



DUPONT PLANT SCIENCES SYMPOSIA

II SIAGMP

II SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE ATUALIZAÇÃO
EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS

As Cultivares e os Melhoristas do Futuro

21 e 22 de Março de 2018

**Centro de Convenções da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF)**

Realização



Patrocínio



Apoio



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

Editores

Ingrid Gaspar da Costa Geronimo

Ismael Albino Schwantes

Jose Arantes Ferreira Junior

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi

Lígia Renata Almeida da Silva

Lucas Zanchetta Passamani

Maria do Socorro Bezerra de Araújo

Rafael Walter

Renato Gobbi Vettorazzi

Renato Santa Catarina

Samuel Henrique Kamphorst

Tâmara Rebecca A. de Oliveira

Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti

Tiago Silva Jorge

Valter Jário de Lima

Anais do II Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas

2ª edição

Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil

2018

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Coordenadoria de Processos
Técnicos da Biblioteca Universitária da UENF**

Ficha catalográfica

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

Comissão Organizadora

Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Plantas - Ganho Genético/UENF

Ingrid Gaspar da Costa Geronimo

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Ismael Albino Schwantes

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Jose Arantes Ferreira Junior

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Julio Cesar Fiorio Vettorazzi

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Lígia Renata Almeida da Silva

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Lucas Zanchetta Passamani

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Maria do Socorro Bezerra de Araújo

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Rafael Walter

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Renato Gobbi Vettorazzi

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Renato Santa Catarina

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Samuel Henrique Kamphorst

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Tâmara Rebecca A. de Oliveira

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Tiago Silva Jorge

Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas

Valter Jário de Lima

Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas

Docentes do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas - UENF

Alexandre Pio Viana – D. Sc.
Melhoramento de Fruteiras. pirapora@uenf.br

Antônio Teixeira do Amaral Júnior – D. Sc.
Melhoramento Vegetal. amaraljr@uenf.br

Clícia Grativol Gaspar – D.Sc.
Química Biológica. cgrativol@uenf.br

Geraldo de Amaral Gravina – D. Sc.
Produção Vegetal / Fitotecnia. gravina@uenf.br

Gonçalo Apolinário de Souza Filho – D. Sc.
Biologia Molecular. goncalos@uenf.br

Helaine Christine Cancela Ramos – D.Sc.
Melhoramento Vegetal. helainecr@uenf.br

Marcelo Vivas – D.Sc.
Melhoramento Vegetal / Estatística. mrclvivas@hotmail.com

Messias Gonzaga Pereira – Ph. D.
Marcadores Moleculares de DNA. messias@uenf.br

Rogério Figueiredo Daher – D.Sc.
Produção Vegetal / Melhoramento de Forrageiras e Estatística. rogdahe@uenf.br

Rosana Rodrigues – D. Sc.
Melhoramento Visando Resistência à Doenças e Recursos Genéticos
Vegetais. rosana@uenf.br

Silvaldo Felipe da Silveira – D. Sc.
Fitopatologia. silvaldo@uenf.br

Telma Nair Santana Pereira – Ph. D.
Citogenética Vegetal e Recursos Genéticos Vegetais. telmasp@uenf.br

Vanildo Silveira – D.Sc.
Biotecnologia/Proteômica Comparada e Morfogênese in vitro. vanildo@uenf.br

Valdirene Moreira Gomes – D.Sc.
Biotecnologia / Proteômica associada à Resistência a Doenças. valmg@uenf.br

Virginia Silva Carvalho – D. Sc.
Cultura de Tecidos. virginia@uenf.br

Comissão Avaliadora dos Trabalhos

Dr.^a Geovana Cremonini Entringer

Dr.^a Claudia Lougon Paiva de Almeida

Comissão de Seleção dos Melhores Trabalhos

Prof. Dr. Derly José Henrique da Silva – UFV

Prof. Dr. Roberto Fritsche-Neto – ESALQ

Prof. Dr. Leonardo Siqueira Gloria - UENF

SUMÁRIO

PREFÁCIO	1
PROGRAMAÇÃO.....	2
RESUMOS.....	4
ANÁLISE GENÔMICA	
Uso de ferramentas moleculares na análise de reversão sexual em mamoeiro.....	5
Caracterização dos genomas de cloroplasto de cana-de-açúcar e análise comparativa entre espécies selvagens e cultivares híbridos.....	6
Desenvolvimento de marcadores SNAPs e identificação de genes candidatos associados à QTLs para firmeza de frutos em <i>Carica papaya</i> L.	7
Estudios moleculares en especies de <i>Argemone mexicana</i> y <i>Hylocereus</i> spp.	8
Genome-wide identification and expression analysis of MBD gene family in soybean	9
Identification of genes encoding cell wall invertase enzymes involved in the storage of sucrose in sugarcane.....	10
Purificação, caracterização parcial e atividade antifúngica de peptídeos antimicrobianos de <i>Capsicum chinense</i> Jacq. sobre o crescimento de fungos fitopatogênicos	11
Caracterização genômica e transcriptômica, obtenção de árvore filogenética e perfil de expressão de defensinas e LTPs em cana-de-açúcar	12
Análise de expressão de genes e proteínas envolvidos com a mobilização de nutrientes em eixo embrionário de soja durante o desenvolvimento germinativo e pós-germinativo	13
Diversidade entre acessos de pimenta coletadas no Semiárido Mineiro.....	14
Identificação de micropeptídeos relacionados aos precursores de miRNAs nos genomas de leguminosas.....	15
Análise da dinâmica de regulação de genes associados à parede celular em diferentes estágios de desenvolvimento de soja	16
Caracterização de genes envolvidos nas vias de metilação do DNA e de pequenos RNAs em cana-de-açúcar	17
MELHORAMENTO DE PLANTAS	
Estratégias de Seleção em Linhagens Recombinadas de Mamoeiro	18
Correlação genética entre caracteres de frutos em pimentas (<i>Capsicum</i> spp.)	19
Análise de componentes principais em variáveis de goiabeira (<i>Psidium guajava</i> L.).....	20
Potencial agrônomico de linhagens de milho-pipoca em condições irrigadas e de estresse hídrico	21
Identificação de fontes de resistência à mancha bactéria em acessos de pimenta com potencial ornamental.....	22
Selection of bean genotypes using multivariate analysis.....	23

Desempenho agrônômico de sorgo granífero na região noroeste capixaba	24
Estimativa de depressão por endogamia de progênies parcialmente endogâmicas S ₃ de milho-pipoca	25
Análise de correlação entre variáveis de goiabeira (<i>Psidium guajava</i> L.)	26
Capacidade combinatória em milho para silagem na região Norte Fluminense	27
Potencial produtivo de genótipos de milho superdoce em progressivas etapas de desenvolvimento	28
Avaliação de diversidade genética em plantas de <i>Coffea arabica</i> utilizando marcadores RAPD no município de Inconfidentes, Minas Gerais.	29
Diversidade genética e análise morfo-agrônômica dos acessos de café do Banco Germoplasma da Heringer	30
Expressão morfofisiológica de linhagens de milho-pipoca submetidas a condições de <i>deficit</i> hídrico	31
Avaliação de híbridos de milho dentado para produção de silagem para a região Norte/Noroeste Fluminense	32
Genótipos de <i>C. canephora</i> com traços de tolerância ao baixo suprimento de nitrogênio	33
Ganhos genéticos preditos em progênies de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> para resistência à antracnose.....	34
Estimativas de parâmetros genéticos em clones de Palma forrageira.....	35
Correlações genotípicas entre caracteres agrônômicos de linhagens de milho-pipoca sob condições irrigadas e de <i>deficit</i> hídrico.....	36
Desempenho morfoagronômico de genótipos de milho cultivados sob déficit hídrico no Espírito Santo.....	37
Germinação de sementes de famílias de irmãos completos da primeira geração de retrocruzamento de maracujazeiro	38
Repetibilidade para produção e qualidade de frutos em mamoeiro	39
Seleção de híbridos de capim-elefante para fins energéticos utilizando modelos mistos.....	40
Utilização do índice spad na caracterização fisiológica para avaliação dos genótipos quanto à tolerância à seca em populações milho.	41
GGE Biplot projection on the resistance discrimination of tomato genotypes to <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> and <i>Ralstonia solanacearum</i>	42
Melhoramento de milho-pipoca para tolerância ao estresse hídrico ou eficiência no uso da água?. 43	
Exploring the use of testers to maximize selection accuracy of partially inbred S ₃ popcorn progenies	44

RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Diversidade genética entre acessos de pimenta (<i>Capsicum</i> spp.)	45
Otimização de protocolo para obtenção de cromossomos metafásicos de alta qualidade em milho (<i>Zea mays</i>).....	46
Caracterização morfoagronômica de acessos de feijoeiro-comum no estado do.....	47
Rio de Janeiro.....	47

Caracterização fenotípica de acessos de mandioca com potencial de adaptação às condições do Norte Fluminense	48
Germinação <i>ex vitro</i> e <i>in vitro</i> de populações silvestres de <i>Passiflora mucronata</i>	49
Conservação e viabilidade de grãos de pólen de <i>Cucurbita moschata</i> Duch. em baixas temperaturas	50
Estudo do comportamento meiótico e viabilidade polínica de <i>Ocimum basilicum</i> (Willd) Benth. var <i>pilosum</i> cultivadas em Alta Floreta, MT	51
Muito além do feijão preto: resultados preliminares da diversidade de feijão-comum conservado <i>on farm</i> no Rio de Janeiro	52

PREFÁCIO

O Núcleo de Estudos de Genética e Melhoramento de Plantas – Ganho Genético convidou estudantes de Graduação, Pós-Graduação e profissionais da área de Genética e Melhoramento de Plantas para participarem do “II Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas – As cultivares e os melhoristas do futuro”, que foi realizado nos dias 21 e 22 de março de 2018, no Centro de Convenções da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF.

Este foi o primeiro Evento em parceria com a DuPont – Pioneer e constituiu em uma oportunidade para que profissionais, especialistas e estudantes pudessem debater, em profundidade, o cenário da agricultura mundial das próximas décadas, no âmbito do desenvolvimento de novas cultivares e na formação do recurso profissional, no sentido de responder as seguintes questões: i) Como serão as cultivares do futuro? e ii) quais as características do profissional para atender aos novos desafios globais?

PROGRAMAÇÃO

March, 21st

Morning

8:00h - Registration

09:00h - Opening Ceremony

10:00h - **Opening session: Symposium Series - Pioneer**

Speaker: Dr. Tabare Abadie - DuPont Pioneer

Moderator: Prof. Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior – UENF

10:30h - Coffee break

11:00h - **Opening lecture: Water scarcity and sustainable agriculture under future scenarios of climate change: Tools, strategies and challenges**

Speaker: Prof. Dr. Ivan Francisco Garcia Tejero - Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera | IFAPA

Moderator: Prof. Dr. Eliemar Campostrini - UENF

12:00h - Lunch break

Afternoon

Roundtable 1: Biodiversity for a changing global scenario: challenges and opportunities

Moderator: Profa. Dra. Rosana Rodrigues - UENF

14:00h - **Seeds of discovery project: using genetic resources for breeding tolerance of biotic and abiotic stresses**

Speaker: Dr. Marcela C. Andrade - CIMMYT

14:30h - **Conservation and expansion strategies of the on farm/in situ genetic diversity**

Speaker: Dr. Irajá Ferreira Antunes - EMBRAPA Clima Temperado

15:00h - Coffee break

15:30h - **Germplasm Bank: Gene and genotypes sources for plant breeding**

Speaker: Prof. Dr. Derly José Henrique da Silva - UFV

16:00h - Discussion

16:30h - Oral presentations

18:00h - Closing of the day

March, 22nd

Morning

Roundtable 2: The cultivars for the future

Moderator: Prof. Dr. Alexandre Pio Viana - UENF

8:30h - **Twenty years of papaya breeding: Training of human resources, generation of scientific knowledge and development of new cultivars**

Speaker: Prof. Dr. Messias Gonzaga Pereira - UENF

9:00h - **Genetic association and prediction for nitrogen efficiency in tropical maize**

Speaker: Prof. Dr. Roberto Fritsche-Neto - ESALQ

9:30h - **Applying new technologies in an industry leading breeding program to increase genetic gain**

Speaker: Dra. Jillian Foerster - DuPont Pioneer

10:00h - Coffee break

10:30h - **Field phenotyping to enable breeding for abiotic stress tolerance**

Speaker: Dra. Carla Gho - DuPont Pioneer

11:00h - Discussion

11:30h - Oral presentations

13:00h - Lunch break

Afternoon

Roundtable 3: Future breeder profile

Moderator: Profa. Dra. Helaine Christine Cancela Ramos - UENF

14:00h - **How to qualify the breeders to obtain the cultivars of the future in Brazil**

Speaker: Prof. Dr. Magno Antônio Patto Ramalho - UFLA

14:30h - **New breeder's profile for private companies**

Speaker: Dr. Rafael Augusto Vieira - Monsanto

15:00h - Coffee break

15:30h - **Integrative plant biology applied to genetic plant breeding: a modern and multidisciplinary view of the new breeder**

Speaker: Prof. Dr. Gonçalo Apolinário de Souza Filho - UENF

16:00h - Discussion

16:30h - Oral presentations

18:00h - Closing session



Anais do II Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas

As Cultivares e os Melhoristas do Futuro

RESUMOS

Uso de ferramentas moleculares na análise de reversão sexual em mamoeiro

Adriana Azevedo Vimercati Pirovani¹; Helaine Christine Cancela Ramos¹; Marcelo Vivas¹; Renato Santa Catarina¹; Marcela Santana Bastos Boechat¹; Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes²; Messias Gonzaga Pereira¹

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), Av. Alberto Lamego, 2000, Pq. Califórnia, 28013-602, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA, Brasil.

Progênies dioicas de meios-irmãos de mamoeiros oriundas de genótipos crioulos procedentes do sul do Estado do Espírito Santo foram introduzidas no programa de seleção recorrente como fonte de alelos que conferem resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta. Dentre tais progênies, foi identificado um genótipo hermafrodita (denominado hermafrodita M3), gerando dúvidas quanto a sua procedência. Embora em uma frequência muito baixa, a reversão sexual natural de uma planta masculina para hermafrodita ocorre espontaneamente, como ocorreu para o genótipo dioico Cariflora. A ocorrência de uma reversão sexual natural disponibiliza de imediato aos melhoristas, um material que levaria muitas gerações para ser obtido por meio de um programa de melhoramento. Sendo assim, a confirmação de um genótipo hermafrodita oriundo da progênie resistente à mancha-de-phoma e pinta-preta, seria de extrema importância para o programa de melhoramento por permitir o desenvolvimento de linhagem e a utilização desta no desenvolvimento de híbridos que além de superiores agronomicamente possuam alelos para resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta doenças que muito acometem a cultura do mamoeiro. O objetivo deste trabalho foi investigar a origem da planta hermafrodita M3 identificada em progênie dioica, elucidando a ocorrência de reversão sexual ou contaminação. O material vegetal foi constituído por dezesseis genótipos pertencentes ao banco ativo de germoplasma (BAG) de mamoeiro UENF/Caliman, sendo: sete genótipos femininos da progênie dioica, um hermafrodita M3, quatro testemunhas hermafroditas (Sekati, Maradol Origem México, Maradol GL e 'Golden') três testemunhas dioicas (Cariflora, Cimarron, Criola de Costa Rica) e um genótipo masculino proveniente da progênie dioica. As reações de PCR foram realizadas em multiplex utilizando o marcador macho-específico PMSM1 que amplifica em plantas masculinas e em plantas com reversão sexual de masculina (XY) para hermafrodita (XYh), o marcador específico macho/hermafrodita W11 e o marcador 71E que amplifica nos três tipos sexuais. Todos os genótipos amplificaram para o marcador autossomal (71E) utilizado como controle positivo. Em consonância com o esperado, para o marcador específico masculina/hermafrodita W11, não houve amplificação para os genótipos femininos, apenas para os genótipos hermafroditas e masculino. No entanto, foi observada ausência de amplificação para o genótipo hermafrodita Maradol GL, ou seja, a presença de uma planta falso-negativa. Para o marcador PMSM1 foi observada amplificação apenas no genótipo masculino, indicando, portanto, que o material investigado hermafrodita M3 não sofreu reversão sexual de uma planta masculina para hermafrodita. De acordo com o resultado da análise molecular realizada no presente estudo, o genótipo hermafrodita identificado na progênie dioica resistente à mancha-do-phoma e à pinta-preta não consiste em uma mutação ou reversão sexual natural, evidenciando-se uma provável contaminação de pólen ou mistura de sementes.

Caracterização dos genomas de cloroplasto de cana-de-açúcar e análise comparativa entre espécies selvagens e cultivares híbridas

Deise Ferreira Fernandes Paes¹; Filipe Mateoli²; Thiago Motta Venâncio³; Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira⁴; Clícia Grativol⁵

¹Mestranda do Programa de Biociências e Biotecnologia, UENF ;

²Doutorando do Programa de Biociências e Biotecnologia, UENF;

³Professor Associado no Centro de Biociências e Biotecnologia – UENF;

⁴Professor associado no Instituto de Bioquímica Médica – UFRJ;

⁵Professora associada no Centro de Biociências e Biotecnologia – UENF.

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) pertence à família Poaceae e é muito utilizada devido ao seu potencial agrônomo. Os cruzamentos entre as espécies selvagens *Saccharum spontaneum* e *Saccharum officinarum* no início do século 20 viabilizaram a geração de híbridos com a capacidade de acumular sacarose de *S. officinarum* e a resistência a estresses bióticos e abióticos de *S. spontaneum*. Além do genoma nuclear, as plantas possuem genoma organelar, que podem fornecer informações sobre espécies específicas. Os genomas de cloroplastos possuem um tamanho entre 120 e 160 kb sendo responsáveis por produzir vários compostos orgânicos através do processo de fotossíntese, sintetizam em torno de 80 proteínas e possui uma baixa taxa de evolução e natureza não recombinante o que permite a sua utilização como marcadores moleculares e evolutivos para a identificação da história de linhagens híbridas de plantas. Assim, o objetivo deste trabalho foi realizar uma análise comparativa do genoma de cloroplastos de espécies selvagens e cultivares híbridas de cana-de-açúcar. Para isso, foram utilizadas bibliotecas de sequenciamento previamente construídas a partir do DNA total extraído do tecido de folhas jovens de plantas maduras cultivadas em solo. O sequenciamento foi realizado no equipamento Illumina GAII. Dois parentais e cinco híbridos foram sequenciados: *S. officinarum* (82-72), *S. spontaneum* (SES205A) e, os cultivares RB72454, RB867515, B4362, Tambo FEPAGRO e Roxa. A qualidade dos reads foi analisada pelo programa FASTX Toolkit. Após a filtragem, os reads de cada genótipo foram alinhados com genomas de cloroplastos de espécies de plantas filogeneticamente relacionadas através de BLASTN. Os reads alinhados foram testados com VelvetOptimiser. Os genomas de cloroplastos foram montados com os programas SPADES e SSPACE, anotado com GeSeq – Annotation of Organellar Genomes e visualizado com OGDRAW. Com a montagem e anotação, foi possível caracterizar as quatro partes do genoma de cloroplasto (LSC, SSC, IRa e IRb) com tamanho total em torno de 140.000 pb. A comparação com os cloroplastos dos cultivares de cana-de-açúcar (Q155, NCo 310, SP80-3280 e RB867515) revelou a ausência nesses cultivares de uma região duplicada com 1.031 pb no início da parte LSC do genoma de cloroplasto de *S. officinarum*. Além disso, apenas *S. officinarum* possui uma inserção de 10 pb dentro do gene *rpl23-F* e duas cópias dos genes *orf137*, *trnH*, *orf74* e *rps19*. Com base nestes resultados, a análise comparativa de genomas de organelas pode ser uma ferramenta muito importante para decifrar e entender as linhagens de *Saccharum* híbridas.

Palavras-chave: cana-de-açúcar, genoma, cloroplasto

Apoio: CAPES, FAPERJ, UENF

Desenvolvimento de marcadores SNAPs e identificação de genes candidatos associados à QTLs para firmeza de frutos em *Carica papaya* L.

Dieimes Bohry^{1*}; Helaine Christine C. Ramos¹; Adriana A. V. Pirovani¹; Rafaela Pereira Duarte¹; Marcela S. B. Boechat¹; Pedro Henrique A. D. Santos¹; Thiago Motta Venâncio¹; Messias Gonzaga Pereira¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *Autor correspondente: dieimes.bohry@gmail.com

O mamoeiro é uma das fruteiras mais cultivadas nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. A identificação de regiões cromossômicas contendo GC (genes candidatos) e o desenvolvimento de marcadores moleculares associados a características de interesse para o melhoramento do mamoeiro se torna uma boa ferramenta para auxiliar o desenvolvimento de cultivares superiores. Desta forma, a equipe de melhoramento da UENF tem trabalhado na construção de um mapa genético saturado com marcadores SNPs e análise de QTLs para as principais características quantitativas estudadas no melhoramento do mamão, visando à implementação da seleção assistida por marcadores na cultura. O presente trabalho teve como objetivo a identificação de SNPs fortemente associados à QTLs para as características FI (firmeza interna) e FE (firmeza externa) de frutos de mamão; desenvolvimento e validação de marcadores alelo-específicos do tipo SNAP (*single nucleotide amplified polymorphism*), que são analisados via PCR, baseado nos SNPs identificados; realizar uma anotação gênica e identificar GC associado aos QTLs. Os SNPs associados aos QTLs foram identificados através do *software* R/qtl. Esses marcadores foram utilizados para o desenho de SNAPs pela ferramenta PRIMER1. A ferramenta NetPrimer foi utilizada para avaliar a qualidade dos *primers* em relação a presença de estruturas secundárias intra e intermoleculares, onde as melhores combinações de *primers* foram escolhidas. Foram selecionados quatro SNAPs e três amostras com genótipo conhecido para a validação. As amostras foram os parentais contrastantes para os *loci* analisados (Sekati e JS-12) e um *bulk* de indivíduos segregantes da população F₂ oriunda desse cruzamento. Neste sentido, para a comprovação da eficiência dos SNAPs em diferenciar os alelos de cada SNP, os marcadores deveriam reproduzir exatamente o genótipo dos indivíduos analisados. Foram utilizados procedimentos padrões de PCR para a validação. A anotação gênica foi realizada através da base de dados de genes do NCBI, sendo identificados todos os genes em uma região de aproximadamente 400 kpb para cada SNP. Esses genes foram filtrados para identificação de GC baseado em trabalhos disponíveis na literatura. Foram desenhados 56 SNAPs de alta qualidade que são específicos para os alelos de 28 SNPs associados a 28 QTLs para as duas características. Os quatro SNAPs selecionados foram validados com sucesso em reações de PCR *singleplex* e *multiplex*. Foram anotados 748 genes em uma região de 9.104,9 kpb. Após a filtragem, foram identificados 11 GC associados aos 14 QTLs para FI e 27 GC associados aos 14 QTLs para FE. Os SNAPs foram eficientes em discriminar os alelos dos SNPs, mostrando diversas vantagens na sua aplicação em termos de facilidade de manuseio, custo e rapidez. A identificação de GC associado à QTLs permitirá um melhor entendimento da expressão das características estudadas.

Estudios moleculares en especies de *Argemone mexicana* y *Hylocereus spp.*

Emily Renata Moreira¹; Zurisadai Escobar Chan²; Lloyd Jorge Alfredo Loza Muller³; Felipe Augusto Vázquez Flota⁴.

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sul de Minas Gerais (IFSULDEMINAS) – Campus Inconfidentes

²Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY) - México

³Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY) - México

⁴Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY) – México

La alta calidad de ARN y ADN requerida como material de partida es un elemento común en la mayoría de las técnicas utilizadas en estudios moleculares en plantas. Los estudios de amplificación de ADN son importantes para determinar la acumulación de transcritos correspondientes a genes involucrados en la síntesis de alcaloides, y es posible hacerlo a partir de oligonucleótidos iniciadores para Tirosina descarboxilasa (*TYDC*). En esta investigación, el objetivo fue la realización de estudios moleculares en las especies de *Argemone mexicana* y *Hylocereus spp.*, conocida como pitahaya. Para extracción de ARN como primera estancia se trabajó con 0.5 g de tejido fresco de callos y tallos de *A. mexicana* y con células en suspensión de pitahaya. La extracción se realizó con un Kit de invitrogen. Los ácidos nucleicos fueron tratados con RNAasa (30 a 100 µL) y suspendidos en agua. La integridad del ARN de las muestras se verificó por electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido. La concentración del ARN se evaluó por el NANODROP. Fueron obtenidas extracciones de ARN de suspensiones de Pitahaya; callos y tallos de *Argemone mexicana*. Mediante el mismo NANODROP, se evaluó la pureza del ARN midiendo la relación existente entre la absorbancia a 260 y a 280nm. Los valores de las muestras estuvieron comprendidos entre 1.9 y 2.1, lo que indica que el ARN está libre de impurezas. En electroforesis en gel de agarosa se identificó la integridad del ARN extraído. La capacidad biosintética de los tejidos de *A. mexicana* y *Hylocereus spp.* se evaluaron por la acumulación relativa de transcritos de la enzima *TYDC* (681 pb) como indicadora del inicio de las primeras reacciones catalíticas en la rama de alcaloides derivados de la tirosina. Se sintetizó DNA complementario a partir de ARN total y mediante PCR se realizó la amplificación exponencial con los oligonucleótidos iniciadores para *TYDC*. Las condiciones utilizadas en PCR fueron: 95°C durante tres minutos para activar la enzima, seguidos por 35 ciclos a 95°C durante 50s y 60°C durante 40s, para la desnaturalización, alineación de cebadores y amplificación, respectivamente. Fueron realizados testes de acumulación de transcritos para *TYDC* en hoja, pétalos de plantas adultas de *Argemone mexicana* y suspensiones celulares de Pitahaya. Como control, la amplificación de UN00475 (candidato transportador). En este estudio no se pudo observar la acumulación de transcritos de la *TYDC* en hojas y pétalos de *A. mexicana* ni en suspensiones de Pitahaya, es posible que este resultado sea por las condiciones ensayadas y la presencia de los transcritos de la *TYDC* sean muy bajos con presencia nula. Es necesario realizar más estudios moleculares para determinar la acumulación de transcritos correspondientes a genes involucrados en la síntesis de alcaloides en estas especies.

Genome-wide identification and expression analysis of MBD gene family in soybean

Fernanda Coelho¹; Kátia Fernandes¹; Clícia Grativol¹

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ.

DNA methylation is an important epigenetic mark conserved in eukaryotes. Many studies have shown that DNA methylation plays central roles in genome organization, imprinting, transposon silencing and gene expression. In plants and animals, a set of proteins containing the methyl-CpG binding domain (MBD) are capable of recognizing and specifically binding to the methylated DNA. Epigenetic regulation in eukaryotic cells is performed by a complex set of connections and signaling between small RNA and chromatin remodeling. *Arabidopsis thaliana* genome contains 13 genes encoding possible MBD proteins. Whereas knowledge about MBD in soybean is still scarce. This study aims to identify and characterize MBD proteins in soybean, as well as to evaluate the importance of these proteins in different tissues of the plant. Twenty-one proteins with a methyl-CpG binding domain (MBD) were identified in the soybean genome. Subsequent analyzes made possible to understand the frequency of each amino acid present in the MBD domain and its function in the methyl-CpG binding. To understand the evolutionary relationship between MBD proteins in soybean, we constructed a phylogenetic tree based on the amino acid alignments present in the MBD of the 21 proteins. The analyzes of soybean MBD protein alignment showed a small number of conserved and essential amino acids within the domain. We identified that the MBD9a and b proteins present several domains involved in gene regulation mediated by chromatin remodeling. These include PHD-finger domains (plant homeodomain) and a bromodomain, an acetyl-lysine binding domain found in chromatin-associated proteins and histone acetyltransferases involved in transcriptional activation. We also identified that MBD 8 and MBD 9, proteins involved in the control of flowering time in *Arabidopsis* ecotype C24 and MBD7, is required for active DNA demethylation. The expression profile of MBD genes in soybean seeds revealed that during the initial hours of germination a greater expression of MBD4b in comparison to other MBDs, possibly involved in the repair of DNA. The data obtained can help to clarify the functional role played in chromatin organization and regulation of transcription in soybean.

Support: UENF and FAPERJ

Identification of genes encoding cell wall invertase enzymes involved in the storage of sucrose in sugarcane

Juliana Lopes Moraes¹; Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira²; Clícia Grativol¹

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil;

²Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

Invertase is an enzyme family that catalyzes the hydrolysis of sucrose to glucose and fructose. The cell wall invertases (CWI) act in the transportation and regulation of sucrose intake in plant cells. The sugarcane has the capacity to store large amounts of sucrose in its stalks. However, some aspects of sucrose transport have not been fully elucidated in this species. The aim of this study is to characterize the CWI genes involved in sucrose storage process in sugarcane. For this purpose, we selected four *Arabidopsis thaliana* genes described as CWI according to CAZY database. The protein sequences encoded by these genes were used as a reference for annotation of homologous invertase proteins in *Sorghum bicolor*. Five proteins of sorghum were classified as CWI. The phylogenetic relationship between the sorghum and *Arabidopsis* protein sequences was found through the tool available at <http://phylogeny.lirmm.fr/>. The sorghum proteins were used as a reference for the annotation of sugarcane CWIs using the BLAST tool in lbmp.bioqmed.ufrj.br. The scaffolds that better aligned with the sorghum CWI proteins were separated and subjected to a characterization of the gene structure in the FGENESH program. Five candidate scaffolds were identified as CWIs. The identification of mRNAs and proteins encoded by the scaffolds showed similarities between CWI genes from sugarcane, sorghum, and *Arabidopsis*. Three scaffolds showed the complete protein sequences of CWIs and two scaffolds with partial protein sequences. To determine whether the mRNA sequences of these scaffolds are present on SUCEST database, a BLAST search was performed. In this analysis, two transcripts were found. Another BLAST was done using transcriptome with sugarcane grow crops the SP70-1143. Two loci were found containing four transcripts. The global alignment identified the nucleotide similarity of the transcripts and confirmed that one transcript from locus 29263 of the SP70-1143 transcriptome is transcribed from scaffold 149/size957. Analyzes using the transcriptome data of *S. officinarum*, *S. spontaneum*, RB867515, and RB72454 were performed to select isoforms with similarity to the predicted protein sequences from scaffolds. The best-hit isoforms were then analyzed to identify the similarity between the wild species and cultivars. Protein domain analyzes were performed and showed a great conservation among the proteins predicted from *S. officinarum*, *S. spontaneum*, RB867515, and RB72454. The prediction of the structures of CWI proteins of sugarcane and sorghum was performed to verify the structural and functional similarity. In the predicted protein structures it was observed that CWI2 and CWI3 present inner (α -Helix and β -Leaf) and external (Loop) regions conserved with sorghum genes annotated as CWI. The expression analysis showed that CWI4 is induced on sugarcane plantlets inoculated with pathogenic and benefic bacteria. Further analyzes will be conducted in order to characterize the role of CWIs in sucrose storage in sugarcane.

Apoio: CNPq, CAPES e FAPERJ.

Purificação, caracterização parcial e atividade antifúngica de peptídeos antimicrobianos de *Capsicum chinense* Jacq. sobre o crescimento de fungos fitopatogênicos

Larissa Maximiano Resende¹; Érica de Oliveira Mello¹; Gabriel Bonan Taveira¹; André de Oliveira Carvalho¹; Rosana Rodrigues²; Valdirene Moreira Gomes¹

¹Laboratório de Fisiologia e Bioquímica de Microrganismos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

²Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologia Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil.

Os AMPs (peptídeos antimicrobianos) têm sido considerados novos agentes de controle microbiano, pois são moléculas pequenas produzidas por todos os organismos vivos, que ganharam atenção considerável devido à sua poderosa atividade antimicrobiana contra uma ampla gama de microrganismos. As pimentas do gênero *Capsicum* são uma cultura importante para o agronegócio brasileiro. A importância econômica, nutritiva e farmacológica das pimentas do gênero *Capsicum* é responsável por sua alta demanda. Contudo, seu cultivo é dificultado por agentes patogênicos, como vírus, bactérias e fungos. Estudos que mostrem interesse em caracterizar e descrever os mecanismos de ação de peptídeos antimicrobianos de frutos do gênero *Capsicum* são de grande importância pois podem contribuir para o desenvolvimento de métodos de controle de fitopatógenos, somando na melhoria do manejo dessas culturas. Neste trabalho, purificamos e caracterizamos AMPs de frutos de *Capsicum chinense* Jacq. (UENF 1751) e avaliamos sua atividade antimicrobiana contra fungos fitopatogênicos. Inicialmente os frutos submetidos à extração proteica, e o extrato bruto obtido foi submetido a uma cromatografia de troca aniônica em resina DEAE-Sepharose, onde a fração básica, não retida (D1) e a fração ácida, retida (D2) foram coletadas e submetidas à eletroforese em gel de tricina. As frações obtidas foram analisadas em seu potencial para: inibir o crescimento dos fungos filamentosos *Fusarium oxysporum* e *Colletotrichum lindemuthianum*; e ainda a capacidade de causar permeabilização da membrana plasmática e a indução de espécies reativas de oxigênio (ROS). Ambas as frações apresentaram atividade antifúngica, no entanto, a fração D2 foi capaz de inibir o crescimento dos dois fungos testados e causar permeabilização da membrana do fungo filamentoso *C. lindemuthianum*, no entanto, não foi observada indução endógena de ROS. A fração D2 que mostrou alta atividade antifúngica foi submetida à cromatografia em fase reversa na coluna μ RPC C2/C18 e obtivemos três frações denominadas P1, P2 e P3. O perfil proteico das frações coletadas revelou peptídeos com massa molecular variando de 3 a 26 kDa. Contudo, mais análises serão realizadas para melhor caracterizar esses peptídeos, assim como avaliar o possível potencial antifúngico contra fungos filamentosos.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, FAPERJ e UENF

Caracterização genômica e transcriptômica, obtenção de árvore filogenética e perfil de expressão de defensinas e LTPs em cana-de-açúcar

Leandro de Oliveira Silva¹; Jacymara Lopes Pereira¹; Lídia da Silva Pereira²; Valdirene Moreira Gomes²; Paulo Cavalcante Gomes Ferreira³; Clícia Grativol Gaspar de Matos¹

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ;

²Laboratório de Fisiologia e Bioquímica de Microrganismos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ;

³Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

A cana-de-açúcar moderna (*Saccharum spp.*) é um cultivar de grande importância econômica, devido à sua alta capacidade de armazenamento de sacarose, sendo empregada principalmente na produção de açúcar e etanol. *Saccharum spp.* é resultante do cruzamento de *Saccharum officinarum*, da qual herdou o alto acúmulo de sacarose, e *Saccharum spontaneum*, da qual herdou a resistência e a adaptabilidade. A necessidade de suprir as demandas por produtos derivados da cana-de-açúcar exige a obtenção de híbridos com maior capacidade de armazenamento e que também sejam resistentes a doenças. Além disso, o mecanismo molecular responsável pelas distintas capacidades de defesa observadas entre os híbridos e as espécies selvagens ainda não foi completamente elucidado. A produção de peptídeos antimicrobianos (AMPs) é um dos mecanismos que compõe a linha de frente da defesa de animais e plantas e, dentre eles, as defensinas e as proteínas transportadoras de lipídeos (LTPs) são moléculas com grande potencial de combate a organismos patogênicos. Assim, este trabalho teve como objetivo caracterizar defensinas e LTPs no genoma do cultivar SP70-1143 e em transcriptomas de espécies selvagens (*S. spontaneum* e *S. officinarum*) e híbridos (SP70-1143, RB867515 e RB72454) de cana-de-açúcar. A metodologia envolveu análises de sequências genômicas e transcriptômicas por meio de bioinformática, análises de bibliotecas de RNA-seq publicadas e predição da estrutura terciária das proteínas identificadas. Foram identificados seis genes de defensinas e nove genes de LTPs em cana-de-açúcar. As proteínas preditas a partir dos genes exibiram os resíduos de aminoácidos conservados típicos de defensinas e LTPs, e as árvores filogenéticas sugerem conservação entre defensinas de monocotiledôneas e eudicotiledôneas, ao contrário das LTPs, que não parecem ser conservadas nos dois grupos. A análise das regiões promotoras nos permitiu identificar fatores de transcrição característicos de proteínas relacionadas à patogênese (proteínas PR), como elementos responsivos a hormônios vegetais como, por exemplo, o ácido salicílico (SA), ácido abscísico (ABA) e etileno (ET). Análises de expressão de transcritos de defensinas e LTPs em bibliotecas de transcriptoma de cana-de-açúcar submetida a infecção por *Acidovorax avenae* mostraram aumento de expressão desses dois AMPs, parecendo responder à bactéria. Análise de expressão de transcritos de defensinas e LTPs em biblioteca de transcriptoma de cana-de-açúcar submetida a déficit hídrico e inoculação com a bactéria benéfica *Gluconacetobacter diazotrophicus* mostraram que defensinas e LTPs parecem responder mais ao déficit hídrico do que a bactéria benéfica. A modelagem tridimensional de defensinas e LTPs de diferentes cultivares e espécies selvagens de cana-de-açúcar mostrou a presença dos elementos secundários típicos destas proteínas e alta conservação tridimensional entre elas. A caracterização de defensinas e LTPs em cana-de-açúcar fornece as bases iniciais para um maior entendimento dos mecanismos de defesa dos diferentes híbridos, contribuindo para posteriores estudos e melhoramento de cultivares.

Apoio: CAPES e FAPERJ

Análise de expressão de genes e proteínas envolvidos com a mobilização de nutrientes em eixo embrionário de soja durante o desenvolvimento germinativo e pós-germinativo

Maria Luiza Carvalho Santos¹; Eduardo Alves Gamosa de Oliveira²; Kayan Eudorico Venturi¹; Antônia Elenir Amâncio Oliveira¹, Clícia Grativol¹

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ;

²Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil

As sementes são estruturas biológicas complexas que possuem a capacidade de tolerar a dessecação, manter a viabilidade metabólica, garantir o sucesso da germinação e, conseqüentemente o estabelecimento das plântulas. As sementes de soja (*Glycine max*) são de grande interesse econômico por contribuírem como fonte de óleo e proteína para a dieta humana. Os tecidos de reserva de nutrientes, como cotilédones, estão entre os mais estudados em relação aos principais eventos de ordem bioquímica e molecular que ocorrem na germinação. No entanto, um passo importante na direção da melhor compreensão do processo de germinação seria a caracterização de genes envolvidos com a mobilização de reservas em eixo embrionário. O objetivo deste trabalho foi avaliar as expressões dos genes envolvidos com o armazenamento e mobilização dos nutrientes de reserva no embrião. No total, 130 genes foram selecionados pelo software Mapman e os dados de expressão foram analisados em bibliotecas de transcriptoma de soja durante a embriogênese e maturação, além de eixo com 0h, 3h, 6h, 12h e 24h após a embebição (HAE). Para quantificar a expressão dos genes foram utilizados os valores de RPKM. Os genes com altos valores de expressão foram organizados de acordo com as vias as quais pertencem, como: protease aspártica, cupinas e LEAs. Foi visto que dois genes LEA, foram altamente expressos no cotilédone e na semente quiescente. Mas os mesmos genes diminuíram suas expressões no eixo durante a germinação. Um perfil similar foi observado para cupinas (vicilinas 7S), que tiveram sua expressão diminuída ao longo da germinação. Baseado na observação de alta expressão gênica desses dois grupos de proteínas (Cupinas e LEAs), foram realizadas análises do perfil proteico de eixo embrionário durante a germinação e pósgerminação. Os resultados mostraram uma queda do conteúdo proteico à medida que as horas de embebição avançam, com uma drástica redução desse conteúdo no ponto de 36 horas. O mesmo resultado pode ser observado em SDS-PAGE e Western Blotting, onde utilizando-se anticorpo contra vicilinas, observou-se que as bandas dessas proteínas diminuem à medida que avançam as horas de embebição. As expressões dos genes que codificam as proteases aspárticas foram também quantificadas em RPKM. Uma maior expressão desses genes nas primeiras horas de embebição foi observado, sugerindo a maior necessidade de degradação dos conteúdos proteicos de armazenamento. De forma a confirmar a atuação das proteases aspárticas ao longo da germinação e pós-germinação, foi realizado um ensaio enzimático de protease aspártica. Essa análise mostrou um aumento de atividade em 12HAE, seguida de uma queda drástica em 36 HAE e uma retomada no ponto de 48 HAE. Outros testes e avaliações estão sendo realizados a fim de relacionar a expressão dos genes com a mobilização dos nutrientes de reserva durante a germinação em soja.

Apoio: UENF e FAPERJ

Diversidade entre acessos de pimenta coletadas no Semiárido Mineiro

Mayra Isabelle Fernandes Teixeira¹; Arles Matheus Pickler de Barros do Vale¹; Pedro Gustavo Matos de Araújo¹; Ramon Martins de Souza Brito¹; Wellington Silva Gomes²; Samy Pimenta²

¹UNIMONTES; Acadêmico do Curso de Agronomia e bolsista PIBITI/CNPq; e-mail: mayranyannyan@gmail.com

²UNIMONTES; Professor Dr. de Ensino Superior; e-mail: samy.pimenta@unimontes.br; wsgomes7@gmail.com

A Universidade Estadual de Montes Claros (Unimontes) iniciou recentemente um programa de melhoramento genético de pimentas (*Capsicum* spp.) visando a obtenção de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas do semiárido mineiro. Através de coleta de pimentas já cultivadas na região e outras introduzidas montou-se um banco de germoplasma (BAG) para a espécie. A caracterização e avaliação dos acessos pertencentes ao BAG estão sendo realizados e visam principalmente a obtenção de genitores com potencial agrônomo para o programa. Nesse trabalho objetivou-se avaliar os acessos pertencentes ao BAG quanto a algumas características de interesse e assim verificar a diversidade genética existente para estes. Foram avaliados 21 acessos de *Capsicum* spp. pertencentes ao BAG da Unimontes Campus Janaúba-MG. Os acessos foram cultivados em vasos de cinco litros contendo uma mistura de terra, areia e esterco bovino na proporção de 1:1:1. O experimento foi conduzido em casa de vegetação e os vasos foram distribuídos em delineamento inteiramente ao acaso com cinco repetições para cada acesso. Foram avaliadas as características relativas aos frutos como: comprimento (CMF), diâmetro (DMF), espessura do pericarpo (EMP) e o número médio de sementes por fruto (NMS). Para cada variável foi observada a média de cinco frutos por planta. Verificou-se a distribuição normal dos dados e a homogeneidade das variâncias para as variáveis pelos testes de Lilliefors e Hartley ($p < 0,05$) respectivamente. Realizou-se a Anova ($p < 0,05$) e as médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott ($p < 0,05$). Para as análises estatísticas utilizou-se o software Genes. Para todas as características foram constatada diferença estatística entre as médias dos acessos. Para o CMF obteve-se seis grupos distintos entre os acessos, em que o menor CMF foi de 9,83 mm e o maior de 35,28 mm. O mesmo número de grupos foi constatado para o DMF, variando de 4,83 a 19,34 mm. Para EMP formou-se cinco grupos distintos com médias entorno de 0,49 e 2,16 mm, já para o NMS observou-se apenas dois grupos. Para todas as características foi identificado uma diversidade genética passível de ser explorada no tocante a características de frutos. Resultado essencial já que são os frutos o produto consumido e apreciado no mercado. A diversidade genética para essas características possibilitarão o planejamento e a adequação do programa de melhoramento implantado no semiárido mineiro, uma vez que, a variabilidade genética existente é essencial para o início de qualquer programa de melhoramento vegetal.

Apoio: CNPq e UNIMONTES.

Identificação de micropeptídeos relacionados aos precursores de miRNAs nos genomas de leguminosas

Paula Machado de Araújo¹; Paulo Cavalcanti Gomes Ferreira²; Clícia Grativol Gaspar de Matos¹

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil;

²Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

As plantas pertencentes à família Fabaceae são conhecidas por serem fontes de nutrientes e por possuírem a notável característica de fixar nitrogênio no solo, através da simbiose com bactérias fixadoras de N₂. Cultivados há milênios por diversas culturas e civilizações, a soja (*Glycine max*) e os variados tipos de feijões (*Phaseolus vulgaris* e *Vigna unguiculata*) fazem parte da base alimentar de milhares de pessoas em diferentes países e regiões. A espécie *Medicago truncatula*, embora não seja empregada na alimentação humana, é uma importante planta modelo em estudos genéticos e moleculares. Considerando a importância nutricional, agrícola e econômica dessas leguminosas, muitas pesquisas têm como objetivo aumentar a produtividade e resistência das mesmas, através de técnicas de melhoramento genético. Um grupo de RNAs não-codificantes endógenos, microRNAs (miRNAs), são um dos principais responsáveis por regular negativamente a expressão gênica, podendo clivar RNAs mensageiros específicos e/ou inibir a tradução. Em plantas, os miRNAs estão relacionados a vários estágios de desenvolvimento, como a formação de meristemas, separação de órgãos, formação de raízes laterais e transição da fase vegetativa para a fase de floração. Um estudo recente demonstrou que transcritos primários de miRNAs podem codificar micropeptídeos (miPEPs) capazes de aumentar a expressão dos seus miRNAs associados. Acredita-se que a identificação de micropeptídeos pode auxiliar no desenvolvimento de técnicas que potencializem a produtividade de leguminosas altamente comercializadas. Dessa forma, o presente trabalho objetiva caracterizar micropeptídeos derivados de *ORFs* (*Open Reading Frames*) em genes precursores de miRNA nas quatro espécies de leguminosas em estudo. A metodologia consistiu em abordagens computacionais, através de bancos de dados de domínio público e programas disponíveis online. Foram selecionadas seis famílias de miRNAs para serem estudadas (miR171, miR397, miR398, miR408, miR482 e miR528), as quais possuem funções específicas e já relatadas em plantas. Inicialmente, obtivemos as sequências dos precursores de cada isoforma dos miRNAs no banco dados miRBase. As regiões genômicas em que os precursores se localizam foram obtidas no Phytozome. Tais regiões foram submetidas à predição de *ORFs* no software ORFfinder. As *ORFs* preditas mais próximas dos precursores foram selecionadas para a tradução do peptídeo. Os peptídeos traduzidos de cada *ORF* foram alinhados através do software M-coffee. Usando o programa WebLogo, observamos os resíduos de aminoácidos conservados entre os peptídeos de cada isoforma. Os resultados mostraram sequências de possíveis miPEPs para todas as isoformas estudadas. Para comprovar se efetivamente os peptídeos aumentam a expressão dos seus miRNAs associados, ainda é preciso realizar análises experimentais.

Apoio financeiro: FAPERJ

Análise da dinâmica de regulação de genes associados à parede celular em diferentes estágios de desenvolvimento de soja

Sara Sangi¹; Camila Ribeiro Alexandrino; Maura da Cunha; Antônia Elenir Amâncio; Clícia Grativol

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ

²Laboratório de Biologia Celular e Tecidual, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ

A soja é a cultura líder do agronegócio no Brasil. A importância da soja no mercado deve-se principalmente ao alto teor de óleo e proteína de seus grãos. O desenvolvimento da semente, e consequentemente do grão, é estritamente controlado pelo crescimento e expansão das células. Além disso, as sementes possuem a capacidade de tolerar a dessecação, manter a viabilidade metabólica, garantir o sucesso da germinação e, consequentemente o estabelecimento das plântulas. Durante todo o processo de desenvolvimento não só da semente, mas como de toda a plântula, a parede celular participa do controle das mudanças morfológicas e fisiológicas que ocorrem durante o crescimento e expansão da planta. Além do mais, componentes estruturais da parede celular são responsáveis pelo fornecimento de matéria-prima para algumas produções industriais como bebidas, cereais, massas, entre outros. Nesse sentido, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar as variações de expressão dos genes envolvidos com a biossíntese da parede celular vegetal em diversos estágios do desenvolvimento de soja, com enfoque na regulação de parede celular em eixo embrionário durante a germinação. Os dados obtidos demonstram que existem 2.143 genes que controlam a biossíntese e montagem da parede celular no genoma de soja. Esses genes compreendem diversas famílias gênicas que possuem um padrão de expressão característico durante os estágios de desenvolvimento da semente e de formação do embrião durante a germinação. Entre as vias de formação da parede celular, as vias de fenilpropanoídes, peroxidases, GT família 8 e vias de interconversão de açúcar-nucleotídeos se destacaram como altamente expressas em todo o processo de desenvolvimento da semente e germinação do embrião. Análises microscópicas mostraram a expansão da parede celular do eixo embrionário e aumento do conteúdo de celulose durante a germinação, corroborando com os dados de expressão obtidos. A identificação de genes-chave regulados durante a germinação fornece uma base para uma caracterização funcional e bioquímica dos componentes da parede celular que controlam não só a biossíntese, mas também a expansão da parede em sementes de soja. Além disso, a identificação desses genes fornece uma melhor compreensão do processo de germinação da semente, o que pode contribuir para novas abordagens na produção de soja.

Caracterização de genes envolvidos nas vias de metilação do DNA e de pequenos RNAs em cana-de-açúcar

Walaci S. Santos¹; Paulo C. G. Ferreira²; Clícia Grativol¹

¹Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, Centro de Biociências e Biotecnologia, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil;

²Laboratório de Biologia Molecular de Plantas, Instituto de Bioquímica Médica, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

A epigenética é uma área da genômica que envolve o estudo de mudanças na molécula de DNA que não alteram a sequência de nucleotídeos. Os principais mecanismos epigenéticos que atuam na regulação de genes e regiões repetitivas do genoma são as modificações de histonas, metilação do DNA e vias de pequenos RNAs (sRNAs). Entretanto, os estudos envolvendo a caracterização de famílias de genes relacionadas a esses mecanismos são escassos em cana-de-açúcar. Apesar do Brasil ser um grande produtor de cana-de-açúcar, alguns fatores ambientais têm causado declínio da produção nos últimos anos. Por isso, é importante desvendar os mecanismos genéticos e epigenéticos que possam auxiliar na geração de cultivares resistentes. O objetivo deste trabalho foi caracterizar os genes envolvidos na metilação do DNA e na via de sRNAs na cana-de-açúcar. Primeiramente, foram selecionadas proteínas de *Arabidopsis thaliana* e *Sorghum bicolor* previamente anotadas que poderiam servir como referência para a anotação de genes em cana-de-açúcar. Quatro proteínas relacionadas à metilação do DNA foram selecionadas em *Arabidopsis* (MET1, CMT3, DRM2 e DME). Para a via sRNA, duas proteínas RDR2, quatro proteínas do tipo Dicer e seis proteínas Argonautas foram selecionadas em sorgo. A identificação de sequências similares a essas proteínas na montagem genômica de cana-de-açúcar revelou 20 *scaffolds*, que tiveram suas estruturas gênicas preditas. Além disso, foram também analisados bancos de transcriptomas. Nesta última análise, identificamos dois transcritos de MET1, CMT3, DME, RDR2 e AGO4, quatro transcritos AGO1 e DCL e um transcrito para AGO2, AGO6, AGO7, AGO8 e AGO10 em cana-de-açúcar. Todos esses transcritos tiveram suas ORFs e sequências proteicas preditas. A análise filogenética de proteínas preditas mostrou uma grande conservação dos domínios dos genes MET1 e CMT3 de *Arabidopsis*, sorgo e cana-de-açúcar, sendo observada uma possível expansão da família CMT3 em monocotiledôneas. Essa análise também mostrou que, em cana-de-açúcar, as proteínas DRM2 e DME possuem um e dois representantes gênicos, respectivamente. A análise da DCL revelou conservação de domínios e um representante gênico para cada membro DCL de *Arabidopsis*. Já para RDR2, observamos uma possível duplicação gênica em cana-de-açúcar. Na família Argonauta foi observada uma redução do número de representantes gênicos em cana-de-açúcar (sete), quando comparado com *Arabidopsis* que possui dez famílias. Isso sugere uma possível sobreposição de função dessas proteínas em cana-de-açúcar. A análise dos transcritos de MET1 de diferentes cultivares de cana-de-açúcar mostrou mutações sinônimas e não-sinônimas na região que compreende o domínio *Methylase* da MET1. O passo seguinte dessa análise será avaliar através de modelagem se essas mutações podem ocasionar modificações na estrutura e na função dessas proteínas. Os resultados até agora descritos contribuem para o conhecimento da estrutura e evolução dos genes envolvidos na regulação epigenética em cana-de-açúcar.

Apoio: CNPq, FAPERJ

Estratégias de Seleção em Linhagens Recombinadas de Mamoeiro

Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹; Thathiane Pastana de Sousa Poltronieri²; Renato Santa Catarina¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes²; Julio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Helaine Christine Cancela Ramos³; Fernanda Abreu Santana Arêdes² e Messias Gonzaga Pereira⁴.

¹Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF;

²Doutores em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF;

³Professor Associado – UENF;

⁴ Professor Titular - UENF.

Os índices de seleção têm como finalidade a seleção de genótipos considerando várias características simultaneamente e geralmente são construídos a partir de estimativas de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método de análise de variância. Uma alternativa empregada na construção de índices, e que tem sido utilizada com sucesso na cultura do mamoeiro é o emprego de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genéticos preditos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP). O objetivo do trabalho foi identificar o índice de seleção mais eficiente para selecionar as melhores linhagens F₄ de mamoeiro. Foi avaliada uma população com 130 linhagens F₄ em single tree plot design com seis repetições em três épocas. As características avaliadas foram altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), altura de inserção do primeiro fruto (AIPF), número de frutos comerciais (NFC) e deformados (NFD), número de nós sem fruto (NNSF), o estágio de maturação do fruto (EMF) e da polpa (EMP), comprimento médio de fruto (CF), diâmetro médio de fruto (DF), espessura da polpa (EP), peso médio do fruto (PMF), a firmeza do fruto (FF) e da polpa (FP), o teor de sólidos solúveis (TSS) e a produtividade estimada (PROD). Para aplicação dos índices de seleção, a população foi dividida em 58 linhagens padrão Solo e 72 linhagens padrão Formosa. Os índices de seleção foram construídos com base nos valores genéticos obtidos pela metodologia REML/BLUP como índice genotípico ponderado (IGP), e com base nas médias fenotípicas como Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB), Williams (W), Smith e Hazel (SH) e índice fenotípico ponderado (IFP). O índice que proporcionou melhor distribuição dos ganhos dentro do grupo Solo foi o índice de MM, considerando maior ganho para produtividade, e ganhos positivos para características de interesse da cultura como NFC, PMF, TSS, FF e FP. Esse índice apresentou ainda ganhos negativos para características não desejáveis como NFD e NNSF. Quando se compara o índice de MM com o índice IGP, que considera os valores genéticos padronizados, percebe-se que apesar das estimativas de ganho serem menores no índice IGP, ele também proporcionou situações favoráveis à seleção. Em relação às progênies selecionadas pelos índices MM e IGP, percebe-se que existe uma coincidência de 87%, o primeiro considerando as médias fenotípicas e o segundo considerando os valores genéticos padronizados. Resultado semelhante foi encontrado para o grupo Formosa. O índice de MM também se destacou, entretanto houve uma coincidência de 80% das progênies selecionadas pelos dois índices (MM e IGP). Nesse caso, sugere-se então priorizar o uso do índice baseado em valores genéticos (IGP) por ser livre das interações ambientais.

Apoio Financeiro: Capes

Correlação genética entre caracteres de frutos em pimentas (*Capsicum* spp.)

Arles Matheus Pickler de Barros do Vale¹; Pedro Gustavo Matos de Araújo¹; Mayra Isabelle Fernandes Teixeira¹; Ramon Martins de Souza Brito¹; Wellington Silva Gomes²; Samy Pimenta²

¹UNIMONTES; Acadêmicos de Agronomia e bolsista ICV/Unimontes; e-mail: Matheus_vale@outlook.com

² UNIMONTES; Professor Dr. de Ensino Superior; e-mail: samy.pimenta@unimontes.br; wsgomes7@gmail.com

A correlação genética para o melhoramento de plantas é sem dúvida uma das principais estimativas a serem obtidas quando se avalia diversas características de interesse agroômico. Sobretudo pela possibilidade de em programas de melhoramento fazer-se seleção indireta com base na relação genética entre as variáveis. Assim o conhecimento das correlações entre as características utilizadas para seleção genotípica é imprescindível. O objetivo deste trabalho foi de identificar as correlações genéticas entre as variáveis relativas a frutos de pimentas pertencentes a um banco de germoplasma (BAG) da Unimontes para essa espécie. Foram avaliados 21 acessos de *Capsicum* spp. pertencentes ao BAG da Unimontes Campus JanaúbaMG. Os acessos foram cultivados em vasos de cinco litros contendo uma mistura de terra, areia e esterco bovino na proporção de 1:1:1. O experimento foi conduzido em casa de vegetação e os vasos foram distribuídos em delineamento inteiramente ao acaso com cinco repetições para cada acesso. Foram avaliadas as características relativas aos frutos como: comprimento (CMF), diâmetro (DMF), espessura do pericarpo (EMP) e o número médio de sementes por fruto (NMS). Para cada variável foi observada a média de cinco frutos por planta. Verificou-se a distribuição normal dos dados e a homogeneidade das variâncias para as variáveis pelos testes de Lilliefors e Hartley ($p < 0,05$), respectivamente. Realizou-se a Anova ($p < 0,05$) e obteve-se as correlações genéticas entre os caracteres avaliados. Para as análises estatísticas utilizou-se o software Genes. Alta e positiva correlação (88,37%) foi verificada entre os caracteres DMF e EMP evidenciando que frutos de maior diâmetro possuem maiores espessuras do pericarpo. De forma oposta, porém de menor intensidade, foi observado para as características CMF e DMF, com correlação genética negativa de 39,49%. Esse resultado é observado para a maioria das espécies de *Capsicum*. Frutos com maiores DMF e EMP tendem a produzirem maior NMS, uma vez que essa relação foi positiva entorno de 60%. O número de sementes é essencial em todo o programa de melhoramento para essa espécie, uma vez que, as populações segregantes ou as próprias cultivares obtidas são propagadas por essas, e quanto maior o número de sementes por fruto menor será o número de plantas e o trabalho na condução do programas. O conhecimento dessas correlações genéticas entre os caracteres de interesse em frutos de pimenta possibilitarão o planejamento apropriado do programa de melhoramento a ser executado para essa espécie, podendo reduzir custos e tempo, principalmente nos processos de seleção dos genótipos.

Apoio: UNIMONTES

Análise de componentes principais em variáveis de goiabeira (*Psidium guajava* L.)

Beatriz Murizini Carvalho¹; Alexandre Pio Viana²; Caio César Guedes Correa³; Flávia Alves da Silva³; Sandra da Costa Preisigke⁴; Deurimar Herênio Gonçalves Junior⁵; Paulo Ricardo dos Santos³; Eileen Azevedo Santos⁴

¹Doutoranda em Produção Vegetal, UENF/Campos dos Goytacazes - RJ, b.murizini@yahoo.com;

²Professor do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF;

³Doutorando(a) em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF; ⁴Pós-Doutorado do Programa de Genética e Melhoramento de Plantas, UENF ⁵Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF.

A análise de componentes principais (PCA) é uma técnica eficiente para redução de dimensionalidade de dados. Nossa capacidade de visualizar dados é limitada a 2 ou 3 dimensões, tornando a tarefa de avaliar muitas variáveis simultaneamente fatigante. Além disso, muitos modelos estatísticos são afetados pela alta correlação entre covariáveis e PCA produzindo combinações lineares das covariáveis que não estão correlacionadas entre si. O objetivo deste trabalho foi identificar quais variáveis agrônômicas de goiabeira (*Psidium guajava* L.) expressam a maior porcentagem da variância baseada no valor genético e recomendar cruzamentos. Para tanto, foi conduzido um experimento no campo experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro situado no colégio agrícola Antônio Sarlo, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. Foram avaliadas 15 famílias de irmãos completos em delineamento experimental de blocos completos ao acaso com duas repetições. Cada família foi constituída de 12 genótipos, de cada genótipo avaliou-se cinco frutos com 12 variáveis. As variáveis avaliadas foram: massa de fruto (MF), comprimento de fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), relação comprimento/diâmetro (CD), rendimento de polpa (RP), diâmetro de endocarpo (DE), espessura do mesocarpo (EM), espessura de casca (EC), massa de polpa (MP), teor de sólidos solúveis (BRIX), potencial hidrogeniônico (pH), teor de ácido ascórbico (AAC), número de frutos (NF) e produtividade (PROD). Todos os procedimentos foram executados utilizando os pacotes *lme4*, *stats* e *ggbiplot* do software R, para se obter os valores genéticos, PCA e o plano, respectivamente. Foram selecionadas cinco famílias e cinco variáveis com base nos valores genéticos preditos via procedimento BLUP, selecionando-se as variáveis com valores genéticos mais altos, com maiores variâncias e as famílias que apresentavam tais valores. As cinco dimensões das variáveis foram reduzidas e plotadas em duas dimensões onde foi possível observar 87,89% da variância dos dados. Os genótipos de cada família foram agrupados no plano, visando obter grupos para cruzamentos entre grupos e ganhos em mais de uma variável. Foi possível observar que as variáveis NF, MP e MF apresentaram a maior variância. Por fim, recomendamos os cruzamentos das famílias 4x7 para visar ganhos no teor de ácido ascórbico, mantendo a produtividade com frutos de tamanho médio, 4x2 para plantas extremamente produtivas com frutos de tamanho pequenos, 7x8 visa frutos grandes com muita polpa e produtividade moderada, ideal para frutos de mesa, 14x4 para frutos com alto teor de ácido ascórbico, 14x2 também visa o teor de ácido ascórbico porém com maior número de frutos e 4x8 para gerar indivíduos com ganho genético positivo em todas as cinco variáveis.

Potencial agronômico de linhagens de milho-pipoca em condições irrigadas e de estresse hídrico

Carolina Macedo Carvalho¹; Samuel Henrique Kamphorst¹ ; Valdinei Cruz Azeredo¹; Sérgio Barros da Silva Júnior¹; Jhean Torres Leite¹; Kevelin Barbosa Xavier¹; Ismael Albino Schwantes¹; Antonio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

A indisponibilidade hídrica nas lavouras é uma das principais causas de redução da produção agrícola. A utilização de genótipos com maior tolerância ou eficientes agronomicamente no uso da água é uma alternativa para minimizar os efeitos do estresse e garantir maior produção de alimentos. Esse trabalho tem como objetivo avaliar o potencial agronômico de linhagens (S₇) de milho-pipoca do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) em condições irrigadas e com estresse hídrico. Os experimentos foram realizados no campo experimental da UENF, localizado em Campos dos Goytacazes/RJ. Avaliaram-se 20 genótipos, em blocos completos casualizados com três repetições, sob em duas condições hídricas: ambiente irrigado (AI) e ambiente sob estresse hídrico (AEH). A suspensão da irrigação foi aplicada no estágio fenológico pré-florescimento masculino. Avaliou-se a produtividade de grãos (PROD) (Kg/ha) e capacidade de expansão (CE) (mL.g⁻¹). A análise de variância individual e conjunta, bem como, o teste de agrupamento de médias (Scott e Knott) foram realizadas no Programa Genes. Existe variabilidade entre os genótipos avaliados, em ambos Genes. Existe variabilidade entre os genótipos avaliados, em ambos os ambientes, para os caracteres estudados ($p < 0,01$). As médias de PROD variam de 400,00 a 1885,42 Kg.ha⁻¹ no ambiente AEH e de 1318,75 a 3640,63 Kg.ha⁻¹ no ambiente AI. As médias de CE variaram de 16,33 a 28,33 mL.g⁻¹ e de 21,72 a 36,66 mL.g⁻¹ no AEH e AI, respectivamente. O grupo de linhagens de maior PROD, no ambiente AEH, foi composto pelos genótipos L54, L59, L76, P2, P3, P5, P6, P7, P8 e P9, e no ambiente AI, os mesmos genótipos estiveram presentes no grupo de linhagens superiores em PROD, juntamente com L69 e P4, no entanto, com exceção de L54. Para o caractere CE, na condição AEH, as maiores médias foram alcançadas pelas linhagens L54, P1 e P5, e as linhagens L61, L65, L69, P2 e P4 compuseram o grupo de menor CE. O grupo de linhagens de maior CE, no AI, foi composto pelos genótipos L54, L55, L59, L61, L70, L71, P1, P5, P7, P8 e P9. Observou-se que linhagens com maior produção apresentam baixos valores de CE. Estes dois caracteres comumente apresentam correlação genética negativa. Por fim, diante destes resultados, a linhagem P5, por apresentar médias superiores para PROD e CE, concomitantemente, e em ambas as condições hídricas, destacou-se como genótipo superior, a qual pode ser utilizada como genitora em programas de melhoramento.

Apoio financeiro: CAPES e FAPERJ.

Identificação de fontes de resistência à mancha bactéria em acessos de pimenta com potencial ornamental

Vinícius Duarte Nader Mardeni¹; Caio Scardine Neves¹; Cíntia dos Santos Bento²

¹Aluno de graduação da Universidade Federal do Espírito Santo-UFES, *Campus* de Alegre/ES; ²Professora do Departamento de Agronomia da Universidade Federal do Espírito Santo-UFES, *Campus* de Alegre – Alto Universitário, S/N, Parque Guararema, Alegre/ES. E-mail: cintia_bento@yahoo.com.br.

As espécies do gênero *Capsicum* são afetadas por diferentes doenças, dentre elas a mancha bacteriana, que possui como agente etiológico a *Xanthomonas euvesicatoria*. A identificação de fontes de resistência a *X. euvesicatoria*, a partir da avaliação de genótipos de *Capsicum* spp., é a etapa inicial de um programa de melhoramento que visa à obtenção de genótipos resistentes a doenças. Este trabalho teve como objetivo avaliar a resistência a mancha bacteriana em acessos de *Capsicum* spp., com potencial ornamental. O isolado ENA 4135 de *X. euvesicatoria* foi cedido pelo Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro –UENF. Foram avaliados: 80 acessos de *Capsicum* spp. do banco de germoplasma do Instituto Federal do Espírito Santo-IFES, *Campus* de Alegre/ES, o acesso UENF 1381 como testemunha resistente e a cultivar Ikeda, como testemunha suscetível, totalizando 82 genótipos. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, localizada no *Campus* da Universidade Federal do Espírito Santo-UFES em Alegre. O delineamento estatístico utilizado foi o inteiramente ao acaso, com três repetições. Os genótipos foram semeados em bandejas de poliestireno de 128 células, utilizando substrato comercial Vivato®. Após o surgimento de dois pares de folhas definitivas os acessos foram transplantados para vasos de 2L. A suspensão bacteriana foi preparada a partir de colônias de *X. euvesicatoria* cultivadas em meio DYGS. Foram utilizadas duas concentrações, uma para avaliar a reação de hipersensibilidade (1×10^8 ufc/mL) e outra para avaliar a reação a mancha bacterina (1×10^5 ufc/mL). Para ajustar as concentrações foi utilizado um espectrofotômetro com comprimento de onda de 600 nm e absorvância de 0,300. A inoculação foi realizada na parte abaxial de folhas jovens completamente expandidas com auxílio de seringa e agulha hipodérmica. A reação de hipersensibilidade foi avaliada 48 horas após a inoculação observando a ausência (nota 0) ou presença (nota 1) de lesão necrótica. Já para a resistência quantitativa a avaliação teve início 24 horas após a inoculação e perdurou 14 dias. A avaliação foi realizada por meio de escala de notas. Quanto à análise estatística foram utilizadas as notas para quantificar a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Dos 82 genótipos avaliados 18 apresentaram reação de hipersensibilidade. Os resultados obtidos pela AACPD variaram de 13 (resistente) a 30,5 (susceptível). Com base na AACPD foi observado que 16 genótipos obtiveram média entre 13 e 20, sendo, considerados resistentes. Entre estes genótipos quatro foram altamente resistentes (assintomáticos). Três foram resistentes em ambas as concentrações, ou seja, a de hipersensibilidade e a avaliação quantitativa. Sendo estes três os mais indicados para iniciar um programa de melhoramento de *Capsicum* spp. com potencial ornamental na UFES. Entretanto, esses resultados precisam ser confirmados na segunda etapa do experimento.

Selection of bean genotypes using multivariate analysis

Derivaldo Pureza da Cruz¹; Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira¹; Geraldo de Amaral Gravina¹; Lanusse Cordeiro de Araujo²; Kleberon Cordeiro Araújo²; Camila Queiroz da Silva Sanfim de Sant'Anna¹; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira³ and Geovana Cremonini Entringer¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil.

²Instituto Federal Fluminense, Bom Jesus do Itabapoana-RJ/Brasil.

³Universidade Federal de Sergipe, Campus Sertão, Glória-SE/Brasil.

Although Brazil ranks sixth among the biggest producing countries of snap beans, little attention has been given to snap beans breeding. The lack of information is a problem linked to this crop, because it impairs getting snap bean cultivars adapted to particular regions. Multivariate analysis techniques are important tools used to select genotypes based on their main traits. The principal component analysis (PCA) is a powerful technique, which stands out among the multivariate ones, since it reduces the set of agronomic traits in the studied genotypes. The aim of the current study was to use the multivariate analysis as tool to select snap bean genotypes presenting desired agronomic traits. The study followed a randomized block experimental design, with 4 repetitions and 30 genotypes. The principal component and biplot analyses, as well as clustering, were conducted according to the UPGMA method in order to investigate the mean pod weight (MPW), number of seeds per pod (NSP), pod length (PL), pod width (PW_i), total pods (TP), weight of one hundred seeds (W100S), pod yield (PY) and grain yield (GY). The PL, NSP, MPW and W100S presented positive correlation with GY, besides their indication to direct genotype selection. The PW_i and TP were efficient for PY selection. The multivariate analyses suggested the selection of lines UENF 7-10-1, UENF 7-12-1 and UENF 7-20-1, which presented good seed yield, as well as of UENF 14-22-3 and UENF 14-23-3, which showed aptitude to production. Lines located in Group II (UENF 14-4-3, UENF 15-6-4, UENF 7-4-1, UENF 7-9-1, UENF 7-7-1, UENF 7-5-1) did not have good performance in the measured traits and could be discarded. Line UENF 1445 "PARENT 19" proved its potential for seed yield, thus it was promising for the development of productive genotypes. Line 14-3-3 presented good aptitude for negatively correlated variables.

Apoio Financeiro: CNPq, CAPES e FAPERJ.

Desempenho agrônômico de sorgo granífero na região noroeste capixaba

Diego Pereira do Couto¹; Ana Paula Candido Gabriel Berilli¹; Paulo Moreira Coelho¹; Hyago Silva Prates Ferreira¹; Eduardo Varnier¹; Flavio Dessaune Tardin²; Sarah Helmer de Souza¹; Vinicius de Oliveira Souza¹.

¹ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo, Campus Itapina.

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA

A produção brasileira de grãos depende quase que exclusivamente da precipitação pluviométrica. Em anos com a ocorrência de condições desfavoráveis, normalmente há déficit na produção de grãos e o sorgo, sendo uma cultura de vocação para cultivo em condições adversas de clima e solo, poderia reduzir o impacto desse fator no abastecimento de grãos. Para o estado do Espírito Santo, que vem se destacando na produção nacional de aves, a cultura é uma excelente alternativa, pois a produção de milho que é o principal cereal utilizado na alimentação de frangos é muito baixa. Além disso, a cultura do sorgo granífero é de ciclo ainda mais curto que milho, cerca de 120 dias e mais resistente a falta de água, o que contribui ainda mais para a atual crise hídrica que o Espírito Santo vem enfrentando. O objetivo desse trabalho foi avaliar dez acessos de sorgo granífero desenvolvidos pela Embrapa Milho e Sorgo e por outras instituições que produzem e comercializam sementes de sorgo no Brasil que mais se adaptam às condições edafoclimáticas da região norte capixaba. O ensaio foi instalado no campo experimental do IFES Campus Itapina, município de Colatina, região norte capixaba, preparado de modo convencional e conduzido sob condições de sequeiro, contendo dez tratamentos em um Delineamento em látice triplo com três repetições, com duas parcelas de 5 metros para cada tratamento. Até o momento foram avaliadas as características altura de planta e acamamento, submetidas ao Teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade no programa R. Não houve diferença significativa para a maioria dos genótipos avaliados. Os genótipos 2 e 3 não diferiram estatisticamente entre si e apresentaram diferença dos demais genótipos, com exceção do genótipo 5 que não apresentou diferença significativa do genótipo 3. A média das alturas em metros das dez cultivares testadas foi: t1: 1,73; t2 1,25; t3 1,41; t4 1,73; t5 1,54; t6 1,66; t7 1,65; t8 1,76; t9 1,71 e t10 1,66. Para o acamamento, apenas os tratamentos 6 e 8 apresentaram valores diferentes de zero, sendo 0,33333 para o tratamento 6 e 1,33333 para o tratamento 8 porém, não diferiram estatisticamente dos demais tratamentos. Os resultados mostram que todas as cultivares são indicadas para produção de grãos de sorgo sob as condições edafoclimáticas da região norte capixaba, pois apresentaram baixo índice de acamamento e alturas ideais para cultivo em agricultura familiar.

Apoio:

IFES - Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo;
FAPES – Fundação de Amparo a Pesquisa e Inovação do Espírito Santo; EMBRAPA –
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

Estimativa de depressão por endogamia de progênies parcialmente endogâmicas S₃ de milho-pipoca

Divino Rosa dos Santos Junior¹; Valter Jário de Lima¹; Fábio Tomaz de Oliveira¹; Yure Pequeno de Souza¹; Gabrielle Sousa Mafra¹; Pedro Henrique Araújo Diniz Santos¹; Antonio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes – RJ, Brazil.

A homozigose não é o estado natural das espécies alógamas como o milho. Todavia, essa é a premissa básica para viabilizar o programa de produção de híbridos. Para que se possa ter uma clarividência sobre o potencial da população como fonte de linhagens, é importante a estimação das suas depressões quando submetida à autofecundação. Nesse contexto, o objetivo desse trabalho estimar depressão por endogamia de progênies S₃ parcialmente endogâmicas de milho-pipoca em relação a sua população base, a variedade de polinização aberta UENF 14. Para tanto, 43 progênies S₃ parcialmente endogâmicas e a sua população base, a variedade de UENF 14 foram avaliadas em delineamento em blocos completos com três repetições, em Campos dos Goytacazes, RJ. Foram estimadas: altura de Plantas (AP), rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE) e volume de pipoca expandida por hectare (VP). Para esses caracteres, a porcentagem de depressão por endogamia (DE%) foi determinada pela relação percentual entre média da população original e a média das progênies S₃. Com base nos resultados, a menor estimativa de DE% foi observada para o caractere altura de planta, de 9,63%. A magnitude de depressão por endogamia para CE foi de 14,34%. Elevadas estimativas de depressão por endogamia foram obtidas para os caracteres RG e VP, na ordem de 73,22% e 77,76%, bem superiores aos observados para AP e CE. Assim, RG e VP se destacaram pelo predomínio dos efeitos genéticos de dominância. Nessas características há uma grande contribuição dos locos em heterozigose (desvios devido à dominância). Por outro lado, CE e AP a contribuição dos locos em homozigose (efeitos aditivos) foi maior do que a contribuição dos locos em heterozigose. Do ponto de vista dos efeitos genéticos, as estimativas da depressão por endogamia para CE e AP os efeitos de dominância são menos importantes. Neste contexto, RG e VP serão favorecidos pela obtenção de híbridos e exploração dos efeitos heteróticos, enquanto o aumento da frequência de alelos favoráveis da população base permitirá o desenvolvimento de linhagens com melhores CE e AP.

Apoio financeiro: CAPES e FAPERJ

Análise de correlação entre variáveis de goiabeira (*Psidium guajava* L.)

Flavia Alves da Silva¹; Alexandre Pio Viana²; Caio Cezar Guedes Correa¹; Beatriz Murizini Carvalho¹; Moisés Ambrósio¹; Natan Ramos Cavalcante¹; Sandra Costa Preisigke³; Rodrigo Moreira Ribeiro³.

¹ Discente do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro.

² Docente do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro.

³ Pós Doutorando do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro.

A análise de correlação é uma importante ferramenta para o melhorista no intuito de identificar o cadeiamento entre variáveis e assim, tornar as mesmas passíveis de seleção indireta através de correlações fortes significativas. O conhecimento dessas correlações auxilia no desempenho do workflow do processo de avaliação de desempenho de genótipos podendo identificar características ligadas, e avaliar menos variáveis sem desprezar dados importantes. Com o objetivo de avaliar e identificar quais caracteres agrônômicos estão correlacionados entre si e com a produtividade, foram avaliadas 15 famílias de irmãos completos de goiabeira (*Psidium guajava* L.). O experimento foi conduzido no campo experimental da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro situado no colégio agrícola Antônio Sarlo, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos ao acaso com duas repetições. Para obtenção dos dados, foram avaliadas 14 variáveis, cada uma possuía cinco entradas de dados de cada genótipo, e cada família possuía 12 genótipos representantes. As variáveis avaliadas foram: massa de fruto (MF), comprimento de fruto (CF), diâmetro de fruto (DF), relação comprimento/diâmetro de fruto (CD), rendimento de poupa (RP), diâmetro de endocarpo (DE), espessura do mesocarpo (EM), espessura de casca (EC), massa de polpa (MP), teor de sólidos solúveis (BRIX), potencial hidrogeniônico (pH), teor de ácido ascórbico (AAC), número de frutos (NF) e produção (PROD). Foi obtida a matriz de correlação com os coeficientes de correlação entre as variáveis, baseados na correlação linear de *Pearson*, executadas na função *correlate* do pacote *corr* do software R. Essas foram plotadas em uma rede utilizando a função *network_plot* do mesmo pacote. As proximidades entre as variáveis indicam a força da correlação acompanhada da intensidade da cor da ligação, que indica positividade ou negatividade na correlação ($r = \geq 0 \leq 1$ ou $= \geq -1 \leq 0$, respectivamente). Foi observada correlação forte positiva entre rendimento de polpa e a relação entre o comprimento e diâmetro do fruto, indicando que a seleção por frutos mais elípticos acarretam em seleção de genótipos com maior rendimento de poupa. Também foi observada forte correlação positiva entre massa de fruto e massa de polpa, visto que o endocarpo que envolve as sementes é menos denso. O número de frutos influencia positivamente a produção, contudo o maior número de frutos tem correlação forte negativa com variáveis apreciadas pelo mercado de frutos de mesa como massa do fruto, diâmetro, comprimento e espessura da polpa. Sendo assim, indicamos separar os próximos cruzamentos voltados para o mercado da indústria que exige maior produtividade, avaliando principalmente número de frutos, dos cruzamentos que buscam genótipos que produzem frutos para mesa, sendo passíveis de seleção pelas variáveis espessura do mesocarpo e massa de fruto.

Capacidade combinatória em milho para silagem na região Norte Fluminense

Flávia Nicácio Viana¹; Messias Gonzaga Pereira²; Jocarla Ambrosim Crevelari¹; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves¹; José Arantes Ferreira Júnior¹

¹ Estudante da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

² Professor titular da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

As regiões Norte e Noroeste do Rio de Janeiro possuem como principal atividade agrícola a pecuária. Contudo, trata-se de uma região de baixo regime pluviométrico, com baixa produção de pastos e ausência de empresas que desenvolvam genótipos de milho para silagem adaptados para a região. Nesse cenário, a Universidade Estadual do Norte Fluminense juntamente com seu programa de melhoramento do milho, tem dentre seus objetivos, o desenvolvimento de milho para silagem. Para tanto, o foco tem sido a busca da melhor combinação entre genótipos de milhos dentados. No presente trabalho buscou-se estimar as capacidades combinatórias gerais (CGC) e específicas (CEC) dos genitores e dos híbridos de milho para silagem. Com este propósito, os genitores L-Maia Antigo (linhagem); P-Fortaleza (população); P-Piranão 12 (população); L-Caiano de Alegre (Linhagem); P-Tripsacóide (população); e P-Dente de Burro (população) foram cruzados entre si pelo método II de Griffing, totalizando vinte e um genótipos, sendo quinze híbridos e seis genitores. Os 21 genótipos foram avaliados em delineamento experimental de blocos casualizados com quatro repetições no município de Campos dos Goytacazes RJ, no ano agrícola 2017/2018. As características avaliadas foram: rendimento de silagem para massa verde em ton.ha⁻¹ (RS) e altura de planta em metros (AP). Foram realizadas análises de variância, seguindo modelo fixo; estimados os valores de CGC e CEC; realizado um teste de agrupamento Skott-Knott; e estimada a correlação genética entre as duas variáveis. O software utilizado para as análises foi o GENES. Com base na análise de variância verificaram efeitos significativos para ambas as variáveis, de 10,58 % para RS e 4,25 % para AP. Com relação ao RS, os genitores P-Fortaleza, P-Piranão 12 e L-Caiano de Alegre apresentaram maiores CGC, enquanto que os cruzamentos entre as linhagens L-Maia Antigo x L-Caiano de Alegre e o cruzamento entre P-Piranão 12 x L-Caiano de Alegre apresentaram maiores CEC. O teste de Skott-Knott agrupou onze genótipos superiores com médias variando entre 59,61 e 71,24 ton.ha⁻¹. Destes genótipos, apenas um era genitor (Fortaleza) e apenas quatro cruzamentos não envolvia linhagens. Com relação à AP, os genótipos P-Fortaleza, P-Piranão e L-Caiano de Alegre apresentaram maior CGC. Já em relação a CEC, o cruzamento que se destacou dos demais foi entre L-Maia Antigo x P-Dente de Burro. Os híbridos L-Maia Antigo x P-Dente de Burro, L-Caiano de Alegre x P-Fortaleza e L-Caiano de Alegre x P-Dente de Burro foram agrupados entre os genótipos de AP superior, apresentando amplitude de médias de 2,87 a 2,99 m. A correlação genética entre as variáveis foi de 0,807. Com base nos resultados, concluiu-se que os cruzamentos envolvendo as linhagens apresentam as maiores CEC e médias em ambas as variáveis; e que as variáveis RS e AP são correlacionadas.

APOIO: UENF e FAPERJ

Potencial produtivo de genótipos de milho superdoce em progressivas etapas de desenvolvimento

Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves¹; Messias Gonzaga Pereira²; Nayara Norrene Lacerda Durães¹; Flávia Nicácio Viana¹; José Arantes Ferreira Júnior¹; Jocarla Ambrosim Crevelari¹; Vivane Mirian Lanhellas Gonçalves¹; Flávia Alves da Silva¹.

¹ Estudante da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

² Professor titular da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

A Universidade Estadual do Norte Fluminense desenvolve programa de melhoramento interpopulacional de milho superdoce e obtenção linhagens para a geração de híbridos adaptados às regiões Norte e Noroeste do Rio de Janeiro. Nesse contexto, este trabalho teve por objetivo apresentar os avanços obtidos em diferentes etapas do processo de melhoramento, desde as populações recíprocas de base até a seleção do melhor híbrido simples em dialelo parcial. Para tanto, dezoito híbridos dialélicos superdoce (SS-SCH), quatro populações superdoce, quatro híbridos intervartetais superdoce (SS-IH), duas populações parentais de milho comum e duas testemunhas foram avaliadas em quatro ensaios realizados em dois ambientes e em dois anos agrícolas. Os tratamentos foram submetidos às avaliações de rendimento de espiga, rendimento de espiga sem palha, prolificidade, qualidade de empalhamento, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, altura de espiga e altura de planta. As variáveis foram submetidas a análise de variância por meio do software SAS. Entre as oito características avaliadas, apenas empalhamento, altura de espiga e altura de planta não apresentaram interação genótipo x ambiente significativa, enquanto que na interação genótipo x ano apenas o diâmetro de espiga e altura de espiga não foram significativos. Destacaram-se em rendimento as categorias SS-IH e SS-SCH, sendo SS-SCH superior no rendimento de espiga sem palha (11.3 ton.ha⁻¹), embora SS-SCH tenha apresentado menor qualidade de empalhamento. Em geral as plantas foram prolíficas apresentando média de 1.19 espigas por planta. As categorias de genótipos híbridos (SS-SCH, SS-IH e control) apresentaram superioridade nas características comprimento e diâmetro de espiga, altura de planta e altura de espiga. Com os resultados, concluiu-se que as técnicas utilizadas para explorar a heterose são eficientes no incremento de rendimento de milho superdoce. Já o empalhamento é uma característica que necessita de bons genitores, não havendo incremento de qualidade nos híbridos. Os genótipos LCSH 116 x LP8HS 129 e LCSH 116 x LP8HS 130 se destacam como genótipos promissores para registro, ambos com elevado rendimento e boa qualidade de empalhamento.

Avaliação de diversidade genética em plantas de *Coffea arabica* utilizando marcadores RAPD no município de Inconfidentes, Minas Gerais.

Gabriela Ester Ferraz¹, Sindynara Ferreira², Antonio Jackson de Jesus Souza³, Heloísa Oliveira dos Santos⁴, Elise de Matos Pereira⁵

¹Licenciada em Ciências Biológicas. IFSULDEMINAS – Campus Inconfidentes. gabiferrazbiologia@gmail.com. Praça Tiradentes, 416. Centro. Inconfidentes/MG. 37576-000.

²IFSULDEMINAS – Campus Inconfidentes. Professora e Pesquisadora. sindynara.ferreira@ifsuldeminas.edu.br. Praça Tiradentes, 416. Centro. Inconfidentes/MG. 37576-000.

³Universidade do Estado da Bahia. Professor e Pesquisador. jacksonagro@gmail.com. Rua Enock Canário de Araújo, s/n, Jeremias, Euclides da Cunha/BA – CEP: 48.500-000.

⁴UFLA – Universidade Federal de Lavras. Professora e Pesquisadora. heloisasantos@dag.ufla.br. Campus Universitário, s/n. Lavras/MG. 37200-000

⁵UFLA – Universidade Federal de Lavras. Pesquisadora. elisedematospereira@yahoo.com.br. Campus Universitário, s/n. Lavras/MG. 37200-000

Nos dias atuais a qualidade da produção de café é um grande atrativo aos produtores, investidores e consumidores em geral. Cada vez mais estudos estão sendo realizados visando o melhoramento de cultivares. Na cultura cafeeira a qualidade especial da bebida ou a alta produção são resultados de um trabalho que se inicia desde a escolha de boas sementes que apresentem vigor desejado e boa germinação. A caracterização em relação a uma cultivar de café leva muito tempo e conhecimento técnico apurado em relação a morfologia da planta para se chegar a qual cultivar pertence a progênie. Buscando diminuir o tempo de seleção de cultivares com potencial superior, técnicas genômicas vem sendo desenvolvidas com os avanços da engenharia genética como é o caso dos marcadores moleculares, que visam conhecer melhor os genes e as características determinadas por eles, com o intuito de diminuir o tempo de seleção que no caso da cultura de café pode levar até seis gerações. Com a crescente procura do mercado por cultivares de *Coffea arabica* L. que apresentem maior potencial em qualidade e produção este estudo pretendeu determinar os possíveis parentais de 15 plantas, localizadas no município de Inconfidentes/MG, com características morfológicas ainda distintas, porém prevalecendo alta produção, frutos grandes de coloração vermelha. Foram realizadas análises moleculares, utilizando a técnica de RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), no Laboratório de Análise de Sementes do Departamento de Agricultura na Universidade Federal de Lavras (UFLA), na cidade de Lavras/MG. Com a utilização de 26 *primers* RAPD empregando o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method*) foi gerada uma matriz de similaridade das 18 amostras coletadas, sendo elas pertencentes às 15 plantas, duas amostras sendo uma da cultivar Maragogipe e outra de Mundo Novo e uma amostra controle utilizada pelo laboratório. As similaridades foram obtidas por meio do pacote estatístico NTSYS-pc versão 2.1 (Sistema de Taxonomia Numérica e Análise Multivariada). No dendrograma gerado constatou-se que estas plantas se dividem em dois grupos, sendo que as plantas identificadas 1, 2, 8, 13, 4, 5, 14, 15, 6, 7 e 9 possuem maior similaridade com a planta 16 da cultivar Mundo Novo e a amostra controle (18), com destaque para a planta 14 com 79% de similaridade. As plantas 3, 11 e 12 possuem maior similaridade com a planta 17 da cultivar Maragogipe. Os resultados obtidos poderão colaborar para o desenvolvimento de novas cultivares dentro de programas de melhoramento das plantas e trazer dados de grande relevância para todo o setor cafeeiro, inclusive para o produtor que se preocupa cada dia mais em agregar valor econômico ao seu produto, onde o quesito mais importante é o investimento na qualidade.

Diversidade genética e análise morfo-agrônômica dos acessos de café do Banco Germoplasma da Heringer

Íris Petronilia Dutra¹, Alexandre Cristiano Santos², Cyntia Meiry da Silva Machado³, Fernanda Vargas Valadares⁴, José Dias de Souza Neto⁵, Larícia Olária Emerick Silva⁶, Lindomar de Souza Machado⁷, Monique Moreira Moulin⁸.

¹ Mestranda do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF/ Campos dos Goytacazes - RJ, iriisdutra@gmail.com;

² Professor Doutor do Instituto Federal do Espírito Santo Campus de Alegre, Brasil.

³ Doutoranda do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFES/ Alegre - ES ⁴ Mestranda do curso de Pós-Graduação em Agroecologia, IFES/ Alegre - ES ⁵ Técnico Mestre do Instituto Federal do Espírito Santo Campus de Alegre.

⁶ Graduada em Licenciatura em Ciências Biológicas, IFES/ Alegre – ES

⁷ Doutorando do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, UFES/ Alegre – ES ⁸ Professora Doutora do Instituto Federal do Espírito Santo Campus de Alegre, Brasil.

O café (*Coffea* sp.) é uma cultura que possui grande importância econômica, social e é amplamente consumido em todo o mundo, sendo o Brasil, o maior produtor mundial de café. A caracterização morfo-agrônômica de cultivares baseia-se nos descritores botânicos, é de extrema importância para disponibilizar o potencial da variedade a ser explorado pelo melhoramento de plantas e também para o reconhecimento de acessos peculiares dentro de um banco de germoplasma. Os resultados obtidos dessa caracterização podem ser utilizados para diversos estudos genéticos, que geram informações que abrangem o melhoramento genético. Dado o exposto, o presente trabalho teve por objetivo realizar a caracterização morfo-agrônômica dos acessos de café do banco de germoplasma da Fazenda Heringer, e estimar a divergência genética entre eles. A pesquisa foi conduzida no banco de germoplasma do CEPEC – Centro de Pesquisas Cafeeira “Eloy Carlos Heringer”, localizado na cidade de Martins Soares, estado de Minas Gerais com coordenadas geográficas de Latitude 20° 14’ 45 S, Longitude 41° 50’ 47 S, a uma altitude de 763 m. Foram utilizados dezoito acessos, sendo 17 arábicas (*C. arabica* L.) e um conilon (*C. canefora* P.). Para a caracterização morfo-agrônômica foram utilizados doze descritores específicos para o gênero *Coffea* (IPGRI, *Descriptors for Coffee*, 1996), sendo cinco quantitativos e sete qualitativos multicategóricos. As análises estatístico-genéticas das características morfo-agrônômicas foram realizadas com auxílio do programa Genes e o agrupamento das variedades foi obtido pelo método UPGMA, sendo a importância relativa dos caracteres quantitativos feita com base no método de Singh. Para as características quantitativas foram observadas uma grande divergência genética entre os acessos de café, sendo que a característica que mais contribuiu para a divergência genética foi o comprimento da folha (35,81%) seguida pela altura da planta (33,54%). Na análise qualitativa foi constatado um baixo número de classes, o que evidencia uma alta uniformidade das cultivares para os caracteres avaliados. A caracterização morfo-agrônômica quantitativa foi eficiente para estimar a diversidade genética entre os acessos, evidenciando significativa divergência, sendo importante ferramenta para o conhecimento e uso dos acessos cultivados no banco de germoplasma da Fazenda Heringer.

Expressão morfofisiológica de linhagens de milho-pipoca submetidas a condições de *deficit* hídrico

Jhean Torres Leite¹; Samuel Henrique Kamphorst¹, Valter Jário de Lima¹; Robson Aguiar Gonçalves¹; Kátia Fabiane Medeiros Schmitt¹; Ismael Fernando Schegoscheski Gerhardt¹; Luciene Souza Ferreira¹; Antonio Teixeira do Amaral Júnior¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

A seca é ineludivelmente o fator ambiental que provoca as maiores perdas na produção agrícola. O presente trabalho teve por objetivo analisar a expressão morfofisiológica de linhagens de milho-pipoca submetidas a condições hídricas adequadas e *deficit* hídrico. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, localizada na Unidade de Apoio a Pesquisa – UENF, arranjado em esquema fatorial 2x2, no qual utilizou-se duas linhagens: L61, classificada como de menor eficiência agrônômica no uso da água e, P2, caracterizada como eficiente; e dois regimes hídricos, quais sejam, controle (irrigação plena – IP) e *deficit* hídrico (DH), corte da irrigação. A suspensão da irrigação ocorreu em estágio V5, com duração de sete dias. As avaliações morfológicas foram: massa seca de parte aérea (MSP) e de raiz (MSR), estimadas após secagem em estufa a 80°C, por 72 horas. Estimaram-se as seguintes variáveis fisiológicas, a saber, taxa fotossintética (A), condutância estomática (*g_s*), fluorescência da clorofila (Fv/Fm), relação entre a concentração intracelular e extracelular de CO₂ (Ci/Ca), por meio do equipamento IRGA LI-6400XT, e teor relativo de clorofila (SPAD), por meio de medidor portátil MINOLTA-502. Realizou-se a análise de variância pelo esquema fatorial 2x2. Observou-se diferença significativa para tratamento hídrico, nas variáveis MSP, MSR, A, *g_s* e Fv/Fm, e entre genótipos, nas variáveis: MSP, MSR, A e *g_s*, bem como, na interação genótipo x ambiente para MSP. No IP, a linhagem P2 apresentou 36,43 g de MSP, 28,18 g de MSR, 26,07 $\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ de A e 0,18 $\mu\text{mol}\cdot\text{mol}^{-1}$ de *g_s*; enquanto que, a linhagem L61 exibiu 17,54 g de MSP, 6,86 g de MSR, 28,82 $\mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ de A e 0,26 $\mu\text{mol}\cdot\text{mol}^{-1}$ de *g_s*. Os valores do teor de clorofila variaram entre 28,85 a 48,15. Com a imposição do DH, houve redução de 10,64 % da MSP, 11,10 % da MSR, 52,88 % da A e 71,32% da *g_s* para a linhagem L61 e de 46,20 % da MSP, 60,75 % da MSR, 90,49 % da A e 88,17 % da *g_s* para a linhagem P2. Observa-se que houve maior redução das variáveis avaliadas em P2, linhagem caracterizada como eficiente agronomicamente no uso da água, quando comparada a L61, o que pode estar relacionado a elevada biomassa que esse genótipo possui, que consome e demanda maior quantidade de recursos hídricos para manutenção de seus tecidos. Ambientes fechados, no caso vasos de 10 L, confinam e restringem o desenvolvimento radicular, situação oposta ao campo, onde é possível a exploração de regiões mais profundas do solo e proporcionar maiores índices agrônômicos (P2). Em estágio fenológico V5 e em ambiente controlado não foi possível observar melhores resultados no genótipo eficiente agronomicamente no uso da água. Para maior compreensão dos mecanismos de tolerância ao DH, estudos mais aprofundados do desenvolvimento radicular tornam-se necessários.

Apoio financeiro: CAPES e FAPERJ.

Avaliação de híbridos de milho dentado para produção de silagem para a região Norte/Noroeste Fluminense

Jocarla Ambrosim Crevelari¹; Nayara Norrene Lacerda Durães¹; José Arantes Ferreira Júnior¹; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves¹; Vivane Mirian Lanhellas Gonçalves¹; Valdinei Cruz Azeredo¹; Flávia Nicácio Viana¹; Messias Gonzaga Pereira¹.

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

Sabendo-se que o mercado de milho para silagem possui grande perspectiva de crescimento e que a pecuária brasileira é totalmente dependente desta fonte adicional de volumosos, ressaltando-se, ainda, o fato de que o Brasil não possui programas de melhoramento genético voltado para fins forrageiros, nem variedades específicas para atender esta demanda, viu-se a necessidade de desenvolver esta pesquisa visando à obtenção, avaliação e o registro de híbridos de milho dentado para produção de silagem adaptados a região Norte/Noroeste Fluminense. Para condução deste trabalho foram selecionados 8 genótipos do grupo “Dent” oriundos da coleção de milho da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Cada genótipo foi cruzado com um único testador do grupo “Dent” o “Piranão 12”. Posteriormente foram instalados os ensaios de avaliação dos híbridos em dois ambientes, nos municípios de Campos dos Goytacazes e Itaocara - RJ, respectivamente no ano agrícola 2016/2017. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 6 repetições, com 15 tratamentos, sendo 8 híbridos *topcrosses* e 7 testemunhas. Cada parcela foi constituída por uma linha de 8 metros de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1,0 metro e cinco sementes por metro linear. Foram avaliadas as seguintes características agrônômicas: florescimento, altura de plantas, altura de inserção da primeira espiga, diâmetro do colmo, número de espiga, produtividade de espiga com palha no ponto de silagem; produtividade de espiga sem palha no ponto de silagem; produtividade de grãos no ponto de silagem, produtividade de massa verde e proporção de grãos na massa verde. Para predição de ganhos foram empregados os índices de seleção de Pesek & Baker, Smith & Hazel, Mulamba & Mock e Willians. De acordo com a análise de variância verificou-se que os híbridos *topcrosses* em estudo apresentaram ampla variabilidade genética. Dentre os índices de seleção avaliados, o de Mulamba & Mock proporcionou maiores magnitudes na estimativa de ganhos para a seleção dos híbridos. Os híbridos UENF-2210, UENF-2207, UENF-2208 e UENF-2191, foram os que apresentaram melhor desempenho indicando elevado potencial dos híbridos dentado para produção de silagem na região Norte e Noroeste Fluminense. A seleção de híbridos *topcrosses* superiores possibilitará o registro no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) de híbridos destinados à produção de silagem adaptados para o Norte/Noroeste Fluminense.

Apoio: UENF e FAPERJ

Genótipos de *C. canephora* com traços de tolerância ao baixo suprimento de nitrogênio

Lindomar de Souza Machado¹; Cyntia Meiry da Silva Machado²; Leonardo Castro e Silva³; Lucas da Silva Alves⁴.

¹ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFES/Alegre - ES, bolsista FAPES, lindomarsm@gmail.com;

² Doutoranda do curso de Genética e Melhoramento, UFES/Alegre - ES,

³ Doutorando do curso de Genética e Melhoramento, UFES/Alegre - ES, bolsista FAPES;

⁴ Graduando em Agronomia, UFES/Alegre - ES

O *Coffea canephora* é responsável por elevada parcela na produção mundial de grãos de café. Atualmente é indispensável no uso de Blends e com crescente consumo sem adição outros grãos. A espécie de forma geral é considerada mais tolerante a estresses abióticos, contudo devido a elevada variabilidade existente requer a adequada identificação e caracterização. O cultivo vem se expandido, porém em algumas áreas consideradas marginais, com baixa fertilidade natural do solo. Portanto, é fundamental para programas de melhoramento genético a identificação de genótipos tolerantes a estresses nutricionais de nitrogênio. A falta do macronutriente nitrogênio (N) é tido como grande limitador da produção agrícola, pois é essencial ao metabolismo vegetal, é constituinte de importantes estruturas como a clorofila, que estão diretamente envolvidas com a fotossíntese. Desta forma, objetiva-se com este identificar entre genótipos superiores de *C. canephora* com traços de tolerância a baixo suprimento de N por meio de atributos morfológicos analisados de forma integradora, gerando banco de dados para futuros cruzamentos. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na área experimental da Universidade Federal do Espírito Santo, localizado no município de Alegre-ES. O experimento foi instalado em um esquema fatorial 13x2, seguindo um delineamento inteiramente casualizado com três repetições. Os fatores foram: 13 genótipos de *C. canephora*, sem (0% de N) e com adubação nitrogenada (100% de N recomendado para a cultura). Após 150 dias de cultivo, determinou-se a massa seca da parte aérea (MSPA), de raiz (MSR) e total (MST), assim como a altura da planta (ALT), diâmetro de coleto (DIAM) para o cálculo do índice de qualidade de Dickson (IQD) pela equação $IQD = MST / \{(ALT / DIAM) + (MSPA / MSR)\}$. Os dados foram submetidos a análise de variância ($p < 5,0$), houve interação significativa entre os fatores, na análise do fator genótipos dentro de do fator adubação utilizou-se o teste de média de Scott e Knott e o teste de Tukey para fator adubação dentro de genótipos. Todos os treze genótipos do tratamento com adubação nitrogenada apresentaram os maiores valores médios de IQD. Na análise dos genótipos dentro da dose com adubação (100% de N), os genótipos CV-02 e CV-12 formaram o grupo de elevadas médias, os genótipos CV-05, CV-07 e CV-08 os de menores médias. Na ausência de adubação nitrogenada, ficou evidenciado a potencialidade dos genótipos CV-02, CV-05 e CV-08 para estudos de tolerância a estresse nutricional de N, formaram o grupo de maiores valores médios. Contudo o mesmo não foi observado para os genótipos CV-11 e CV-12, formaram o grupo de menores médias. O genótipo CV-02 apresentou elevada plasticidade fenotípica na ausência e com suprimento de N, sendo altamente indicado para continuidade de novos estudos.

Apoio: FAPES

Ganhos genéticos preditos em progênies de *Capsicum annuum* var. *annuum* para resistência à antracnose

Maria do Socorro Bezerra de Araújo¹; Claudia Pombo Sudré²; Claudia Lougon Paiva de Almeida²; Antonio André da Silva Alencar²; Ingrid Gaspar da Costa Geronimo²; Elisangela Knoblauch Viega de Andrade²; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcante²; Rosana Rodrigues².

¹ Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ; autor correspondente: mariasbserrita@gmail.com

² Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, RJ.

A antracnose, causada por um complexo de espécies de *Colletotrichum*, é considerada uma doença fúngica importante para *Capsicum* em países de clima tropical e subtropical. Os prejuízos mais significativos resultam dos sintomas de podridão em frutos, podendo ocorrer em qualquer estágio de desenvolvimento, estendendo-se da fase de campo até a pós-colheita. No Brasil, não existem cultivares de pimentão e pimentas com resistência ao *Colletotrichum* spp., havendo relatos de perdas de até 100% em áreas de produção sob condições de campo. Objetivou-se estimar parâmetros genéticos e prever ganhos genéticos em progênies de pimenta e pimentão para resistência à antracnose em frutos no estágio imaturo e maduro. Noventa e quatro progênies F_{2:3}, descendentes dos acessos UENF 2285 (♀ pimentão suscetível) e UENF 1381 (♂ pimenta resistente), foram conduzidas pelo método *pedigree* e cultivadas num experimento sem repetição, com 16 plantas por progênie. Oito frutos de cada planta foram colhidos e inoculados com uma suspensão na concentração de 1,0 x 10⁶ conídios/mL do isolado 8.1 de *C. gloeosporioides* (três imaturos e três maduros) e água deionizada estéril (um imaturo e um maduro - controle). Realizaram-se observações diárias por sete dias, utilizando-se uma escala de notas variando de zero (Altamente Resistente) a nove (Altamente Suscetível). Foram estimados os componentes de variância e valores genéticos das progênies para as variáveis período de incubação (PI), período latente (PL) e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) via procedimentos REML/BLUP utilizando o SELEGEN. Observou-se estimativas de herdabilidades médias de progênies

(h_{mp}^2) variando de 88,54% a 95,11%. Esses valores asseguram alta precisão na seleção de progênies, com acurácia seletiva oscilando entre 79,26% e 90,17%, de magnitude alta a muito alta. As estimativas de herdabilidade aditiva dentro de progênies (h_{ad}^2) apresentaram magnitudes de 16,79% a 33,27%. Esses valores indicam situação favorável para ganhos genéticos com a seleção pelo BLUP individual. Para todas as variáveis houve significativa variação genotípica (CV_g), havendo maior destaque para AACPD de frutos imaturos e maduros equivalendo a 36,42% e 30,57% em relação à média geral, e 35,92% e 31,36% da variabilidade fenotípica total, representada pela herdabilidade individual no sentido amplo entre progênies (h_a^2), respectivamente. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva permitiram prever oportunidade promissora à seleção de progênies de pimenta e pimentão resistentes à antracnose, com valores positivos de efeitos genéticos aditivos para PI e PL e negativos para AACPD.

Apoio financeiro: FAPERJ, CAPES e CNPq.

Estimativas de parâmetros genéticos em clones de Palma forrageira

Pedro Gustavo Matos de Araújo¹; Arles Matheus Pickler de Barros do Vale¹; Ramon Martins de Souza Brito¹; Mayra Isabelle Fernandes Teixeira¹; Poliana Soares da Cruz Mascarenhas²; Luciana Cardoso Nogueira Londe⁴; Wellington Silva Gomes³; Samy Pimenta³

¹ UNIMONTES; Acadêmicos de Agronomia e bolsista ICV/Unimontes; e-mail: gustavopg36@gmail.com

² UNIMONTES; Mestranda em Produção Vegetal no Semiárido; e-mail: polianasoareshdacruz@yahoo.com.br

³ UNIMONTES; Professor Dr. de Ensino Superior; e-mail: samy.pimenta@unimontes.br; wsgomes7@gmail.com

⁴ EPAMIG; Pesquisadora; e-mail: luciananogueiralonde@gmail.com

A palma forrageira têm se tornado um atrativo para criadores de gado em regiões de baixas precipitações pluviométricas. Em muitos casos, é a última alternativa para alimentar rebanhos inteiros de bovinos. Apesar de recentes programas de melhoramento no Brasil dessa cultura, o número de cultivares disponíveis ainda é baixo e para algumas regiões as cultivares existentes se quer foram testadas. A região do Semiárido Mineiro têm tido perdas consideráveis na pecuária bovina devido a fatores abióticos como déficit hídrico e elevadas temperaturas, necessitando de culturas que possam tolerar essas condições. Nesse sentido, encontra-se em fase inicial um programa de melhoramento de Palma Forrageira com a finalidade de obtenção de cultivares adaptadas a essa região. As primeiras atividades encontram-se em execução e visaram avaliar distintos clones de Palma (*Opuntia* spp. e *Nopalea* spp.) e a variabilidade genética existente para o início do programa. O objetivo desse trabalho foi o de estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos desses clones. Foram avaliados 25 clones distintos, cultivados em manejo convencional na Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIGNORTE) localizada no Norte de Minas Gerais durante os anos de 2016 até o presente momento. Os clones foram distribuídos aleatoriamente em talhões e em números de repetições distintas. As variáveis foram coletadas no período de dezembro de 2017. Foram considerados oito variáveis: a altura da planta (AP); o número de cladódio por planta (NCP); o comprimento (CMC), a largura (LMC) e a espessura média dos cladódios (EMC); o número de aréolas no cladódio (NAC); o número de artigos primários (NAP) e o número de artigos secundários (NAS). Para estimativa dos parâmetros genéticos e previsão dos valores genotípicos utilizou-se a análise via Modelos Mistos com o modelo 58, indicado em casos de ausência de delineamento experimental. Utilizou-se o software Selegen-REML/BLUP para as análises. Para todos os caracteres avaliados verificou-se baixa variância genética e alta variância ambiental, conseqüentemente baixa herdabilidade (h^2). A maior h^2 foi observada para LMC e NAC, de 49,4% e 50,4%, respectivamente. A ausência de um controle ambiental maior, passível com o uso de delineamentos experimentais e a ausência de um número maior de repetições, para alguns clones, pode ser a explicação para tal resultado. Considerando os ganhos preditos com a seleção dos três melhores clones para cada variável verificou-se uma alternância de desempenho entre os clones avaliados, sendo o clone 11 o que mais figurou entre os primeiros, estando na metade das variáveis avaliadas. Esse desempenho distinto entre os clones pode ser base para fonte de variabilidade genética para diferentes programas de melhoramento o que é ideal para o que se pretende iniciar, um programa de melhoramento desta espécie na região do Semiárido Mineiro.

Apoio: EPAMIG e UNIMONTES

Correlações genótípicas entre caracteres agronômicos de linhagens de milho-pipoca sob condições irrigadas e de *deficit* hídrico

Rachel Martins da Rocha Silva; Samuel Henrique Kamphors; Valter Jário de Lima; Carolina Macedo Carvalho; Robson Aguiar Gonçalves; Railan Nascimento Ferreira Kurosawa; Eliemar Campostrini; Antonio Teixeira do Amaral Júnior

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

A seca causa grandes prejuízos para as culturas agrícolas. Por isso, para amenizar os impactos do *deficit* hídrico, a opção exequível é o desenvolvimento de cultivares mais adaptados a essa condição, bem como, para fins de melhoramento, identificar caracteres de alta correlação com as variáveis de maior importância. Na cultura do milho-pipoca, considera-se rendimento de grãos e capacidade de expansão como caracteres principais. Neste contexto, o presente trabalho visa analisar a correlação genotípica (r_g) entre caracteres agronômicos de 20 linhagens de milho-pipoca sob condições irrigadas e de *deficit* hídrico. Os experimentos foram instalados na safra 2016, no Colégio Agrícola Antônio Sarlo, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. O delineamento experimental foi realizado em blocos completos casualizados com três repetições por ambiente, isto é, irrigação plena (AI) e de estresse hídrico (AEH). No AEH foi aplicada suspensão da irrigação em fase pré-florescimento masculino, que percorreu até o final do ciclo da cultura. Os caracteres avaliados foram: rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE), volume de pipoca expandido por hectare (VP), peso de cem grãos (PCG), comprimento médio de espigas (CME), diâmetro médio de espigas (DME), número de fileiras de grãos (NFG), número de grãos por fileiras (NGF) e prolificidade (PRO). Foram realizadas as análises de variância por ambiente e, em seguida, obtidas as estimativas do coeficiente de correlação genotípica (r_g), de acordo com Mode e Robinson. A significância foi testada ao nível de 5 % e 1 % de probabilidade pelo teste t, com n - 2 graus de liberdade. Observou-se variabilidade genética para todos os caracteres, em ambos os ambientes, comprovados estatisticamente pelo teste F. No AEH, observou-se r_g significativa e de sentido positivo entre os caracteres RG e VP (0,92), CME (0,71), DME (0,65), NFG (0,92); e entre CE e VP (0,68), CME (0,44), NFG (0,50). No AI, o caractere RG apresentou correlação significativa e de sentido positivo com VP (0,85), CME (0,64), DME (0,63), NGF (0,87) e negativa com CE (-0,44). Nesse mesmo ambiente, CE apresentou correlação significativa com PCG (-0,46), PRO (-0,50). A correlação significativa entre RG x CE é comumente observado em ambiente irrigados, dados o controle genético desses caracteres. Destaca-se a correlação de sentido positivo entre RG x CE (0,39) no AEH, mesmo que não significativo. Concomitantemente entre ambientes, observou-se as correlações positivas entre RG x VP e CE x VP. A seleção indireta via VP promoverá incrementos em simultâneos em RG e CE, em ambos os ambientes sendo, pois, opção para ser utilizada em programas de melhoramento com milho-pipoca.

Apoio financeiro: CAPES e FAPERJ.

Desempenho morfoagronômico de genótipos de milho cultivados sob déficit hídrico no Espírito Santo

Rafael Nunes de Almeida¹; Fernanda Vargas Valadares¹; Larícia Olária Emerick Silva¹; Leandro Heitor Rangel¹; Raíssa Olmo Lacerda Pirovani¹; José Dias de Souza Neto¹; Monique Moreira Moulin¹; Ana Paula Cândido Gabriel Berilli²

¹Instituto Federal do Espírito Santo Campus de Alegre, Rod. BR 482, Km 47, s/n - Rive, AlegreES, CEP 29520-000.

²Instituto Federal do Espírito Santo Campus Itapina, Rod. BR 259, s/n - Zona Rural, ColatinaES, CEP 29709-910.

O milho é uma das culturas de maior interesse econômico a nível mundial, e no Brasil compõe a base alimentar e produtiva da agricultura familiar. Os produtores familiares do estado do Espírito Santo tem sofrido com prejuízos na produção agrícola devido à mudanças climáticas, principalmente pela escassez hídrica decorrente do baixo volume de chuvas. A obtenção de cultivares de milho com maior tolerância à estresse hídrico é uma das alternativas para garantir a produção, diminuir os custos com irrigação e garantir maior soberania alimentar dos agricultores. O objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho morfoagronômico de genótipos de milho da coleção base do Banco Ativo de Germoplasma do Ifes cultivados sob déficit hídrico. O experimento foi instalado no município de Alegre, ES, manejado sob déficit hídrico, em delineamento de blocos casualizados (DBC), com 5 repetições. A irrigação foi suspensa a partir do período de florescimento das plantas, realizando-se apenas irrigações suplementares quando as plantas apresentavam estado crítico de murcha. Avaliou-se os descritores: dias para florescimento, altura de plantas, altura de espigas, número de plantas no estande, número de plantas quebradas, número de plantas acamadas, número de espigas, número de espigas doentes, número de espigas atacadas por pragas, peso de espigas, peso de grãos, peso de 100 grãos sadios, rendimento e prolificidade. Os dados foram submetidos ao teste de variância pelo teste F, comparação de médias de Scott Knott ($p > 0,01$). Os dados foram submetidos à análise multivariada agrupando os genótipos por dissimilaridade pelo método UPGMA. Foram avaliados vinte e um genótipos, sendo um deles a cultivar Biomatrix PRO2 BM2065, utilizada como testemunha. O estresse hídrico contribuiu para o baixo porte das plantas, havendo perdas significantes por quebra e acamamento de plantas para os genótipos Cimmyt 11, Emcapa 203, Asa Branca e MA008. Os genótipos Palha Roxa Caparaó e Diamantina obtiveram rendimento em torno de 1960 Kg ha^{-1} não diferindo significativamente da cultivar testemunha. Os acessos Aliança e Padrinho também obtiveram elevados valores para rendimento de grãos (1600 Kg ha^{-1}). Os genótipos com grãos de coloração mais claras foram notavelmente os mais afetados pelo estresse hídrico. A análise de agrupamento demonstrou que há relevante diversidade genética entre os genótipos de milho da coleção de trabalho do Banco Ativo de Germoplasma do Ifes. Pelos resultados de rendimento, prolificidade e similaridade no florescimento, recomenda-se os genótipos Piranão 14 e Palha Roxa Caparaó para o desenvolvimento de trabalhos de melhoramento genético visando obtenção de genótipos tolerantes ao estresse hídrico na região.

Apoio financeiro: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES).

Germinação de sementes de famílias de irmãos completos da primeira geração de retrocruzamento de maracujazeiro

Ravena Ferreira Vidal¹; Sandra da Costa Preisigke¹; Bruno Dias Amaral¹; Deurimar Herênio Gonçalves Junior¹; Eileen Azevedo Santos¹; Valter Jário de Lima¹; Alexandre Pio Viana¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

O maracujazeiro-azedo é uma frutífera com grande potencial produtivo no Brasil, se destacando como país com maior produtor mundial. A sua propagação pode ser via assexuada ou sexuada sendo feita principalmente por meio de sementes, devido ao baixo custo de produção e baixo grau tecnológico empregado. A germinação das sementes provenientes de cruzamentos interespecíficos, em geral, é baixa e desuniforme dificultando a formação de mudas de alta qualidade para estabelecimento de pomares comerciais. Desta forma, objetivou-se avaliar o percentual germinativo da segunda geração de retrocruzamento (RC₂). O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, no município de Campos dos Goytacazes-RJ. Foram avaliadas sementes de sete famílias de irmãos completos de RC₂ [(*Passiflora edulis* x *Passiflora setacea*) x *P. edulis*] x *P. edulis*, do genitor *P. edulis* (cultivar Rio Dourado) e progenitor *P. setacea*. Inicialmente as sementes foram colocadas em hipoclorito de sódio a 50% por vinte minutos e em seguida lavadas com água corrente para retirada do hipoclorito de sódio. Após esse procedimento, as sementes foram embebidas com água corrente durante três horas. Por fim, foram semeadas em bandejas de isopor de 200 células contendo substrato comercial nos dias 11 de setembro de 2017 e 30 de outubro de 2017. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados. A variável percentual de germinação foi submetida à análise de variância e teste de Tukey a 1% de significância. Houve diferença significativa entre as famílias avaliadas e entre os genitores. A germinação da família 5 apresentou maior percentual de germinação (94,3%) tendo mesma média da cultivar Rio Dourado. A família 7 teve o pior percentual de germinação (36,57%). As famílias 4 e 6 não apresentaram diferenças estatisticamente. As demais famílias mostraram diferença entre todas as famílias avaliadas. A *P. setacea* apresentou 0,0% de germinação, indicando algum tipo de dormência na semente, o que é muito comum em espécies silvestres. A família 5 teve o melhor potencial germinativo, sendo a que mais se aproxima do genitor recorrente, com relação a germinação. Entretanto, estudos complementares incluindo outros parâmetros são necessários para contribuir com mais informações.

Apoio financeiro: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF)

Repetibilidade para produção e qualidade de frutos em mamoeiro

Renato Santa Catarina¹; Julio Cesar Fiorio Vettorazzi¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes²; Nádia Fernandes Moreira¹; Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri²; Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹; Adriana Azevedo Vimercati Pirovani¹; Messias Gonzaga Pereira³

¹Pós-Graduandos em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF.

²Doutores em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF.

³Professor Titular – UENF.

Nas avaliações de populações segregantes de mamoeiro, são realizadas colheitas repetidas no mesmo indivíduo. Portanto é importante sabermos o número de colheitas necessárias, para selecionarmos os melhores genótipos, com acurácia no menor tempo e custo possível. Isso pode ser verificado pelo coeficiente de repetibilidade, onde na cultura do mamoeiro o conhecimento deste, permite que a fase de avaliação seja executada com acurácia, economia de tempo e mão de obra. O objetivo da pesquisa foi estimar o coeficiente de repetibilidade para características relacionadas à produtividade e qualidade de frutos da população base UCP-C0 da seleção recorrente do mamoeiro. As características altura de planta (AP), diâmetro do caule (DC), número de frutos comerciais (NFC), peso médio de fruto (PMF), produção (PROD), firmeza do fruto e polpa (FF e FP), espessura da polpa (EP) e teor de sólidos solúveis (TSS) foram avaliadas em 260 progênies da UCP-C0. A análise estatística foi realizada utilizando modelo 63 do software Selegem-REML/Blup. A variância de efeito temporário (*Vet*) apresentou maior percentagem de variância fenotípica (*Vf*) nas características NFC e PROD. A *Vet* representa a variação temporária associada aos efeitos ambientais efêmeros que se manifestam em cada medição como as flutuações climáticas ano a ano e suas interações com os efeitos de planta. As demais características apresentaram variância fenotípica entre plantas (*Vfp*) em maior percentagem de *Vf*. Esses valores indicam que a variância ambiental é muito pequena em relação à variância entre plantas. O elevado valor do coeficiente de repetibilidade individual (*p*) indica regularidade na repetição do carácter de uma época de avaliação para outra. Os valores de *p* iguais ou superiores a 0.60 são considerados altos, indicando que é possível prever o valor real dos indivíduos com números relativamente pequenos de mensurações. As características que apresentaram elevadas magnitudes ($p > 0,60$) foram AP, DC, PMF, FF, FP, EP e TSS. Por sua vez, as características NFC e PROD apresentaram magnitudes ($0,30 < p < 0,60$) intermediárias. Quando a repetibilidade é alta, o acréscimo no número de medições resultará em pouco acréscimo na precisão comparado a um indivíduo, mensurado uma única vez. O coeficiente de repetibilidade com base na média (*pm*) de três medidas apresentou magnitudes elevadas para todas as características exceto a característica PROD que apresentou magnitude de *pm* intermediária 0,59. Algumas progênies apresentaram maior uniformidade de PROD de uma medida para outra e outras progênies variaram grandemente entre as avaliações. As elevadas magnitudes estimadas indicam que essas características apresentam alta regularidade nas mensurações realizadas e que três mensurações em cada progênie são suficientes para prever o valor real das progênies. Além disso, essas características com elevada repetibilidade aprimoram o processo de fenotipagem, demanda menos custo com mão de obra e tempo.

Apoio Financeiro: Capes, CNPq, Caliman Agrícola S.A..

Seleção de híbridos de capim-elefante para fins energéticos utilizando modelos mistos

Sabrina Cassaro¹; Rogério Figueiredo Daher¹; Verônica Brito da Silva²; Ana Kesia Faria Vidal¹; Wanessa Franscesconi Stida¹; Rafael Souza Freitas¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

² Universidade Federal do Piauí

O capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum) é originário do continente africano e foi introduzido no Brasil no ano de 1920, vindo de Cuba. É uma planta de metabolismo C4, adaptada a diferentes ecossistemas, com alto potencial de produção de biomassa, destacando-se, atualmente, como fonte alternativa de energia. Assim sendo, alguns pesquisadores têm investido em programas de melhoramento dessa espécie, pois devido a sua grande variabilidade genética, decorre a existência de uma excelente oportunidade para o sucesso em processos de seleção de cultivares e a otimização de insumos proporcionando um alto potencial de biomassa para fins energéticos. O presente trabalho teve por objetivos avaliar famílias de irmãos completos de capim-elefante com seleção de plantas entre e dentro de famílias, obter estimativas de parâmetros genéticos e prever valores genéticos utilizando a metodologia REML/BLUP a fim de selecionar híbridos com elevada capacidade de produtividade de biomassa. O experimento foi conduzido em condições de campo, na PESAGRO-RIO, localizada em Campos dos Goytacazes-RJ, com cruzamentos intraespecíficos, no delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliadas quatro famílias de irmãos completos (FIC) compostas por parcelas constituídas por cinco plantas, sendo realizados quatro cortes com períodos variando de 8 a 12 meses, entre os anos de 2014 a 2017. As características morfoagronômicas avaliadas foram produção de matéria-seca (PMS), número de perfilhos (NP), diâmetro do colmo (DC), altura de plantas (ALT) porcentagem de matéria seca (%MS). Os parâmetros genéticos e valores genotípicos foram estimados por meio do procedimento REML/BLUP, no programa Selegen. Os híbridos avaliados apresentaram alta, moderada e baixa variabilidade genética. Os altos valores de herdabilidade média dos híbridos para as características PMS e NP permitiram também obter elevadas acurácias. As famílias oriundas dos cruzamentos 2 (IJ 7139 x Cubano Pinda) e 3 (IJ 7139 x BAG-86), apresentaram os melhores resultados e são consideradas propícias para a seleção de indivíduos superiores. Dessa forma, foram selecionados dez híbridos que demonstraram destaque entre os demais para as características PMS e NP, consideradas de maior interesse econômico para a cultura, sendo assim, apresentam-se como clones ou genitores potenciais para obtenção de populações superiores. O procedimento REML/BLUP demonstrou-se eficaz na seleção das melhores famílias e plantas, e os híbridos selecionados irão compor o primeiro ensaio de VCU da UENF, o que certamente contribuirá com maiores avanços em programas de melhoramento da espécie.

Utilização do índice spad na caracterização fisiológica para avaliação dos genótipos quanto à tolerância à seca em populações milho.

Marçal Norberto da Conceição Lucindo.¹; Vinicius de Oliveira Souza.¹; Ana Paula Candido Gabriel Berilli.¹; Sarah Helmer de Souza.¹; Diego Pereira do Couto.¹; Monique Moreira Moulin.²; Rafael Nunes.²; Eduardo Varnier.¹; Paulo Moreira Coelho.¹;

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo, Campus Itapina.

²Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo, Campus Alegre.

Com o advento dos medidores portáteis, que utilizam princípios ópticos não destrutivos, baseados na absorvância e refletância da luz pelas folhas, tornou-se possível a determinação de clorofilas diretamente a campo. O clorofilômetro SPAD (Soil Plant Analysis Development) é um instrumento portátil utilizado na quantificação de clorofila a, que se caracteriza pela simplicidade, rapidez e praticidade para se realizar uma avaliação não destrutiva no tecido foliar. Esta quantificação é relevante no estudo de práticas culturais e de manejo, visando aumentar o potencial fotossintético e o aumento da produção. Este trabalho objetivou avaliar o índice de SPAD para medir o teor de clorofila a e associar essa medida à tolerância à seca das diferentes populações de milho em estudo. O experimento foi implantado no IFES Campus Itapina em delineamento de blocos casualizados, com vinte e quatro tratamentos e cinco repetições para cada tratamento. Após o lançamento do pendão, iniciou-se a coleta de dados nas cinco primeiras plantas de cada parcela. Foi utilizado o clorofilômetro modelo SPAD-502 para a avaliação de clorofila a e as leituras foram feitas em dois pontos de cada um dos lados da nervura central das folhas amostradas, no terço médio e no terço superior das folhas. Os dados obtidos foram submetidos à análise de regressão pelo programa Origin 6.0®. Após a coleta de dados com o uso do SPAD, os tratamentos foram submetidos à análise de regressão para observação do comportamento das diferentes populações quanto à produção de clorofila a ao longo do tempo. Esse comportamento permite identificar o genótipo que mantém por maior período de tempo a produção de clorofila a em suas folhas, permitindo assim a este genótipo manter-se verde por mais tempo. Conforme o esperado, todos os genótipos apresentaram queda na quantidade de clorofila a ao longo do tempo, pois o teor de clorofila é reduzido quando a planta começa seu período de senescência. No entanto, a pesquisa demonstrou a necessidade de aumentar o número de avaliações ao longo do tempo. Três avaliações demonstraram a diminuição na produção de clorofila a, mas seria necessário um número maior de avaliações para entender mais precisamente o comportamento de cada genótipo. Conclui-se que, o clorofilômetro SPAD foi de suma importância pela eficácia e rapidez no registro dos dados durante o experimento, correspondendo ao intervalo de leitura e registro dos dados, constatando que a cultivar Aliança, por apresentar maior média de clorofila a, e a cultivar Encapa 201, apresentando a menor média clorofilômetra. Os cultivares Tia helena, If 17 palha roxa, Alto ribeirão, If 15 milho branco, Cimmyt 14, ES 001, Cimmyt 11, Milho gordura apresentaram, respectivamente, maiores teores de clorofila a nas folhas ao término da pesquisa, destacando-se por melhor apresentar a característica fisiológica de resistência à seca.

Apoio:

IFES - Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo;

FAPES – Fundação de Amparo a Pesquisa e Inovação do Espírito Santo;

CNPq – Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico.

GGE Biplot projection on the resistance discrimination of tomato genotypes to *Ralstonia pseudosolanacearum* and *Ralstonia solanacearum*

Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira¹; Kleyton Danilo da Silva Costa²; Geraldo de Amaral Gravina¹; Ana Maria Maciel dos Santos³; Denisson Lima do Nascimento²; Derivaldo Pureza da Cruz¹; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira⁴; José Luiz Sandes de Carvalho Filho³

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes - RJ/Brasil.

²Instituto Federal de Alagoas, Maceió-AL/Brasil.

³Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife-PE/Brasil.

⁴Universidade Federal de Sergipe, Campus Sertão, Aracaju-SE/Brasil.

The ninth largest tomato producer, Brazil reported the first bacterial wilt upon tobacco and potato cultures in the state of Rio Grande do Sul. Currently, this disease has spread throughout the country, especially in the North and Northeast of Brazil. The most recommended control measure is the use of cultivars resistant to those bacteria. Among the different methodologies, the GGE biplot multivariate analysis prove to be efficient, robust and of easy understanding and interpretation of data, which provides an efficient indication of the best genotypes. The aim of this work was to select tomato breeding progenies resistant to *Ralstonia pseudosolanacearum* and *Ralstonia solanacearum* via GGE biplot. Forty-three progenies resulting from the cross between Yoshimatsu and IPA-7 were assessed in the city of Recife, state of Pernambuco, Brazil, in 2016. We used a randomized block design with four replications applying the CCRMRS 74 and CCRMRS 185 isolates. The evaluations were performed by employing the data of the days 10 and 20 after inoculation. The disease incidence and severity were evaluated with the help of a descriptive grade scale. The analysis of variance showed significant effect ($p \leq 0.01$) for genotypes, bacteria and interaction genotypes x bacteria. These results show that there was genetic variability among the genotypes, different behavior among the bacteria and different performance of the genotypes according to the species of bacteria evaluated, respectively. The biplot analysis of genotypes x environment was extremely effective, since it described 84.8% of the total variation according to the first two principal components (PCs). The progenies 3, 15, 16 and 17 were considered more resistant to the bacteria and showed severity below the overall mean. The genotypes 4, 7, 10, 12, 13, 14, 17, 18, 20, 21, 22, 24, 26, 28, 30, 31, 32, 33, 34, 38, 40, 41 and 42 showed high incidence, and can be discarded. The genotypes 5 and 11 are the most wanted for the breeding program, as they show good phenotypic resistance and stability, considered the closest ones to the ideal.

Melhoramento de milho-pipoca para tolerância ao estresse hídrico ou eficiência no uso da água?

Valdinei Cruz Azeredo¹; Samuel Henrique Kamphorst¹; Valter Jário de Lima¹; Rachel Martins da Rocha Silva¹; Kevelin Barbosa Xavier¹; Juliana Saltires Santos¹; Fernando Rafael Alves Ferreira¹; Antonio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes – RJ, Brasil.

O melhoramento de plantas para o estresse hídrico pode atuar em diferentes estratégias: identificar fontes de tolerância ou de eficiência agronômica no uso da água (EAA). Define-se como tolerância a razão entre o rendimento obtido em ambiente com condição de estresse sob aquele alcançado em condição ideal de cultivo. A EAA está relacionada com a capacidade de um genótipo produzir mais com menor disponibilidade do recurso. Os objetivos desse trabalho foram avaliar o potencial agronômico de linhagens de milho-pipoca em dois regimes hídricos e discrimina-las quanto ao mérito de tolerância e EAA. Avaliaram-se 20 linhagens (S₇), cuja genealogia deriva de germoplasma tropical e temperado. Os experimentos, em blocos completos com três repetições, foram instalados em ambiente irrigado (AI) e ambiente sob estresse hídrico (AEH), imposto em fase pré-florescimento. Avaliou-se o volume de pipoca expandida por hectare (VP) (produto entre produtividade de grãos e capacidade de expansão). Realizaram-se análises de variância individual por ambiente e conjunta, e posterior agrupamento de médias (Scott Knott). Para discriminação do mérito das linhagens utilizou-se: índice de tolerância ao estresse (STI), índice de susceptibilidade ao estresse (SSI), índice de estabilidade (SIN), índice de resistência a seca (DRI) e eficiência agronômica no uso da água (EAA). Estimou-se a distância Euclidiana e realizou-se o agrupamento pelo método de WARD e análise dos componentes principais (PCA). A média de VP foi de 74,79 m³.ha⁻¹ no AI e de 23,82 m³.ha⁻¹ no AEH, demonstrando redução de 68.15 %. Houve interação genótipo x ambiente. Na AEH, as linhagens P5 (37,97), L54 (36,77) e P7 (36,70) apresentaram as melhores médias, e no ambiente AI, P7 (120,87), P8 (99,59) e P6 (98,06). A média de STI foi de 0,36 e, os valores superiores foram observados em P5, P6, P7 e P8. O SSI adequado, quando inferior a unidade, foi obtido pelas linhagens L65 e L69. O SIN mais próximo da unidade é apropriado, destacando as linhagens L54, P1 e P3. O DRI, atraente quando superior a média geral, destacou as linhagens L54, P3 e P5. Os genótipos EAA foram as linhagens P5, P6 e P7. O método de agrupamento WARD, permitiu a formação de três grupos, a saber: EAA (maiores médias) (L59, L76, P6, P7, P8 e P9); tolerantes (menores perdas percentuais) (L54, L55, L71, P1, P2, P3 e P5) e; sensíveis e de menor EAA (L61, L63, L65, L69, L70, L75 e P4). Analisando distribuição dos índices no PCA, percebe-se a associação entre STI e EAA, bem como, a relação inversa de SIN e SSI. Os grupos de menores perdas percentuais (tolerantes) não são os mesmos que os de maior EAA. Existe variabilidade genética para eficiência agronômica no uso da água e para tolerância a baixa disponibilidade hídrica.

Apoio financeiro: CAPES e FAPERJ.

Exploring the use of testers to maximize selection accuracy of partially inbred S₃ popcorn progenies

Valter Jário de Lima¹; Samuel Henrique Kamphorst¹; Jhean Torres Leite¹; Divino Rosa dos Santos Junior¹; Sérgio Barros da Silva Júnior¹; Adriano dos Santos¹; Alexandre Pio Viana¹; Antonio Teixeira do Amaral Júnior¹

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Campos dos Goytacazes – RJ, Brazil.

The development of superior hybrid cultivars depends on the identification of lines with maximal combining ability. In this context, this study compared the discrimination and combining ability of four testers with 43 partially endogenous S₃ popcorn progenies, with a view to predict genotypic values, by the REML/BLUP approach. Initially, 43 partially inbred S₃ progenies were developed in three generations of self-pollination from the open-pollinated variety UENF 14, from the breeding program of the State University of Northern Rio de Janeiro Darcy Ribeiro. As testers we used the open-pollinated variety BRS-Angela, the top-cross hybrid IAC-125, line S₇ (P2), and the open-pollinated variety UENF 14. The experiment was arranged in a complete block design with three replications, at two locations (north and northwest of the State of Rio de Janeiro). For the evaluation, mean plant height (PH), mean ear height (EH), plant lodging (PLO), ear weight (EW), grain yield (GY), 100-grain weight (100GW), popping expansion (PE-EW), and expanded popcorn volume per hectare (PV) were measured. For these traits, deviance analysis was performed and genetic values were predicted by the mixed models. All analyses were performed using SAS (Statistical Analysis System) software, version 9.3 (SAS INSTITUTE, 2011). The MIXED procedure (PROC MIXED) was used to obtain the values estimated by REML/BLUP. The REML/BLUP approach was efficient in discriminating and estimating the combining abilities of S₃ testers and progenies for all variables. The effects of the testers BRS-Angela and P2 were positive for almost all traits, indicating them as potential parents of hybrids in crosses with S₃ progenies. The concentration of negative genotypic effects was highest for the testers IAC 125 and UENF 14, which are therefore adequate to identify progenies with highest potential among the evaluated genotypes. Finally, tester IAC 125 discriminated the relative merit of S₃ progenies in both environments most clearly, while BRS-Angela was the most appropriate tester for hybrid yield at both locations.

Key words: *Zea mays* L. var. *everta*; REML/BLUP; discrimination; combining ability

Diversidade genética entre acessos de pimenta (*Capsicum* spp.)

Bruna Dias Gomes Brilhante 1, Raissa Olmo Lacerda Pirovani 2, Leandro Heitor Rangel 3, José Dias de Souza Neto 4, Larícia Olária Emerick Silva 5, Rafael Nunes de Almeida 6, Fernanda Vargas Valadares 7, Monique Moreira Moulin 8.

O gênero *Capsicum* apresenta significativa importância econômica, nutricional, medicinal e ornamental. Neste contexto, uma caracterização eficiente dos acessos se torna importante para demonstrar o potencial dos acessos a serem utilizados em programas de melhoramento de plantas. O objetivo do trabalho foi realizar a caracterização morfoagronômica e estimar a divergência genética entre 21 acessos de pimenta coletados no estado do Espírito Santo. O experimento foi conduzido em condições de campo e o delineamento experimental em blocos casualizados, com quatro repetições, totalizando 84 plantas. Os dados foram obtidos por meio da moda de cada descritor, sendo utilizadas onze variáveis, a saber: cor do fruto no estágio intermediário; cor do fruto no estágio maduro; formato do fruto; superfície do fruto; formato da ponta do fruto; formato da base do fruto, corrugação na seção transversal do fruto; margem do cálice; número de lóculos; número de sementes por fruto e constrição do cálice. Foi possível constatar uma grande variabilidade fenotípica, com diferentes formatos e cores. O dendrograma formado pelo método UPGMA, corte a 61% de distância, reuniu os acessos em oito grupos. O grupo I, compreendeu o maior número de acessos (IFCA 1, IFCA 4, IFCA 5, IFCA 6, IFCA 8, IFCA 12, IFCA 13, IFCA 18, IFCA 19 e IFCA 24). Agruparam-se nele acessos com formato alongado, cor do fruto no estágio intermediário laranja e no estágio maduro vermelha. O grupo II, constituído por IFCA 10 e IFCA 16 foi discriminado pelos acessos de superfície lisa, formato do fruto truncado, ausência da constrição do cálice e cor vermelha no estágio maduro. Os acessos IFCA 9, IFCA 17 e IFCA 25, constituíram o grupo III, caracterizado pela coloração amarela do fruto no estágio maduro, relacionado a presença de carotenoides, sendo a principal característica na diferenciação desses acessos. O grupo IV, formado pelos acessos IFCA 2 e IFCA 7, agrupa acessos com formato da ponta do fruto afundado e coloração vermelho intenso, quando maduros. Os acessos IFCA 3, IFCA 14, IFCA 22, IFCA 23 ficaram alocados em um único grupo, cada. O grupo V (IFCA 3) possui margem do cálice dentada e presença da constrição do cálice. No grupo VI ficou alocado o acesso IFCA 14, que apresenta formato da base do fruto pontudo e corrugação na seção transversal do fruto ondulada. O grupo VII foi constituído pelo acesso IFCA 22, que possui superfície lisa, três lóculos e número de sementes variando entre 20-50. O acesso IFCA 23 compõe o grupo VIII e destaca-se por possuir o menor número de sementes, sendo disposto na categoria menos de 20 sementes por fruto. O estudo evidenciou a existência de alta variabilidade genética entre os acessos de *Capsicum* coletados na região sul do estado do Espírito Santo.

Otimização de protocolo para obtenção de cromossomos metafásicos de alta qualidade em milho (*Zea mays*)

Daniel Pereira Miranda¹; Carlos Roberto de Carvalho²; Cosme Damião Cruz²

¹Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UNF);

²Professor titular da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Centro de Ciências Biológicas e da Saúde - Departamento de Biologia Geral.

O milho (*Zea mays*) é considerado uma espécie modelo nos estudos citogenéticos de plantas e possui $2n=2x=20$ cromossomos. Contudo, existem dificuldades em se obter cromossomos metafásicos de qualidade e em quantidade. A sincronização celular com hidroxiurea (HU) seguida da utilização de agentes bloqueadores do ciclo celular como o amiprofos-methyl (APM) tornam-se necessários para se obter alto índice metafásico. A obtenção de metáfases sem cromossomos agrupados e com níveis de compactação que possam distinguir cada par cromossômico é requerida nas análises de bandeamentos ou marcação de sequências específicas nos cromossomos e, diferenciar metáfases com cromossomos bloqueados daqueles não bloqueados é uma prática fundamental para se obter cromossomos com cromatina bem delimitada e possível montagem do kariograma. O objetivo do presente trabalho foi desenvolver um protocolo para obtenção de alto índice metafásico apresentando cromossomos bem distendidos e de qualidade citogenética em quantidades suficientes para serem disponibilizados em aplicações que envolvam técnicas moleculares e genômicas em *Zea mays*. Para a realização do experimento, as raízes foram sincronizadas com 1,75mM de HU durante 18 horas. Posteriormente, as raízes foram lavadas e submetidas aos tratamentos: T1: 32 minutos com 1,75 μ M de APM (amiprofos-methyl) + 0,3% de dimethylsulphoxide (DMSO) sob ação da pressão negativa de vácuo (-570 mmHg) obtida por meio de uma bomba de vácuo BUSCH (Motor EBSR63K2 do tipo 5010005C); T2: 32 minutos com 1,75 μ M de APM + 0,3% DMSO sem vácuo e T3: 32 minutos sem APM + DMSO e sem vácuo. Sequencialmente, as raízes passaram pelo processo de recuperação que variaram em períodos de 0,5; 1; 1,5; 2; 2,5; 3; 3,5; 4; 4,5 e 5 horas com 3 raízes retiradas a cada intervalo de tempo. Posteriormente, as raízes foram fixadas em solução de metanol + ácido acético (3:1) e após 24 horas foram hidrolisadas em HCl (ácido clorídrico) e tratadas com reativo de Schiff para observação do DNA. Após, foi realizada a digestão enzimática com posterior maceração e observação das lâminas em microscópio de campo claro. Para cada lâmina, 5 imagens foram capturadas em regiões sem sobreposições celulares, sendo contadas todas as células de cada imagem. Após a sincronização do ciclo celular, a maior concentração de metáfases bloqueadas foi após 4 horas de recuperação no tratamento T1 com 25,53 %, cujo índice mitótico (44,39%) e metafásico (33,15%) também obtiveram os maiores índices neste mesmo intervalo de tempo, com progressiva redução destas variáveis após este período. Foi possível discriminar metáfases bloqueadas das não bloqueadas, com base na morfologia dos cromossomos, constrições bem visíveis e níveis de compactação cromossômica. A pressão negativa de vácuo seguida do tempo de recuperação de 4 horas permitiu obter metáfases em quantidade e qualidade suficientes para serem aplicados em técnicas de bandeamento, análises genômicas e citomoleculares.

Caracterização morfoagronômica de acessos de feijoeiro-comum no estado do Rio de Janeiro

Elisângela Knoblauch Viegas de Andrade¹; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti¹; Jefferson Wesley da Silva Corrêa¹; Antonio André da Silva Alencar¹; Gaspar Afonso da Graça¹; Maria do Socorro Bezerra de Araújo¹; Samy Pimenta²; Rosana Rodrigues¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF.

²Universidade Estadual de Montes Claros – UNIMONTES.

O estado do Rio de Janeiro apresenta grande diversidade de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) ainda pouco conhecido. Em 2015 e 2017, um diagnóstico da diversidade de feijão-comum foi realizado em treze municípios do Noroeste Fluminense. Objetivou-se identificar a divergência genética dos acessos coletados com base em caracteres-morfoagronômicos. O experimento foi conduzido em condições de campo, na PESAGRO-RIO, em Campos dos Goytacazes-RJ, entre maio/julho de 2017. Foram avaliados 120 acessos de feijão-comum com base em nove caracteres-morfoagronômicos, sendo cinco quantitativos (altura média, média de vagens/planta, média de sementes/vagem, total de vagens e sementes) e quatro qualitativos (coloração da semente, antocianina no hipocótilo, porte da planta e hábito de crescimento) pelo método UPGMA, com base no algoritmo de Gower. O delineamento foi inteiramente ao acaso, com 10 repetições por acesso. Observou-se ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A altura média/planta variou de 40,5 a 233,5 cm. Quanto ao número vagens e média de vagens/planta observou-se variação de 9 a 377 vagens/acesso e 1,1 a 74,5 vagens/planta, respectivamente. Para o número de sementes e média de sementes/vagem foi observado uma variação de 31 a 1.875 sementes/acesso e 3 a 8 sementes/vagem, respectivamente. Todas as classes fenotípicas para porte da planta (ereto, semi-ereto e prostrado) e hábito de crescimento (arbustivo determinado, arbustivo indeterminado, prostrado indeterminado, trepador indeterminado e tipo I, II III e IV, respectivamente) foram observadas, havendo predomínio do porte semi-ereto (55,8%) e hábito prostrado indeterminado tipo III (44,2%). Quanto a antocianina no hipocótilo observou-se ausência desta característica na maior parte dos acessos (56,7%). Observou-se uma grande diversidade de cores de sementes, variando do preto ao branco, castanho claro a escuro, castanho avermelhado e esverdeado, creme claro, verde, rosa, roxo. Embora o feijão preto tenha sido o mais frequente (46,7%), já que é o preferido pelos consumidores no estado do Rio de Janeiro, os agricultores produzem e mantêm, por razões diversas, uma gama variada de tipos do feijão-comum, como observado neste trabalho. Considerando o ponto de corte de 0,38, seis grupos foram identificados. O grupo I com apenas um acesso que obteve maior número de vagens e sementes/planta. O grupo II com dois acessos sendo os únicos com hábito de crescimento trepador indeterminado, tipo IV; porte prostrado e presença de antocianina no hipocótilo. O grupo III reuniu 29 acessos com predominância de hábito de crescimento determinado arbustivo, tipo I e ausência de antocianina. O grupo IV reuniu 23 acessos com hábito de crescimento prostrado indeterminado, tipo III e porte prostrado. Os grupos V (39 acessos) e VI (26 acessos) observaram-se predomínio do porte semi-ereto da planta e coloração preta da semente, entretanto, para antocianina observou-se presença e ausência, respectivamente. Os dados quantitativos apresentaram pouca influência na formação dos grupos, exceto no grupo I.

Caracterização fenotípica de acessos de mandioca com potencial de adaptação às condições do Norte Fluminense

Patrick Martins Barbosa Brito¹, Sílvio de Jesus Freitas¹, Laura Pereira Salomão Soares¹

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense – Darcy Ribeiro

A mandioca (*Manihot esculenta*) é um alimento básico dos trópicos, sendo uma das principais fontes de carboidratos empregada na alimentação humana, animal e na indústria de processamento por milhões de pessoas em todo o mundo. Assim como na maior parte do Brasil, esta cultura é das principais espécies cultivadas pela agricultura familiar, no estado do Rio de Janeiro. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a divergência fenotípica entre 19 acessos de mandioca (Amarelo Barcelos, Embrapa Gema de Ovo, IAC 15, IAC 12, IAC Caapora, IAC 14, Itaocara, IAC Espeto, PESAGRO, Embrapa Rosinha, IAC 13, Viçosa, Zumbi, Embrapa Eucalipto, Alaguna, IAC 576/70, IAC Fécula Branca, Cacau Violeta e Pretinha). O estudo foi realizado por meio de 10 descritores morfológicos: cor da folha desenvolvida, cor da folha apical, cor do pecíolo, cor do córtex do caule, cor externa do caule, cor da epiderme do caule, cor das nervuras, cor externa da raiz, cor do córtex da raiz e cor polpa da raiz. A distância Euclidiana foi utilizada para obtenção da matriz de dissimilaridade e aplicado o método de agrupamento hierárquico UPGMA. Foi possível detectar significativa diversidade morfológica entre as 19 variedades analisadas, tendo havido polimorfismo para todos os descritores avaliados, exceto para a cor da folha apical. Segundo a característica de cor externa da raiz foi possível visualizar diferenças entre as cores branco ou creme, marrom escuro e marrom claro. E para a característica de cor do córtex da raiz houve diversidade entre os acessos apresentando tonalidade de cor entre branco e creme. Em relação a característica da cor da polpa da raiz, as variedades apresentaram diversidade entre as cores de branco, amarelo e creme. Com base na análise de agrupamento foi possível identificar a formação de seis grupos, com coeficiente de correlação cofenética de 0,7025. O grupo III foi agrupado de acordo com a característica de cor da folha desenvolvida, tendo todas as duas variedades presentes neste grupo a cor verde claro. O grupo IV foi reunido pelo descritor de característica de cor do córtex do caule, onde todas variedades que constituem esse grupo possuem cor verde claro. Entretanto o grupo V foi constituído por variedades que possuem a mesma cor da folha apical, possuindo cor verde claro. Já o grupo VI foi agrupado por seguir um mesmo padrão de cor da epiderme do caule, predominantemente neste grupo apresentando a cor creme. A matriz de distância revelou que a diversidade, relacionada aos descritores morfológicos variou de 0,1 a 0,53, sendo as variedades IAC 12 e IAC Espeto as mais contrastantes.

Apoio: UENF, CNPq.

Germinação *ex vitro* e *in vitro* de populações silvestres de *Passiflora mucronata*

Renan Carrari dos Santos¹; Rafael Walter¹; Virginia Silva Carvalho¹; Kezia Morais Vieira¹; Willian dos Santos Gomes¹; Rodrigo Sobreira Alexandre².

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos GoytacazesBrasil

² Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre - Brasil

Os germoplasmas silvestres do gênero *Passiflora* são importantíssimos para utilização em programas de melhoramento genético vegetal, pois, a partir de pesquisas, podem ser encontradas características agronomicamente interessantes. A espécie *P. mucronata* produz sementes com baixa viabilidade, além disso, são plantas alógamas, possuindo altas taxas de polinização cruzada e expressiva autoincompatibilidade. Assim, o objetivo deste trabalho foi verificar a germinação *ex vitro* e *in vitro* de sementes de nove populações silvestres de *P. mucronata*. Sementes de frutos maduros recém-colhidos foram utilizadas nos testes *ex vitro* e *in vitro*. O teste *ex vitro* foi realizado conforme metodologia das Regras para Análises de Sementes, com quatro repetições de 50 sementes, em rolo de papel com temperatura alternada de 20 e 30°C, com fotoperíodo de 8/16 horas de luz/escuro em estufa tipo B.O.D. As avaliações de germinação, sementes não germinadas, sementes moles e duras, plântulas anormais e protrusão de raiz primária foram feitas ao final de 30 dias. No teste *in vitro*, as sementes sem tegumento foram desinfestadas e inoculadas em meio MSM com 30 g L⁻¹ de sacarose, com quatro repetições compostas por um frasco com seis sementes cada. Os frascos foram mantidos em sala de cultivo com temperatura de 27°C±2 e fotoperíodo de 16/8 horas de luz/escuro. As avaliações de germinação, sementes não germinadas e plântulas anormais foram feitas ao final de 35 dias. Todos os experimentos foram conduzidos em DIC e os dados foram submetidos a Anova e ao teste Tukey a 5% pelo programa Sisvar. Na germinação *ex vitro* o maior índice de germinação de sementes foi 43,0% e a quantidade de plantas normais foi inferior a 30,0%. Das nove populações, cinco tiveram germinação inferior a 5,5%. O número de sementes não germinadas foi superior a 57,0%, destas, acima de 43,0% foram de sementes moles, conseqüentemente mortas. A germinação *in vitro* foi acima de 88,5% para seis populações. As sementes não germinadas *in vitro* variaram entre zero e 61,1% e plântulas anormais de 39,9 a 91,7%. De modo geral, houve maior germinação *in vitro*. Para todas as variáveis germinativas, houve grande variação nos resultados, sendo estes dependentes da população. Verifica-se uma alta variação em todos os dados germinativos tanto *in vitro* quanto *ex vitro*. Estes resultados evidenciam a necessidade de estudos para melhorar a taxa de germinação como, por exemplo, o cultivo de embriões *in vitro*. Assim sendo, será possível a seleção de genótipos responsivos para serem introduzidos em programas de melhoramento.

Apoio: Capes e UENF

Conservação e viabilidade de grãos de pólen de *Cucurbita moschata* Duch. em baixas temperaturas

Rosimara Barboza Bispo¹; Rosimeire Barboza Bispo¹; Catiane dos Santos Braga¹; Valdecir Göttert²; Danielle Vieira Rodrigues¹; Sérgio Alessandro Machado Souza³

¹Graduadas do Curso de Licenciatura e Bacharelado em Ciências Biológicas, Campus Universitário de Alta Floresta, MT, Brasil.

²Mestre em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos, Universidade do Estado de Mato Grosso, MT, Brasil.

³Professor Doutor, Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Agroecossistemas Amazônicos, Universidade do Estado do Mato Grosso, Campus de Alta floresta, MT, Brasil.

O armazenamento do pólen com objetivo de conservação genética, permite sua utilização futura, uma vez que condições adequadas possibilita que o mesmo retenha seu poder germinativo, vigor e integridade genética originais. O objetivo do trabalho foi avaliar a conservação e a viabilidade polínica de grãos de pólen de *Cucurbita moschata* Duch através da germinação do tubo polínico. Flores masculinas do acesso UNEMAT 022 localizado no município de Paranaíta-MT (9°43'20,47" S, 56°31'20,87" O) foram protegidas um dia antes da antese, e coletadas no dia seguinte, entre 7 e 8 horas da manhã, durante o mês de fevereiro de 2017. As flores foram armazenadas em câmara úmida e conduzidas ao laboratório de Genética Vegetal e Biologia Molecular da Universidade do Estado de Mato Grosso. Os ambientes de armazenamentos utilizados para a conservação do pólen foram: refrigerador (± 4 °C), freezer (-18 °C), ultrafreezer (-80 °C) e nitrogênio líquido (-196 °C). Os polens permaneceram armazenados por 180 dias, sendo a avaliação realizada a cada 60 dias. O tratamento controle (pólen fresco) foi avaliado logo após a coleta. Na avaliação da viabilidade, foi utilizado meio de cultura contendo (sacarose a 5% e 0,05g L⁻¹ de ágar). Foram preparadas quatro lâminas e em cada uma distribuídos 20µL de meio de cultura. Em seguida os grãos de polens foram depositados sobre o meio, de maneira uniforme, e transferidas para câmara úmida, onde permaneceram em temperatura ambiente por aproximadamente uma hora. Após, foram contabilizados 250 grãos de polens, em microscopia óptica com magnitude de 400x. Na avaliação, foram considerados germinados polens que apresentavam tubo polínico com tamanho igual ou superior ao diâmetro do respectivo grão de pólen. Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado em arranjo fatorial simples AxB (4x4) com quatro repetições, considerando os seguintes fatores para comparação: técnica de armazenamento (geladeira, freezer, ultrafreezer e nitrogênio líquido), tempo de armazenamento dos polens (0, 60, 120 e 180 dias). A análise de variância, evidenciou diferença significativa a 1% de probabilidade. As maiores médias de germinação 83,65% foram de polens fresco, sendo o esperado e 87,40% aos 60 dias em ultrafreezer. Nos ambientes, exceto no refrigerador, a partir dos 120 dias a média de germinação do acesso foi inferior a 50%, uma queda significativa, sendo considerado um valor baixo para germinação. De acordo com os resultados conclui-se que a conservação dos grãos de pólen do acesso UNEMAT 022 de *C. moschata*, em baixas temperaturas a médio prazo não é viável.

Estudo do comportamento meiótico e viabilidade polínica de *Ocimum basilicum* (Willd) Benth. var *pilosum* cultivadas em Alta Floresta, MT

Rosimeire Barboza Bispo¹; Rosimara Barboza Bispo¹; Kelli Evelin Müller Zortea²; Rosieli Barboza Bispo³; Ana Aparecida Bandini Rossi⁴.

¹Graduandas em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso, UNEMAT, Alta Floresta, MT, Brasil.

²Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade do Estado de Mato Grosso, UNEMAT, Alta Floresta, MT.

³Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade do Estado de Mato Grosso, UNEMAT, Alta Floresta, MT.

⁴Professora da Universidade do Estado de Mato Grosso, UNEMAT, Campus de Alta Floresta, MT, Brasil.

O gênero *Ocimum* compõe uma diversidade de plantas produtoras de óleos essenciais que assume grande importância econômica e ecológica. A espécie *Ocimum basilicum* é cultivada comercialmente para utilização de suas folhas verdes e aromáticas, usadas como condimentos ou na obtenção de óleos essenciais, importantes na indústria de perfumaria e na aromatização de alimentos e bebidas. Diante do exposto, o trabalho objetivou avaliar o comportamento meiótico e viabilidade polínica da espécie *O. basilicum* cultivadas no município de Alta Floresta- MT. Para análise meiótica botões florais em diferentes estágios de desenvolvimento foram coletados e fixados em solução de etanol e ácido acético na proporção de 3:1 e após 24 horas transferidos para álcool 70%, sendo armazenados em geladeira até uso posterior. Lâminas foram preparadas a partir de anteras esmagadas e coradas com carmim acético 2%, sendo as fases da meiose observadas em microscópio e fotodocumentadas. Na determinação do índice meiótico, anteras foram esmagadas e coradas com carmim acético 2% e observadas em microscópio óptico com aumento de 400x, sendo contabilizado o número de produtos pós-meiose. Foram preparadas oito lâminas utilizando-se os botões fixados, sendo contabilizadas 250 células/lâmina, totalizando 2000 produtos pós-meiose. Para a viabilidade polínica utilizou-se botões florais em pré-antese e flores na antese, os corantes utilizados foram: carmim acético 2%, lugol 1% e Reativo de Alexander. Para cada corante foram preparadas 8 lâminas, sendo contabilizados 250 grãos de pólen/lâmina, totalizando 2000 grãos de pólen/corante. Em seguida as lâminas foram observadas em microscópio óptico em magnitude de 400x sendo contabilizado os grãos de pólen viáveis e inviáveis. Os dados de viabilidade polínica foram submetidos a análise de variância utilizando-se o programa Genes. As principais anormalidades encontradas durante a meiose para a espécie foram: metáfase em "T" (2,3%) e assincronia celular (3,12 %). O índice meiótico foi de 100%, ou seja, todos os produtos pós meiose analisados apresentaram-se em tétrades. Não houve diferença significativa ($p < 0,01$) entre os três corantes testados, ficando a média geral de viabilidade em 97,7%. A espécie *O. basilicum* apresentou comportamento meiótico regular, gerando produtos pós-meiose 100% normais. Dos três corantes testados o corante Reativo de Alexander foi o que melhor possibilitou distinguir grãos de pólen viáveis dos inviáveis se mostrando o mais eficiente para estimar a viabilidade polínica da espécie. A regularidade reprodutiva da espécie indicou que esta tem alto potencial reprodutivo, podendo ser promissora em cultivo para obtenção de produtos de seu metabolismo secundário.

Muito além do feijão preto: resultados preliminares da diversidade de feijão-comum conservado *on farm* no Rio de Janeiro

Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti; Cláudia Pombo Sudré; Jefferson Wesley da Silva Corrêa; Elisângela Knoblauch Viega de Andrade; Maria do Socorro Bezerra de Araújo; Cláudia Lougon Paiva de Almeida; Cláudia Roberta Ribeiro de Oliveira; Rosana Rodrigues

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

A diversidade de feijão-comum mantida por agricultores familiares do estado do Rio de Janeiro é pouco conhecida e está escassamente representada no Banco de Germoplasma Nacional de *Phaseolus vulgaris*, da Embrapa Arroz e Feijão, uma vez que apenas um município foi amostrado, neste estado brasileiro. Além da escassez de informações sobre a diversidade cultivada no passado, pouco se sabe sobre o que está sendo conservado *on farm*. Este estudo investigou as práticas agrícolas no uso e manejo do feijão-comum, que integradas à caracterização morfológica das sementes coletadas, permitiram traçar um diagnóstico preliminar das condições de cultivo e conservação *on farm* do feijoeiro, em três regiões do estado do Rio de Janeiro. A pesquisa foi realizada em 11 municípios das regiões Norte, Noroeste e Lagos e, 79 famílias foram entrevistadas. As sementes coletadas foram caracterizadas quanto à cor primária, padrão do tegumento, forma e tamanho. Do total de agricultores entrevistados apenas 21,52% não cultivaram feijão-comum na safra 2016/2017. Entre os agricultores que cultivam e utilizam as sementes do próprio estoque, o número de variedades encontradas por estabelecimento variou de 1 a 11, com média de 2,3 variedades por agricultor, sendo que a maioria (66,7%) cultivava mais de uma variedade. No total, coletouse 155 variedades, com diferença de 2 a 34 variedades por município. O cultivo é realizado predominantemente em sequeiro, adubado e solteiro. As sementes são armazenadas como grãos e a seleção ocorre próximo à época de plantio, escolhendo os grãos sadios e bem granados. Em oito municípios, a seleção preconiza a manutenção da pureza varietal, uma vez que as variedades coletadas foram, majoritariamente, uniformes. Em contraste, nos três municípios restantes, a mistura de variedades correspondeu a 54,83, 58,82 e 66,66% do total coletadas, indicando que os agricultores deliberadamente mantêm certa gama de sementes, com variação na cor, forma e tamanho, como foi observado durante a caracterização morfológica. Nesta etapa, os diferentes morfotipos foram separados e caracterizados, tendo o número de componentes na mistura variado de dois a dez. No total, obteve-se 228 morfotipos com significativo polimorfismo, havendo treze, sete e cinco classes para cor primária e padrão do tegumento e forma da semente. Estas cobrem a maior parte da diversidade das características descritas para a espécie. O grupo comercial 'Preto' correspondeu a 30,3% dos feijões coletados, com variação em relação à forma e tamanho. Os demais grupos presentes na amostra foram: 'Vermelho', 'Roxo', 'Rosinha', 'Mulatinho', 'Manteiga', 'Carioca', 'Amendoim' e 'Outros' (bicolor, branco, verde azeitona e amarelo). Os agricultores familiares do Rio de Janeiro estão conservando uma ampla diversidade de feijão-comum. Apesar do feijão 'Preto' ser o preferido entre os consumidores, uma gama de grupos comerciais estão sendo cultivados para atender às necessidades dos agricultores, considerando diferentes fatores culturais e econômicos.

Apoio financeiro: CAPES, FAPERJ

