoio financeiro:** CAPES, CNPq, FAPEMIG.

## AVALIAÇÃO DA QUALIDADE DE LUZ EM CLONES HÍBRIDOS DE *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus* *grandis* PELA MICROPROPAGAÇÃO

Denys Matheus Santana Costa Souza<sup>1\*</sup>, Maria Lopes Martins Avelar<sup>1</sup>,  
Sérgio Bruno Fernandes<sup>1</sup>, Samira Rangel do Prado Frade<sup>1</sup>,  
Gilvano Ebling Brondani<sup>1</sup>

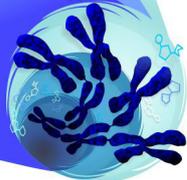
<sup>1</sup>Departamento de Ciências Florestais, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: dmscsouza@gmail.com

As técnicas de propagação vegetativa são a base da silvicultura clonal, sobretudo pela sua efetividade em capturar os ganhos genéticos obtidos dos programas de melhoramento, constituindo atualmente um dos principais processos de produção de mudas. A micropropagação via proliferação de gemas axilares representa uma alternativa para rejuvenescimento/revigoramento, e conseqüentemente melhora no enraizamento de mudas clonais, possibilitando a multiplicação de clones selecionados, conservação de germoplasma e pesquisas em geral. O sucesso de um protocolo de micropropagação na propagação *in vitro*, o controle dos fatores ambientais, como temperatura e luz, é fundamental para a resposta morfogênica diante da fase de introdução *in vitro*, visto que as etapas seguintes de multiplicação, alongamento e posterior enraizamento, só podem ser executadas após o estabelecimento de culturas assépticas e com bom vigor vegetativo. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo avaliar dois clones híbridos de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* sob efeito da qualidade de luz na introdução *in vitro* pela técnica de micropropagação via proliferação por gemas axilares. As minicepas, fornecedoras dos explantes para introdução *in vitro*, foram conduzidas em minijardim clonal semi hidropônico. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos do Departamento de Ciências Florestais, da Universidade Federal de Lavras (UFLA) em delineamento inteiramente casualizado (DIC), com 30 repetições, compostas de parcelas com um explante. Segmentos nodais de dois clones de *Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus grandis* (C01 e C02) foram coletados, desinfestados e inoculados em meio de cultura MS, a fim de comparar os efeitos da qualidade da luz: Lâmpada fluorescente, LEDs branco, LEDs vermelho, LEDs azul e LEDs vermelho/azul. As análises foram processadas em software R, versão 3.0.3 (R Core Team, 2014), com auxílio do pacote ExpDes, versão 1.1.2. Para testar a diferença entre os tratamentos foi realizado o teste Tukey a 5 % significância. Aos 30 dias após a inoculação, foram avaliadas as características: porcentagem média de contaminação, oxidação e explantes não reativos. Com base nos resultados obtidos, observou-se superioridade do clone C02 em relação ao C01 e o uso da fonte de luz LEDs vermelho/azul, para todas as características avaliadas na introdução *in vitro*.

**Palavras-chave:** Silvicultura clonal; Micropropagação; Qualidade de luz.

**Apoio financeiro:** Capes, Fapemig.



## **IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE CARACTERES EM SORGO SACARINO**

**Thiago Tavares Botelho<sup>1\*</sup>, Pakizza Sherma da Silva Leite<sup>2</sup>,  
Talieisse Gomes Fagundes<sup>1</sup>, José Airton Rodrigues Nunes<sup>1</sup>,  
Camila Helena Teixeira<sup>1</sup>, Rafael Augusto da Costa Parrella<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.

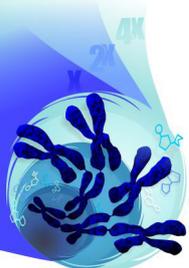
<sup>3</sup>EMBRAPA Milho e Sorgo/ Sete Lagoas - MG/ Brasil.

\*Autor correspondente: [tavabotelho@gmail.com](mailto:tavabotelho@gmail.com)

O sorgo sacarino possui colmos com elevados teores de açúcares que o destacam como uma cultura de grande potencial bioenergético. A seleção de genótipos superiores depende do conhecimento acerca do comportamento de genótipos em diversos ambientes para os múltiplos caracteres de interesse. Diante do exposto, este trabalho teve por objetivo verificar as implicações da interação genótipo x ambiente na correlação genética entre caracteres em sorgo sacarino. Foram avaliadas 196 progênies de meios-irmãos de sorgo sacarino oriundas de uma população base de um programa de seleção recorrente em experimentos conduzidos em Lavras-MG e Sete Lagoas-MG. Adotou-se o delineamento látice simples 14 x 14 em Lavras e triplo em Sete Lagoas. Foram mensurados, em ambos os locais, os seguintes caracteres: dias para o florescimento (FLOR), altura de planta (AP, m), produção de massa verde (PMV, t ha<sup>-1</sup>), teor de sólidos solúveis totais (SST, °Brix) e toneladas de brix por hectare (TBH, t ha<sup>-1</sup>). As análises estatístico-genética foram realizadas pela abordagem de modelos mistos univariada. De posse dos valores genéticos, foram estimadas as correlações entre os caracteres. Observou-se variação genética entre as progênies para os caracteres avaliados nos dois locais. Dentre as correlações estimadas, observou-se uma maior flutuação entre os caracteres FLOR e SST, sendo em Lavras a correlação de 0,51 e em Sete Lagoas de 0,02. As correlações genéticas entre os caracteres PMV e TBH foram muito altas, em Lavras (0,94) e em Sete Lagoas (0,9), evidenciando a possibilidade de praticar a seleção indireta para esses caracteres, visto que progênies com maior produção de matéria verde podem propiciar um maior rendimento de etanol em ambos locais. O rendimento de açúcares por hectare, TBH, apresentou uma correlação mediana com SST em Sete Lagoas (0,54) e em Lavras (0,68). Portanto, a interação G x A impactou na magnitude das correlações genéticas entre caracteres em sorgo sacarino, especialmente entre caracteres agrônômicos e tecnológicos.

**Palavras-chave:** *Sweet sorghum*; progênies; locais.

**Apoio financeiro:** CAPES; CNPq; FAPEMIG.



## QUANTIFICAÇÃO DE AÇÚCARES TOTAIS EM GRÃOS DE CAFFEIRO ARÁBICA VISLUMBRANDO O MERCADO DE CAFÉS ESPECIAIS

**Gabriela Ester Ferraz<sup>1\*</sup>, Sindynara Ferreira<sup>2</sup>, Antonio Jackson de Jesus Souza<sup>3</sup>,  
Marcelo Ribeiro Malta<sup>4</sup>, Cleiton Lourenço de Oliveira<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras - UFLA. Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Professor(a)/Pesquisador(a). IFSULDEMINAS – Campus Inconfidentes –MG, Brasil.

<sup>3</sup>Professor/Pesquisador. UNEB – Campus XXII. Euclides da Cunha – BA, Brasil.

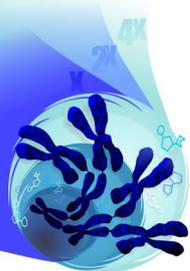
<sup>4</sup>Pesquisador. EPAMIG-MG, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: gabiferrazbiologia@gmail.com

O mercado de cafés especiais vem sendo mais explorado pelos cafeicultores brasileiros, devido, em grande parte, ao valor econômico agregado, pois trata-se de um produto diferenciado e muitas vezes único na apresentação de nuances e sabores. Os açúcares totais possuem grande contribuição para formação, após a torra, de aroma e sabor e, segundo alguns estudos são precursores do sabor caramelo apresentado por algumas bebidas. Foram avaliados os teores de açúcares totais nos grãos de 13 progênies de *Coffea arabica*, que possuem frutos grandes de coloração vermelha e apresentam alta produtividade e duas testemunhas (Mundo Novo e Catuaí) localizadas na zona rural do município de Inconfidentes, MG. Buscou-se avaliar o potencial destas plantas em atender as demandas deste mercado em ascensão. As amostras foram coletadas em estádio cerejeira, posteriormente foram colocadas submersas em água por 24 horas e, em seguida, passaram pelo descascador manual. Os grãos foram secos em terreiro de cimento tendo suas amostras separadas, até que atingissem a umidade de 11 a 12 %. Em seguida, foram encaminhadas para as análises realizadas no Laboratório da Epamig “Dr. Alcides Carvalho”, no município de Lavras/MG. Os açúcares totais foram determinados pelo método da Antrona, determinado por Dishe (1962). Os dados foram submetidos à ANAVA com posterior teste de Scott-Knott ( $P < 0,05$ ). Destacaram-se quanto ao teor de açúcares totais as amostras das progênies identificadas com os números 4, 5, 10 e a testemunha Catuaí, que obtiveram os valores de 8,23 %, 8,14 %, 8,39 % e 8,33 % de açúcares, respectivamente, não diferindo significativamente entre si. Os valores comumente encontrados de açúcares totais na literatura variam entre 8,62 % e 10,12 %. Como os níveis médios encontrados foram próximos aos de outros estudos, e considerando que, o quesito açúcares totais é fortemente influenciado pelo ambiente, cabe uma avaliação sensorial para que se possa inferir com segurança sobre a possibilidade de se levar adiante o melhoramento genético, bem como o avanço dessas progênies visando o mercado de cafés especiais.

**Palavras-chave:** Composição química; melhoramento genético; precursores de sabor.

**Apoio financeiro:** EPAMIG, FAPEMIG, CNPq e IFSULDEMINAS.



## **RESISTÊNCIA DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO À ISOLADOS DE *Sclerotinia sclerotiorum***

**Alex Naves Ferreira<sup>1\*</sup>, Fernanda Aparecida Castro Pereira<sup>1</sup>,  
Elaine Aparecida de Souza<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Laboratório de Resistência de Plantas a Doenças, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: alexnavesf@gmail.com

O banco de germoplasma do programa de melhoramento do feijoeiro da UFLA possui mais de 800 acessos (linhagens). O conhecimento acerca do nível de resistência dessas linhagens à *Sclerotinia sclerotiorum*, fungo causador do mofo branco, poderia auxiliar na seleção de linhagens. Diante desse fato, o objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de linhagens de feijão do banco de germoplasma da UFLA à dois isolados de *S. sclerotiorum*. O experimento foi realizado em casa de vegetação e conduzido no delineamento em blocos casualizados em um esquema fatorial (29x2), sendo 29 linhagens de feijoeiro e dois isolado de *S. sclerotiorum* (UFLA 24 e UFLA 44), com três repetições. A parcela experimental foi constituída por um vaso com três plantas. Foram utilizadas duas testemunhas, uma suscetível (Corujinha) e uma resistente (Cornell 605). O método utilizado para a inoculação foi o *straw test*, em que um disco de micélio (crescido em meio BDA à 23°C) é colocado na haste da planta com o auxílio de uma ponteira de micropipeta. A avaliação foi realizada sete dias após a inoculação, por meio de uma escala diagramática com notas de 1 a 9 proposta por Singh et (2014). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância no software GENES. Na análise de variância dos isolados, todas as fontes de variação não foram significativas. Dos isolados utilizados apenas o isolado UFLA 44 discriminou melhor as linhagens de feijoeiro. Segundo Paula Júnior et al. (2012), genótipos com notas menores que 3 são consideradas resistentes. De modo geral, na média da reação das linhagens ao isolado UFLA 44, quatro linhagens foram consideradas resistentes (VC-24, CNFCMG 11-06, CNFPMG 11-06, Campeiro), com nota inferior à da testemunha Cornell 605, e as demais moderadamente resistentes (notas >3 e <6). Devido às características do fungo e à complexidade da interação patógeno/hospedeiro níveis altos de resistência têm sido difíceis de identificar, por isso a escolha do isolado que melhor discrimina as linhagens poderia ser uma estratégia eficiente.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; mofo branco; *straw test*; melhoramento genético.

## **AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE FRUTOS DE CUPUAÇUZEIRO EM PLANTIOS COMERCIAIS EM TOMÉ-AÇU, NORDESTE PARAENSE**

**Abel Jamir Ribeiro Bastos<sup>1\*</sup>, Saulo Fabrício da Silva Chaves<sup>2</sup>,  
José Raimundo Quadros Fernandes<sup>3</sup>, Rafael Moysés Alves<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras - MG, Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém - PA, Brasil.

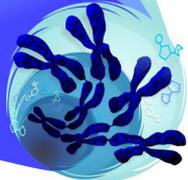
<sup>3</sup>Embrapa Amazônia Oriental, Belém - PA, Brasil.

\*Autor correspondente: abel.bastos.ufra@gmail.com

O cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Schum.) é uma frutífera nativa da Amazônia brasileira, região também considerada o maior repositório de recursos genéticos do mundo, incluindo frutíferas de grande potencial econômico como o cupuaçu. A obtenção de materiais genéticos mais produtivos através do emprego do melhoramento de plantas é muito importante tendo em vista que a manifestação fenotípica resulta do efeito do genótipo, do ambiente específico e da interação destes fatores. Dessa forma, objetivou-se neste trabalho avaliar o número e a produção de frutos (kg/planta) em 21 clones de cupuaçuzeiro cultivados em duas propriedades rurais (ambientes), visando identificar e selecionar os materiais mais promissores. Os plantios foram instalados em 2005 em duas propriedades rurais no município de Tomé-Açu - PA. No ambiente 1, o cupuaçuzeiro foi plantado no espaçamento de 6,0 m x 4,0 m e consorciado com pimenteira-do-reino (2,0 x 2,0 m), que permaneceu até o oitavo ano. No ambiente 2, o plantio foi realizado em Sistema Agroflorestal (SAF) com pimenteira-do-reino - 4 x (2 x 2 m), bananeira - 6 x 4 m, cupuaçuzeiro - 6 x 4 m e taperebazeiro - 30 x 10 m. Os clones de cupuaçuzeiro foram arranjados em blocos casualizados, com 21 tratamentos, cinco repetições e três plantas por parcela. Foram avaliados o número e a produção de frutos/planta na média de seis safras (2012/2013 a 2017/2018). Os resultados foram submetidos à análise de variância e as médias analisadas pelo teste de Scott-Knott com o programa estatístico Genes. Quanto ao número de frutos, destaca-se o desempenho do clone 7, que apresentou os melhores resultados tanto no ambiente 1 (32,63 frutos/planta) quanto no segundo ambiente (18,43 frutos/planta), neste local não diferindo estatisticamente de outros seis clones (clones 4, 6, 8, 9, 22 e 24). Na comparação entre os ambientes observou-se diferenças significativas com o ambiente 1 apresentando média geral de 18,65 frutos/planta, enquanto o ambiente 2 produziu, em média, 10,58 frutos. Para produção de frutos, o clone 7 (38,51 kg/planta), juntamente com os clones 4 e 6 (35,66 e 36,67 kg/planta, respectivamente) apresentaram desempenho superior em ambos os locais. Novamente, o ambiente 1 (26,02 kg/planta) apresentou produção média significativamente maior que o segundo (11,96 kg/planta). Nesse sentido, observou-se que melhor adaptação dos clones ao ambiente 1 para as duas variáveis de estudo, e com maior atenção aos clones 4, 6 e 7, que se destacam como os mais promissores, demonstrando uma maior adaptabilidade nesses ambientes e podendo ser selecionados para dar continuidade ao programa de melhoramento genético do cupuaçuzeiro.

**Palavras-chave:** Amazônia; Cupuaçu; Fruteira nativa; *Theobroma grandiflorum*.

**Apoio financeiro:** Capes, CNPq.



## **ADAPTABILIDADE DE HÍBRIDOS DE SORGO (*Sorghum bicolor* L. Moench) PARA PRODUÇÃO DE AÇÚCARES E BIOMASSA**

**Danilo Alves Pereira<sup>1</sup>, Fernanda Stark de Almeida Delgado<sup>2</sup>,  
Lucas Silveira Lopes<sup>3</sup>, Danilo Barbosa Fortunato<sup>2</sup>,  
Rafael Augusto da Costa Parrella<sup>4</sup>, José Airton Rodrigues Nunes<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UFLA.

<sup>2</sup>Graduando(a) em Engenharia Agrônômica – UFLA.

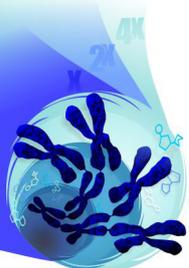
<sup>3</sup>Graduando em Biologia – UFLA.

<sup>4</sup>Pesquisador – Embrapa Milho e Sorgo.

<sup>5</sup>Professor Associado Departamento de Biologia – UFLA.

No contexto da produção de energia renovável, o sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) têm recebido maior atenção por parte dos programas de melhoramento públicos e privados de alguns países a exemplo do Brasil pelo potencial para produção etanol de 1ª geração a partir do caldo rico em açúcares extraído do caldo dos colmos (sorgo sacarino), bem como etanol de 2ª geração e co-geração de energia pela queima da biomassa seca (sorgo biomassa). Normalmente os programas atentam para o desenvolvimento de cultivares de cada tipo de sorgo bem adaptadas e que possuam boa estabilidade nas regiões de cultivo. Porém, diante da possibilidade de complementariedade das características destes dois tipos de sorgo, a pesquisa tem buscado agregar em um mesmo cultivar aptidão tanto para produção de biomassa quanto para rendimento de açúcares. O objetivo desse trabalho foi avaliar a adaptabilidade de híbridos de sorgo sacarino e híbridos com dupla aptidão sob as condições de Lavras-MG e Sete Lagoas-MG. Para discriminar os genótipos foram mensurados: dias para o florescimento (DPF, dias); altura de plantas (ALT, metros); produção de massa verde (PMV, t.ha-1), teor de sólidos solúveis total (SST, °Brix) e toneladas de brix por hectare (TBH). Os experimentos foram conduzidos no delineamento látice triplo 6x6, sendo 31 genótipos híbridos (18 sacarinos e 13 de dupla aptidão) e ainda cinco cultivares comerciais. A parcela experimental consistiu em duas linhas de cinco metros. Foi observada significância ( $p < 0,01$ ) para o efeito de genótipos para todas as variáveis. Para todos os caracteres, com exceção ALT, houve efeito de locais e interação genótipos  $\times$  locais. Híbridos de dupla aptidão foram em média mais tardios (Lavras:  $\Delta$ DPF= 22,5 dias em Lavras; Sete Lagoas:  $\Delta$ DPF 38,8 dias em Sete Lagoas), mais altos ( $\Delta$ altura= 0,46m) e acumularam menos sólidos solúveis (Lavras:  $\Delta$ SST= -2,50°Brix; Sete Lagoas:  $\Delta$ SST=-1,92°Brix) que cultivares sacarinos, todavia a nível de grupo não divergiram destes quanto à PMV e TBH, (ajuste de Scheffé, 5% de significância). Ademais, houve variação no desempenho entre os híbridos de dupla aptidão, na comparação de médias pelo teste de Tukey ( $\alpha=0,05$ ), sendo os híbridos B019, B020, B021, B022, B023, B024 e B025 foram estatisticamente semelhantes aos híbridos sacarinos quanto a PMV, SST e TBH em Lavras-MG e os genótipos B026, B027, B028, B029, B030 produziram mais biomassa (PMV), contudo com menores teores de SST. Quanto à estabilidade aferida pela ecovalência, os genótipos mais estáveis foram B036, B011, B007, B014 para DPF. Vale mencionar que os genótipos mais tardios foram os mais instáveis entre os ambientes. Para PMV, os genótipos com maior estabilidade e maior desempenho foram B030 e B026. Há variabilidade no desempenho agrônômico para os genótipos avaliados e híbridos potenciais para recomendação para uso para produção de biomassa e rendimento de açúcares.

**Palavras-chave:** *Sorghum bicolor*, estabilidade agrônômica, interação genótipos por ambientes.



## **CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE CAFEIROS BIG COFFEE VL**

**Fernanda Aparecida Castro Pereira<sup>1\*</sup>, Matheus Afonso Sakai Vidal<sup>2</sup>,  
Mariana Thereza Rodrigues Viana<sup>2</sup>, Samuel Pereira de Carvalho<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

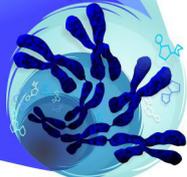
<sup>2</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: fernandacpereira01@gmail.com

O tamanho do grão de café tem sido associado com os padrões de qualidade exigidos pelo mercado consumidor, pois os grãos graúdos apresentam qualidade fisiológica superior e garantem uma bebida de melhor qualidade. O Big Coffee VL é uma variedade de *Coffea arabica*, com característica de grão graúdo. Ainda existe pouca informação sobre essa variedade, por isso esse trabalho objetivou avaliar as progênies de cafeeiro Big Coffee VL com base nas características agronômicas. O experimento está instalado no setor de Cafeicultura do Departamento de Agricultura da Universidade Federal de Lavras, no delineamento de látice quadrado (10x10), com 23 repetições e a parcela constituída por uma planta, com 100 tratamentos representados pelas progênies do cafeeiro Big Coffee VL: 32 progênies representam o grupo G (G5 a G36), 36 progênies representam o grupo M (M1a M36) e 32 progênies representam o grupo P (P5 a P36). As siglas P, M e G referem-se à classificação quanto ao tamanho do fruto e porte da planta. Os caracteres avaliados foram: altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de pares de ramos plagiotrópicos (NRP) e número de pares de folhas (NPF) em um ramo do terço médio da planta. Foram realizadas as análises de variância e aplicado o teste de agrupamento de Scott-Knott ( $p < 0.05$ ), usando o programa R. Foi observado que o coeficiente de variação experimental variou de 9,32% (altura de plantas) a 23,24% (número de pares de folhas). Houve diferenças significativas entre as progênies para AP, DC e NRP e o teste Scott-Knott agrupou as médias em 6, 4 e 2 grupos, respectivamente. A seleção de plantas mais baixas tem sido prioridade para programas de melhoramento genético do cafeeiro, principalmente para regiões mecanizadas. Em trabalhos anteriores, as progênies P tem sido destaque por apresentar menor porte e elevada produtividade. Nesse trabalho, a altura média variou de 2,05m (P14) à 2,71m (G34). O diâmetro de caule variou de 4,8cm (P19) à 6,79cm (G26), essa característica está relacionada com o fluxo de seiva, fator essencial para o desenvolvimento e sobrevivência da planta. Foram contabilizados na média de 29,65 (M15) à 41,9 (P32) ramos plagiotrópicos, assim como o número de pares folhas, esses caracteres estão relacionados ao maior potencial produtivo. Selecionar plantas visando à melhoria de várias características, simultaneamente, é um grande desafio, entretanto o uso de índices de seleção tem sido uma alternativa prática viável para o pesquisador. O índice Mulamba-Mock (1978) foi utilizado nesse trabalho envolvendo todas as características avaliadas. Segundo esse índice, se fossem selecionadas as cinco primeiras progênies, teríamos P23, G29, G9, G12 e G34 como destaque. Em trabalhos anteriores a progênie P23 é uma das mais produtivas, as demais progênies G podem ser selecionadas pelo seu potencial vegetativo.

**Palavras-chave:** *Coffea arabica*; índice de seleção; vigor vegetativo.

**Apoio financeiro:** Departamento de Agricultura UFLA.



## COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS DE ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE RELACIONADOS À PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

**Marco Renan Félix<sup>1\*</sup>; Yasmin Vasques Berchembrock<sup>1</sup>, Laís Moretti Tomé<sup>2</sup>, Douglas Goulart Castro<sup>2</sup>, Clésio Teixeira da Silva<sup>2</sup>; Flávia Barbosa Silva Botelho<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: agrofelix77@gmail.com

A interação genótipos e ambientes (GxA) é o principal complicador do trabalho dos melhoristas, visto que sua existência pode implicar em desempenho diferenciado dos genótipos frente aos diferentes ambientes e, conseqüentemente, mascarando a resposta desses a seleção. Dessa forma, uma das estratégias de sucesso para a recomendação de linhagens com ampla plasticidade fenotípica é a avaliação dos mesmos em um grande número de ambientes diferentes. Verificada a presença de interação GxA, a utilização de métodos de análise de adaptabilidade e estabilidade é interessante a fim de selecionar genótipos que associem maior adaptabilidade e estabilidade nos diferentes ambientes de avaliação, fazer a recomendação adequada aos agricultores bem como a obtenção de maiores ganhos dentro dos programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi selecionar linhagens de arroz que agreguem alta produtividade de grãos e maior estabilidade perante os distintos ambientes sob avaliação. Foram avaliados vinte linhagens elites do experimentos de ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras Altas – UFLA/MG. Os experimentos foram instalados em cinco ambientes (Patos de Minas/MG, Registro/SP, Lambari/MG, EPAMIG Subestação/MG e Lavras/MG) na safra de 2017/18. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições, em parcelas constituídas de cinco linhas de quatro metros, espaçamento de 0,40 metros entre linhas e densidade de semeadura de 80 sementes por metro linear. A partir desses foram obtidos a produtividade de grãos (kg. ha<sup>-1</sup>) após a colheita das plantas da área útil da parcela, correspondente às três linhas centrais. Foram realizadas a análise de variância conjunta e, posteriormente, as médias foram comparadas utilizando-se o teste de Scott Knott, a 5% de probabilidade. A interação GxA foi significativa ( $p < 0.05$ ), indicando que os genótipos tiveram comportamento não coincidente nos diferentes ambientes. Sendo assim, utilizando o software GENES procedeu-se a análise de adaptabilidade e baseada nos métodos de Wricke (1986), Annicchiarico (1992), e Lin Binns (1988). Os métodos avaliados foram semelhantes na identificação de duas cultivares promissoras quanto a adaptabilidade e estabilidade, CMG ERF 221-29 e Multilinha. Contudo, as cultivares BRSMG Caçula, CMG 2188 e CMG 1896 se destacaram negativamente para os três métodos, sendo, portanto, pouco estáveis e menos produtivos. Ao comparar o ranqueamento de genótipos utilizando os diferentes métodos, esses apresentaram alta correlação, sendo de 0.94 entre Wricke e Lin e Binns -0,84 entre Annichiarico e Lin e Binns e -0,78 entre Annichiarico e Wricke. A correlação negativa está condizente com a direção de associação entre os métodos avaliados, visto que, no método de Annichiarico os maiores valores estão associados com genótipos mais estáveis e de maior média, já nos métodos de Wricke e Lin e Binns ocorre o inverso.

**Palavras-chave:** Interação genótipo x ambiente; *Oryza sativa*; múltiplos ambientes.

**Apoio financeiro:** CAPES, CNPq, FAPEMIG.

## COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS PARA OBTENÇÃO DA MASSA DE MIL GRÃOS EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS

**Yasmin Vasques Berchembrock<sup>1\*</sup>, Flávia Barbosa Silva Botelho<sup>3</sup>,  
Reinaldo Soares Cazassa<sup>3</sup>, Tulio Vecchi Sousa de Oliveira<sup>4</sup>,  
Marcelo Eduardo Forni de Mattos<sup>5</sup>, Arnaldi Eiki Mori<sup>6</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

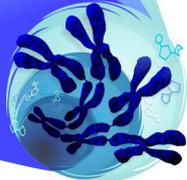
<sup>3,4,5,6</sup>Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: yavasques@yahoo.com.br

A informação referente a massa de mil grãos pode ser utilizada com diferentes intuitos na cultura do arroz, tais como determinação da produtividade de grãos associado a outros componentes de produção, característica qualitativa referente ao tamanho ou qualidade das sementes, determinação do número de sementes ou grãos por saca, cálculo de densidade de semeadura, etc. Segundo as Regras para Análise de Sementes, estabelecida pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) a massa de mil grãos deverá ser obtida a partir da avaliação da massa de oito repetições de cem grãos. No entanto, na prática, os programas de melhoramento genético avaliam um grande número de genótipos em múltiplos ambientes, tornando essa prática muitas vezes trabalhosa e demorada. Sendo assim, o presente trabalho teve por objetivo comparar os métodos de obtenção da massa de mil grãos. Foram avaliadas vinte linhagens elites do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em Lavras/MG. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados com três repetições, em parcelas constituídas de cinco linhas de quatro metros, espaçamento de 0,40 metros entre linhas e densidade de semeadura de 80 sementes por metro linear. A partir disso foi mensurado o peso de mil grãos (g) baseado em uma (PMG100) e oito (PMG800) repetições da massa de cem grãos. Foi realizado a análise de variância e, a partir das médias, efetuado um teste de comparação utilizando a metodologia de Scott Knott (5% probabilidade) e obtido as correlações de Pearson e Spearman. Foi verificada variabilidade entre os genótipos avaliados quanto a massa de mil grãos ( $p < 0,05$ ). Comparando as duas metodologias a partir das médias ajustadas de cada genótipo, foi observado uma alta associação entre essas com uma correlação de Pearson de 0,93 e de Spearman de 0,86. Além disso, ao comparar os genótipos utilizando o método de Skott Knott, somente a linhagem BRS Esmeralda se diferenciou entre os grupos obtidos, se mantendo no grupo de maior massa de mil grãos na metodologia de PMG800, mas ficando no segundo grupo de maior massa quando usado o PMG100. Em ambas metodologias utilizadas, as linhagens CMG 2187, CMG 2188 e CMG F6 LAM 20-2 se destacaram como os três genótipos de menor peso de massa de mil grãos (g). Diante do exposto, para redução do tempo, trabalho e custo da avaliação da massa de mil grãos, a utilização de somente uma repetição de massa de cem grãos se faz suficiente e precisa.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa*; correlação; peso de mil grãos.

**Apoio financeiro:** CAPES, CNPq, FAPEMIG.



## **IMPLICAÇÕES DO EMPREGO DE ESTRUTURAS DE VARIÂNCIA-COVARIÂNCIA NA SELEÇÃO ANTECIPADA EM GENÓTIPOS DE ICATU (*Coffea arabica*)**

**João Pedro Gomes Pagan<sup>1\*</sup>, Juliana Andrade Dias<sup>1</sup>, Regis de Castro Carvalho<sup>1</sup>, Gustavo Alvares Velásquez<sup>1</sup>, Flavia Maria Avelar Gonçalves<sup>1</sup>, Gladyston Rodrigues Carvalho<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Empresa de pesquisa agropecuária de Minas Gerais, Unidade Sul, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: pagan\_jp@hotmail.com

O *Coffea arabica* é uma planta perene de ciclo produtivo longo com acentuada bienalidade, portanto, são necessários vários anos de avaliação para se estimar o potencial produtivo dos genótipos, o que demanda rigor e precisão nos métodos de seleção e avaliação. Os métodos tradicionais de análises assumem variâncias e covariâncias homogêneas, não sendo os mais recomendados para a análise de medidas repetidas. A abordagem de modelos mistos é uma das soluções, pois permite o emprego de modelos capazes de lidar com a presença de heterogeneidade de variância, além disso, a seleção de genótipos por meio da predição de valores genéticos é mais acurada. Portanto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar diferentes estruturas de variâncias e covariâncias para as matrizes residual e genética e verificar suas implicações na seleção de progênies de cafeeiro do grupo Icatu em diferentes colheitas acumuladas. Foram avaliados 11 genótipos de Icatu e quatro testemunhas de Mundo Novo na área experimental da EPAMIG no município de Capelinha-MG, no delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições e seis plantas por parcela, por seis colheitas. As análises conjuntas de produção (sc/ha) foram realizadas pela abordagem de modelos mistos no esquema de parcelas subdivididas no tempo, por meio do software Asreml-R. A partir das análises com duas a seis colheitas acumuladas, foram modeladas primeiramente as estruturas de variância-covariância residuais, e a partir da melhor estrutura de matriz residual, foi selecionada a melhor matriz para os efeitos genéticos, possibilitando identificar o modelo que melhor se ajusta aos dados por meio do Bayesian Information Criterion (BIC). Estimou-se a correlação classificatória de Spearman entre os valores genéticos preditos (BLUPs) considerando as colheitas acumuladas e o número total de colheitas. Além disso, estimou-se o índice de coincidência e o ganho genético, com uma intensidade de seleção de 30%, para todas as análises. Foram selecionados dois modelos estrutura de matriz residual: simetria composta (CS), no acumulado de duas colheitas e simetria composta com variâncias para heterogêneas, para três a seis colheitas acumuladas. Para a matriz genética, as melhores estruturas foram: CS no acumulado de duas e quatro colheitas, a diagonal na acumulada de três colheitas, e a autorregressiva com variâncias homogêneas para cinco e seis colheitas acumuladas. A correlação de Spearman entre os BLUPs foi de 0,95 entre cinco e seis colheitas e uma coincidência de 100%, demonstrando que não houve alteração no ordenamento dos genótipos. O ganho com a seleção dos melhores genótipos considerando cinco e seis colheitas acumuladas foi de 12,78%. Estes resultados demonstram a importância em verificar qual modelo se ajusta melhor aos dados de produção, além disso, notou-se a possibilidade em se realizar apenas cinco avaliações, com estimativas acuradas, semelhante à obtida com seis colheitas, possibilitando a seleção antecipada.

**Palavras-chave:** Café; Bienalidade; Modelos mistos.

**Apoio financeiro:** CNPq, Capes, FAPEMIG.

## POTENCIAL DA POPULAÇÃO DO CICLO XVI DA SELEÇÃO RECORRENTE PARA A PRODUTIVIDADE DE GRÃOS NO FEIJOEIRO

Letícia Prada de Miranda<sup>1\*</sup>, Magno Antonio Patto Ramalho<sup>1</sup>,  
Ângela de Fatima Barbosa Abreu<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia; Universidade Federal de Lavras, Lavras- MG, Brasil.

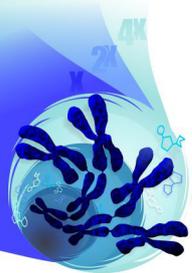
<sup>2</sup>Embrapa Arroz e Feijão.

\*Autor correspondente: leticiapradam@gmail.com

Na Universidade Federal de Lavras é conduzido um programa de seleção recorrente (SR) visando a produtividade de grãos do tipo carioca desde 1986. Em cada ciclo, após a recombinação, as progênes são avaliadas nas gerações S0:1 e S0:2 e as melhores são novamente recombinadas para obtenção de um novo ciclo. Até o momento foram conduzidos 16 ciclos e esse trabalho teve como objetivo verificar o potencial da população para a continuidade do sucesso com a SR e, se necessário, propor alternativas para incrementar o sucesso com a seleção. Foram utilizados os dados das gerações S0:1 e S0:2 do ciclo XVI. Na geração S0:1 foram avaliados 398 progênes e duas testemunhas, com duas repetições, semeadura feita em fevereiro de 2017. Na geração S0:2 foram avaliadas 194 progênes e testemunhas com três repetições, semeadura em julho de 2017. Constatou-se que a estimativa da herdabilidade foi de 26% na S0:1 e 58% na S0:2. Na S0:1 38% das progênes apresentaram produtividade média superior à da testemunha de melhor performance e na S0:2 a porcentagem foi de 13,4%. Considerando que as progênes além da produtividade apresentaram grãos do tipo carioca de excelente qualidade e que grande parte delas possuem plantas bem eretas, pode-se antever que o sucesso com esse programa de SR deverá continuar por mais alguns ciclos.

**Palavras chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; herdabilidade.

**Apoio financeiro:** CNPq, Fapemig e Capes.



## REAÇÃO DE DIFERENTES LINHAGENS DE FEIJOEIRO DE GRÃOS TIPO CARIOCA E PRETO A *Pseudocercospora griseola*.

Paula Furtado de Pádua<sup>1\*</sup>, Nathália Bottrel Maia Pereira<sup>1</sup>,  
Elaine Aparecida Souza<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG – Brasil.

\*Autor correspondente: paula.fur@hotmail.com

A mancha angular do feijoeiro é causada pelo fungo *Pseudocercospora griseola*, sendo uma das doenças mais importantes para a cultura. A estratégia de controle mais viável e econômica é o emprego de cultivares resistentes. Portanto, a identificação de fontes de resistência deve ser uma rotina em programas de melhoramento de feijoeiro visando resistência. O objetivo desse trabalho foi encontrar fontes de resistência a mancha angular nos grupos comerciais de feijoeiro carioca e preto presentes no banco de germoplasma da Universidade Federal de Lavras. O teste de patogenicidade foi realizado inoculando-se a raça 63-63 de *P. griseola* em 333 linhagens de feijoeiro no estádio V<sub>2</sub>. Discos de micélio da colônia do isolado de *P. griseola* foram repicados para tubos de ensaio contendo meio BDA. Posteriormente, o fungo foi cultivado em meio de folha-dextrose-ágar e permaneceu na incubadora (B.O.D.) na temperatura de 24°C por 5 dias. As linhagens de feijoeiro foram semeadas em bandejas e permaneceram em casa de vegetação. A cultivar Rosinha foi utilizada como testemunha suscetível e a linhagem MAIII-16.159 como resistente. As plântulas foram inoculadas após a expansão das folhas primárias e após 15 dias procedeu-se a avaliação da severidade da mancha-angular utilizando-se uma escala diagramática de notas de 1 a 9. As plantas com notas de 1 a 3 foram consideradas resistentes e superiores a 3, suscetíveis. Das 333 linhagens de feijoeiro avaliadas 86% são do grupo carioca e 14% do grupo preto. A porcentagem de linhagens resistentes dentro dos grupos carioca e preto foi de 17,54% e 27,08%. De forma geral 19% das linhagens avaliadas apresentaram-se resistentes quando inoculadas com a raça 63-63 de *P. griseola*. Esse resultado indica que é possível identificar fontes de resistência a mancha angular, independente do grupo comercial de feijoeiro avaliado, o que pode facilitar o trabalho dos melhoristas na incorporação de genes de resistência em cultivares de grupos diferentes.

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

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES e FAPEMIG.

## **SELECTION OF SUGARCANE CLONES BASED ON THE EARLY PREDICTION OF FIBRE CONTENT USING NEAR-INFRARED SPECTROSCOPY**

**Mateus Teles Vital Gonçalves<sup>1\*</sup>, Wilson Junior Cardoso<sup>2</sup>, Jussara Valente Roque<sup>2</sup>,  
Roberta Amorim Ferreira<sup>3</sup>, Gabriel Cunha Barbosa<sup>1</sup>, Luiz Alexandre Peternelli<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa.

<sup>2</sup>Departamento de Química, Universidade Federal de Viçosa.

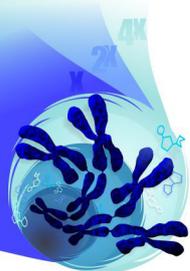
<sup>3</sup>Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa.

\*Autor correspondente: mateus.vital@ufv.br

Reducing breeding time cycle is the aim of any plant breeder. Phenotypic evaluation, especially field-based phenotyping is often a time-consuming, labour-intensive and high-cost task. Considerable attention has been addressed to high-throughput phenotyping platforms, which may have the potential to circumvent the problem aforementioned. In this study, we investigated the potential of near-infrared (NIR) spectroscopy, a high-throughput phenotyping platform, at prematurely predicting fibre content of sugarcane clones, a biomass component of the plant, in an advanced growth stage. In other words, we evaluate whether with spectra acquired in February it was possible to predict fibre content of sugarcane clones in July. NIR spectra were collected in February of 140 sugarcane dry grind bagasse samples. The instrument used was a Fourier Transform NIR Spectrometer at a wavelength region ranging from 10000 cm<sup>-1</sup> to 4000 cm<sup>-1</sup>, with spectra been displayed in the reflectance mode (log(1/R)). The samples site of collection was a clonal propagation field planted in 2013 at the experimental trial station of the Universidade Federal de Viçosa, located in Viçosa, Brazil. NIR spectra of 140 sugarcane dry grind bagasse samples were collected in February 2017. The acquisition of the reference fibre content values was performed in July 2017 of the same 140 sugarcane clones which had their NIR spectra collected in February. Initially, the data matrix was divided into calibration and validation test sets using Kennard-Stone algorithm. The result data matrix was submitted to mathematical transformations, i.e. pre-treatment to increase the signal to noise ratio and therefore enhance modelling performance. The pre-treatments combination that outputted the best results were auto-scaling, followed by orthogonal signal correction and baseline. Partial least squares (PLS) regression deals well with linear relationships and is widely applied by chemometrics in NIR data. Calibration models resulted from the correlation of NIR spectra and fibre content measured values were selected based on the root mean squared error (RMSE) and coefficient of correlation (R). Satisfactory results were attained with values of R for both, cross-validation and prediction of 0.64, and with values of RMSE for cross-validation and prediction of 2.26 and 2.03, respectively. In conclusion, we might infer that NIR spectroscopy is able to cope with problems that follow traditional phenotyping. Since early selection or reduction of breeding cycle is greatly desirable in genetic breeding programs, the possibility of screening sugarcane clones five months in advance would be preferable. Thus, selection performed in February using NIR spectroscopy would reduce costs and allow the usage of available land for other purposes plus accelerating breeding process.

**Apoio:** CNPq, FAPEMIG, CAPES, Ridesa.

**Área de concentração:** Melhoramento Vegetal.



## **USO DE ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA A DIFERENÇÃO DE GRUPOS VARIETAIS EM *Nicotiniana tabacum***

**Hilton Morbeck de Oliveira<sup>1\*</sup>, Ariadne Morbeck Santos Oliveira<sup>2</sup>,  
Maria Laene Moreira de Carvalho<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal do Mato Grosso, Campus Universitário de Rondonópolis, Rondonópolis – MT.

<sup>2</sup>Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras –MG.

\*Autor correspondente: sahbeck@globo.com

A espectroscopia de infravermelho é uma técnica que está sendo utilizada para a fenotipagem de alto rendimento e vêm sendo implementada em alguns programas de melhoramento. Essa técnica é utilizada em outras áreas, como a alimentar, para a separação de produtos e, no caso de programas de melhoramento, como em alógamias, para a diferenciação de grupos varietais para a definição de quais materiais irão compor os blocos de cruzamento na geração de novas cultivares. Desta forma, o objetivo com esse trabalho foi verificar se a técnica de espectroscopia no infravermelho próximo (NIR) e a análise multivariada podem ser utilizadas com sucesso na diferenciação de grupos varietais de sementes de fumo. Os ensaios foram conduzidos no Laboratório Central de Sementes da UFLA, sendo utilizadas sementes de quatro lotes de cada grupo varietal. As sementes foram submetidas a teste de germinação, primeira contagem e determinação do teor de água. As amostras foram submetidas à análise no NIR e os espectros foram gerados por meio do detector FT-IR, acoplado ao equipamento Tensor 27 da Bruker®. Para a construção do modelo de calibração foi utilizado o método de classificação multivariada por mínimos quadrados parciais com análise discriminante, em que as classes (y) são as variáveis dependentes e os espectros obtidos das amostras as variáveis independentes. As cultivares com 100% de acerto na calibração, tiveram 26% no teste de y-randomization, 98,67% na validação cruzada e 100% na validação externa, em que se testa 25% das amostras para validar o modelo. Portanto, conclui-se que a técnica de espectroscopia no infravermelho próximo associada à análise multivariada tem potencial para diferenciação de grupos varietais.

**Palavras-chave:** análise multivariada; NIR; tabaco.

## **REAÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJOEIRO A ISOLADO DA RAÇA 65 DE *Colletotrichum lindemuthianum***

**Gabriela Mendes de Oliveira<sup>1\*</sup>, Caroline Marcela da Silva<sup>1</sup>, Mariana Andrade Dias<sup>1</sup>,  
Luciana Aparecida Miguel<sup>1</sup>, Elaine Aparecida de Souza<sup>1</sup>, Welison Andrade Pereira<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

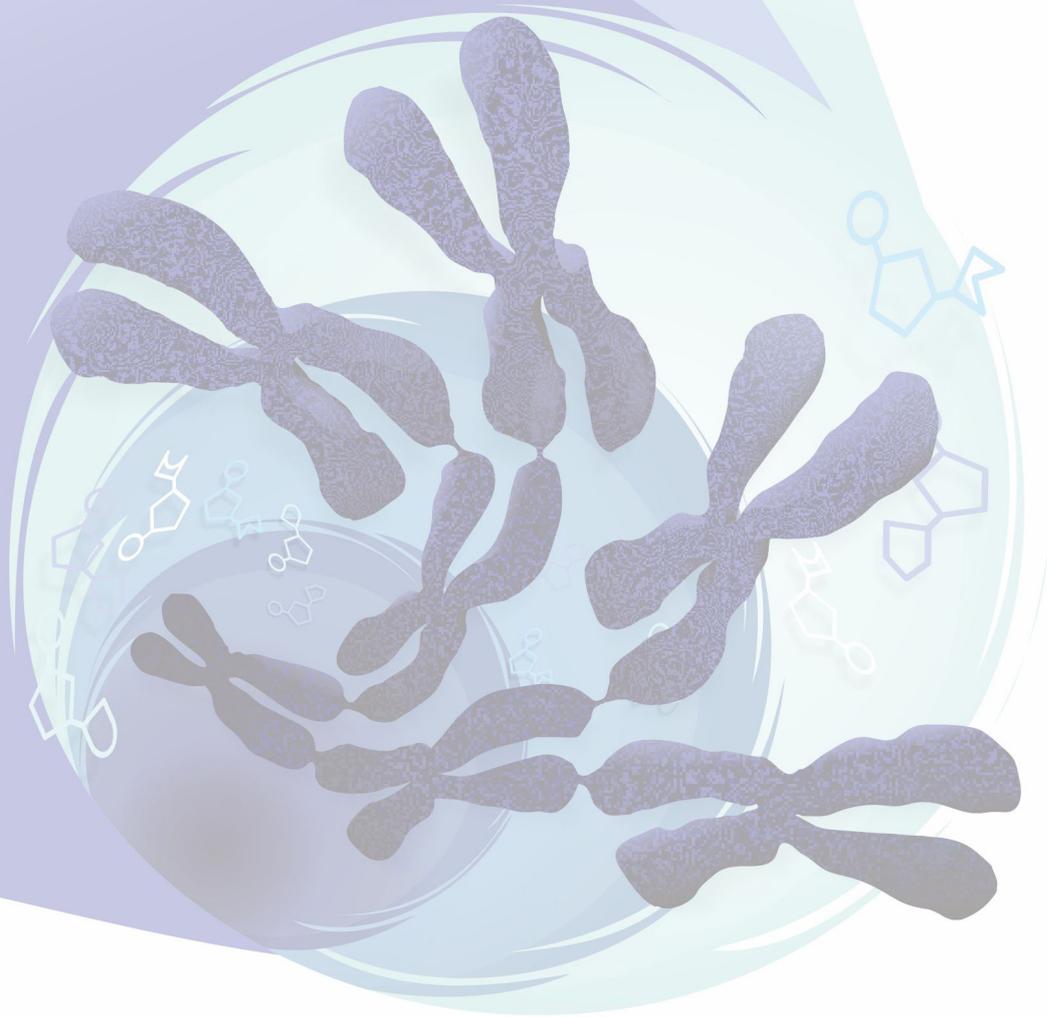
\*Autor correspondente: gabriela.oliveira3@cbiologicas.ufla.br

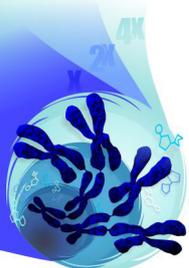
A antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, é uma das principais doenças da cultura do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) e, sob condições favoráveis ao desenvolvimento do patógeno, causa danos significativos na produção e, conseqüentemente, na oferta do produto. Conhecer o patógeno e o hospedeiro, seus comportamentos separadamente, assim como em sua interação é de extrema importância para o estudo do patossistema no melhoramento com a finalidade de obtenção de plantas resistentes. A raça 65 de *C. lindemuthianum* se destaca por sua ampla distribuição no Brasil e variabilidade patogênica. O objetivo desse estudo foi avaliar o comportamento do isolado LV 238 da raça 65 em duas linhagens de feijoeiro, Esplendor BRS e Valente BRS. O experimento foi realizado em casa de vegetação, em delineamento inteiramente casualizado, com 36 repetições e um grupo controle (sem inoculação) para cada linhagem. As plantas foram mantidas em casa de vegetação com 95% de umidade relativa, a 24° C por 10 dias. O isolado foi repicado em placas de petri contendo meio BDA, e posteriormente em tubos de ensaio com vagens estéreis de feijão, para esporulação. A inoculação foi feita através de uma suspensão de conídios, com concentração de  $1,2 \times 10^6$  conídios/ml em folhas primárias completamente expandidas, por pulverização até ponto de escorrimento. A severidade da doença foi avaliada visualmente de acordo com a escala descritiva de notas de 1 a 9. Os dados foram submetidos à análise de variância e posteriormente as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa na virulência do isolado nas diferentes linhagens e essas foram separadas em dois grupos distintos. A linhagem Esplendor (média 2,8) mostrou – se resistente ao isolado LV 280, enquanto a Valente (média 9) foi suscetível. A avaliação fenotípica decorrente da interação de diferentes linhagens com diferentes isolados fornece a base de estudos importantes para os programas de melhoramento que visam obter cultivares resistentes à antracnose.

**Palavras-chave:** *Colletotrichum lindemuthianum*; inoculação; *Phaseolus vulgaris*; raça 65.

**Apoio financeiro:** CNPq.

# GENETIC RESOURCES





## GENETIC DIVERSITY OF *Paspalum* L. ACCESSIONS FROM VIRGATA GROUP BASED ON MOLECULAR MARKERS

**Bianca Baccili Zanotto Vigna<sup>1\*</sup>, Fábio de Matos Alves<sup>2</sup>,  
Fernanda Ancelmo de Oliveira<sup>2</sup>, Lucas Faramiglio Roque<sup>1</sup>,  
Marcelo Matos Cavallari<sup>1</sup>, Alessandra Pereira Fávero<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brazil.

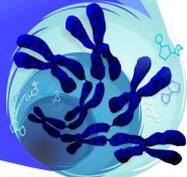
<sup>2</sup>University of Campinas, Campinas, SP, Brazil.

\*Autor correspondente: bianca.vigna@embrapa.br

*Paspalum* genus is known for containing species of good forage and turf value. The genus is widespread throughout the American continent, with more than 210 species occurring in Brazil, of which species from the informal botanic group Virgata present good forage potential, such as *P. conspersum*, *P. regnellii* and *P. virgatum*. The cited species are tetraploid and sexual. Some germplasm banks (GB) are held all over the world so as to conserve the genetic diversity of *Paspalum* spp., including one maintained *ex situ* at Embrapa Pecuária Sudeste (EPS), São Carlos, SP, Brazil. One of the recurrent issues in GB is the occurrence of redundant accessions, which demand more resources, and the identification of duplicates increases the efficiency in GB management. This study aims the estimation of genetic diversity and population structure of group Virgata accessions from the EPS GB and the verification of duplicates using molecular characterization. With these purposes, 33 accessions of Virgata from this GB were evaluated with 15 novel specific SSRs markers and 7 ISSRs ((CT)8-G, (AC)8-T, (GT)8-C, (AG)8-C, (ATG)5GA, (GA)8-C e (AGAC)4GC). Total DNA were extracted according to CTAB method and PCR performed according to the literature. The SSRs fragments were separated on a 6.5% polyacrylamide gel and the ISSRs on a 2% agarose gel. Fragments were visually scored for the presence (1) or absence (0) of homologous DNA bands and transformed in a binary matrix, which was used to estimate the Jaccard dissimilarity coefficients (D) of each pair of accessions and to obtain an UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) grouping. Population structure was estimated using a Bayesian analysis using the software STRUCTURE. The most likely number of clusters was obtained through  $\Delta K$  values. D values among the genotypes ranged from 0.10 to 0.97, with a mean value of 0.69. The dissimilarity of 10% is not significant enough to consider two accessions as duplicates, so it was considered that there are no redundant accessions. The UPGMA dendrogram separated the accessions in four groups, being group I and group II composed by accessions of *P. conspersum* and *P. virgatum*, respectively, and groups III and IV of *P. regnellii*. This grouping corroborates the closer phylogenetic relationship previously reported between *P. conspersum* and *P. virgatum* than with *P. regnellii*. STRUCTURE analysis showed the best K is 2, which separates the accessions of *P. conspersum* from the other species' accessions. However, when analyzing K=4, the same UPGMA grouping pattern is observed. These results are of high importance for the breeding program in progress at Embrapa and (1) indicate that there is a great genetic variability among the accessions and (2) help to drive intra and interspecific crosses according to the genetic dissimilarity.

**Keywords:** Genetic resources; ISSR; SSR.

**Funding:** Embrapa, CNPq, CAPES, Fapesp.



## **GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE *Ocotea odorifera* (Vell.) Rowher VISANDO A PROPAGAÇÃO E CONSERVAÇÃO GENÉTICA DA ESPÉCIE**

**Juscelina Arcanjo dos Santos<sup>1\*</sup>, Douglas Santos Gonçalves<sup>2</sup>,  
Denys Matheus Santana Costa Souza<sup>2</sup>, Samira Rangel do Prado Frade<sup>3</sup>,  
Dulcinéia de Carvalho<sup>2</sup>, Gilvano Ebling Brondani<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Departamento de Engenharia Florestal, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

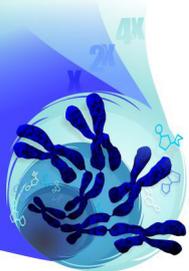
<sup>3</sup>Departamento de Química, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: celinarcanjo@hotmail.com

*Ocotea odorifera* (Vell.) Rowher é uma espécie arbórea, pertencente a família Lauraceae, possui madeira de excelente qualidade e encontra-se distribuída naturalmente nos biomas da Amazônia, Cerrado e Mata Atlântica. Esta espécie sofreu intensa exploração devido a sua produção de óleo muito utilizado pelas indústrias de perfumaria. A intensa exploração da espécie aliada a fragmentação e redução de seus habitats resultou em diminuição das populações e inclusão da espécie na lista de espécies ameaçadas de extinção do Brasil. As sementes desta espécie apresentam comportamento recalcitrante em relação ao armazenamento perdendo rapidamente a viabilidade, além de possuir fatores de reprodução e dispersão que dificultam sua regeneração natural, tal como a produção irregular de sementes e predação dos frutos e sementes por pássaros. Por ser uma espécie ameaçada de extinção é fundamental adotar estratégias que visam aumentar o número de indivíduos em plantios na natureza e a conservação genética da espécie. Dentre as técnicas utilizadas para conservar espécies que se encontram ameaçadas de extinção, o cultivo *in vitro* constitui uma importante ferramenta na conservação *ex situ*. Com vistas a necessidade urgente de desenvolver estratégias de conservação dos recursos genéticos da *Ocotea odorifera*, o objetivo deste trabalho foi desenvolver um protocolo de germinação *in vitro* para obter material para a micropropagação e posterior conservação do germoplasma da espécie. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultivo *In Vitro* de Espécies Florestais do Departamento de Ciências Florestais, da Universidade Federal de Lavras em delineamento inteiramente casualizado (DIC), com 10 repetições e 4 tratamentos. Os tratamentos foram constituídos em função da assepsia das sementes e germinação das sementes completas ou via embrião, os quais foram: T1 - imersão de sementes em hipoclorito de sódio (2,0-2,5% de Cl ativo) a 100% por 5 minutos; T2 - imersão de sementes em hipoclorito de sódio a 50% por 5 minutos; T3 - tratamento de assepsia na semente em hipoclorito de sódio a 100% por 5 minutos e retirada do embrião; T4 - tratamento de assepsia na semente em hipoclorito de sódio a 50% por 5 minutos e retirada do embrião. Após trinta dias da instalação do experimento, as taxas de germinação entre os tratamentos foram avaliadas por meio dos testes F e de Tukey. As análises foram processadas no software R, versão 3.0.3 (R Core Team, 2014). Os resultados mostraram superioridade na taxa de germinação do tratamento T4 - assepsia na semente em hipoclorito de sódio a 50% por 5 minutos e retirada do embrião. Estes dados indicaram eficiência do processo de assepsia e na germinação *in vitro* de *Ocotea odorifera* via embrião demonstrando resultados promissores para a propagação e conservação da espécie, sendo necessários estudos nas demais fases da micropropagação.

**Palavras-chave:** Conservação genética; espécie ameaçada de extinção; sementes recalcitrantes.

**Apoio financeiro:** Capes.



## **DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE *Coffea arabica* EM CONDIÇÕES DE CERRADO DO PLANALTO CENTRAL DO BRASIL**

**Cyntia Stéphânia dos Santos<sup>1\*</sup>, Fernanda Aparecida Castro Pereira<sup>2</sup>,  
Milene Alves de Figueiredo Carvalho<sup>3</sup>, Antônio Nazareno Guimarães Mendes<sup>1</sup>,  
Gustavo Costa Rodrigues<sup>4</sup>, Adriano Delly Veiga<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal de Lavras; Departamento de Agricultura; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Lavras; Departamento de Biologia; Lavras; Minas Gerais; Brasil.

<sup>3</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Embrapa Café; Brasília; Distrito Federal; Brasil.

<sup>4</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Embrapa Informática Agropecuária; Campinas; São Paulo; Brasil.

<sup>5</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Embrapa Cerrados; Planaltina; Distrito Federal; Brasil.

\*Autor correspondente: [cynthia.s.santos@hotmail.com](mailto:cynthia.s.santos@hotmail.com)

A caracterização de germoplasma permite quantificar e utilizar a variabilidade genética disponível de forma eficiente. Diante disso, o objetivo do trabalho foi avaliar a diversidade de genótipos de *Coffea arabica* quanto às características fisiológicas relacionadas às trocas gasosas em condições de Cerrado do Planalto Central do Brasil. Foram avaliados 23 genótipos de cafeeiros do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Cerrados, em Planaltina-DF, sendo eles: Acaiá Cerrado MG1474, Araponga MG1, Catiguá MG1, Catiguá MG2, Catiguá MG3-S/M, Catiguá MG3-P4, Catiguá MG3-P5, Catiguá MG3-P7, Catiguá MG3-P9, Catiguá MG3-P23, Catiguá MG3-P51, Catuaí Amarelo IAC62, Catuaí Vermelho IAC15, Catuaí Vermelho IAC81, Catuaí Vermelho IAC99, Caturra Vermelho MG0187, Guatenano Colis MG0207, Mundo Novo IAC379-19, Paraíso MG1, Pau Brasil MG1, Sacramento MG1, San Ramon MG0198 e Topázio MG-1190. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com os 23 genótipos e 6 repetições. As avaliações de trocas gasosas foram realizadas em folhas completamente expandidas, do terceiro ou quarto par, no terço médio dos ramos plagiotrópicos de três plantas de cada genótipo. Utilizou-se um sistema portátil de análise de gases por infravermelho (IRGA LICOR-6400XT) em que se obtiveram as seguintes características: taxa fotossintética (A), condutância estomática (gs), carbono interno (Ci), transpiração (E), relação Ci/Ca e eficiência do uso da água (EUA – A/g). No programa computacional Genes, os dados foram submetidos à análise de variância e agrupados pelo teste de Scott-Knott ( $p < 0,05$ ). Para a análise de diversidade genética foi realizado o agrupamento dos genótipos pelo método de otimização *Tocher*, e utilizou-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de *Mahalanobis*. Os genótipos foram separados em 8 grupos, o primeiro composto por: Araponga MG1, Catiguá MG3-P4, Catiguá MG3-P9, Catuaí Vermelho IAC81, Catuaí Amarelo IAC62, Guatenano Colis MG0207, Caturra Vermelho MG0187, San Ramon MG0198, Acaiá Cerrado MG1474, Catiguá MG2; o segundo grupo: Catuaí Vermelho IAC99, Catuaí Vermelho IAC15, Sacramento MG1, Catiguá MG3 S/M, Paraíso MG1; terceiro grupo: Catiguá MG3-P5 e Topázio MG-1190; quarto grupo: Catiguá MG3-P7 e Pau Brasil MG1. Os demais genótipos Mundo Novo IAC 379-19, Catiguá MG3-P51, Catiguá MG3-P23, Catiguá MG1 foram os mais divergentes, pois permaneceram em grupos isolados. O genótipo Catiguá MG1 diferenciou-se dos demais, por apresentar maior A, Ci e relação Ci/Ca; o genótipo Catiguá MG3 P23 apresentou maior EUA; o genótipo Catiguá MG3-P51 apresentou maiores valores de A, gs, Ci, E e Ci/Ca, já o genótipo Mundo Novo IAC 379-19 pode ter diferenciado dos demais por apresentar menor gs e E de acordo com o agrupamento Scott-Knott. Essas informações poderão auxiliar os programas de melhoramento genético do cafeeiro na escolha de genótipos com vantagens fisiológicas dependendo do objetivo do programa de melhoramento.

**Palavras-chave:** Melhoramento do cafeeiro; Fisiologia; Banco Ativo de Germoplasma.

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

## **GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE *Cattleya* *crispata* (Thunb.) Van den Berg**

**Samira Rangel do Prado Frade<sup>1\*</sup>, Denys Matheus Santana Costa Souza<sup>2</sup>,  
Sérgio Bruno Fernandes<sup>1</sup>, Maria Lopes Martins Avelar<sup>2</sup>,  
Juscelina Arcanjo dos Santos<sup>2</sup>, Gilvano Ebling Brondani<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Departamento de Química, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>1</sup>Departamento de Química, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

<sup>2</sup>Laboratório de Cultivo *In Vitro* de Espécies Florestais, Departamento de Ciências Florestais, Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, Brasil.

\*Autor correspondente: samirafrade@hotmail.com

*Cattleya crispata* é uma espécie de orquídea ornamental endêmica do estado de Minas Gerais/BR e encontrada principalmente na região da Serra de Ibitipoca. No entanto o seu cultivo ainda é um desafio, requerendo cuidados específicos. Uma alternativa para a conservação genética desta espécie é a micropropagação, tendo como vantagens a fixação de ganhos genéticos em populações clonais, maximização da propagação de plantas com alta qualidade para comercialização e a criação de um banco de sementes, tudo isso em um pequeno espaço físico e em curto tempo, independentemente de fatores climáticos limitantes. Entretanto para isto, primeiro é fundamental estabelecer as melhores condições para a germinação *in vitro* das sementes, porém essas informações para a orquídea *Cattleya crispata* são limitadas. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo avaliar o meio de cultura MS (Murashige e Skoog), com e sem carvão ativado para a germinação *in vitro* de *Cattleya crispata*. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado (DIC), com dois tratamentos e 30 repetições cada, compostas de parcelas com um explante. As sementes foram coletadas pela empresa GERDAU no campo Rupestre Ferruginoso localizado na região de Ibitipoca, desinfestadas e inoculadas em meio de cultura MS com e sem carvão ativado. Foi avaliada a velocidade de germinação aos 20, 30 e 40 dias, a porcentagem média de contaminação (%C) e germinação (%G) por frasco. As análises foram processadas em software R, versão 3.0.3 (R Core Team, 2014), com auxílio do pacote ExpDes, versão 1.1.2. Para testar a diferença entre os tratamentos foi realizado o teste Tukey a 5 % significância. Aos 30 dias após a inoculação ocorreu a germinação das sementes no tratamento com o uso do carvão ativado. No meio isento de carvão, o processo germinativo iniciou aos 40 dias. Com base nos resultados obtidos, observou-se superioridade do meio de cultura MS com adição do carvão ativado para todas as características avaliadas na germinação *in vitro* das sementes de *Cattleya crispata*, podendo estas informações ser inseridas nos protocolos de cultivo *in vitro* que visam a conservação genética e comercialização dessa espécie endêmica.

**Palavras-chave:** *Cattleya crispata*; Germinação *in vitro*; Conservação Genética.

**Apoio financeiro:** CAPES, FAPEMIG.