# SimGeM

International Symposium on Genetics, Plant Breeding and Plant Conservation

## The Global Need For Plant Breeding Innovation

# Livro de Resumos


ORGANIZADORES

Alessandra Gonçalves Ribeiro
Eduardo Almeida Alves
Ikio Aline Monteiro Watanabe
Luciana de Sousa Lopes
Sylluana Ribeiro Corrêa



Cegraf UFG

**Universidade Federal de Goiás**

**Reitora**
*Angelita Pereira de Lima*

**Vice-Reitor**
*Jesiel Freitas Carvalho*

**Diretora do Cegraf**
*Maria Lucia Kons*

---

**Organizadores**

*Alessandra Gonçalves Ribeiro*
*Eduardo Almeida Alves*
*Ikio Aline Monteiro Watanabe*
*Luciana de Sousa Lopes*
*Sylluana Ribeiro Corrêa*

**Patrocínio:**

**Apoio:**

SimGeM

International Symposium on Genetics, Plant Breeding and Plant Conservation

# The Global Need For Plant Breeding Innovation

# Livro de Resumos


ORGANIZADORES

Alessandra Gonçalves Ribeiro
Eduardo Almeida Alves
Ikio Aline Monteiro Watanabe
Luciana de Sousa Lopes
Sylluana Ribeiro Corrêa



Cegraf UFG

Goiânia, 2024

© Cegraf UFG, 2024

© Alessandra Gonçalves Ribeiro, Eduardo Almeida Alves, Ikio Aline Monteiro Watanabe, Luciana de Sousa Lopes, Sylluana Ribeiro Corrêa, 2024.

**Capa, projeto gráfico e diagramação**
Alessandra Gonçalves Ribeiro, Eduardo Almeida Alves, Ikio Aline Monteiro Watanabe, Luciana de Sousa Lopes, Sylluana Ribeiro Corrêa.

**Comissão organizadora do V SimGeM**

*Alessandra Gonçalves Ribeiro*
*Bruce Perrez Kpade*
*Camila Barros Ataides*
*Douglas de Oliveira Maciel*
*Eduardo Almeida Alves*
*Ikio Aline Monteiro Watanabe*
*Jaqueline Maria da Silva*
*Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado*
*Juliana Borges Pereira Brito*
*Karina Eliane Quege*
*Lais Gabriela Ramos Ferreira*
*Laryssa Barbosa de Souza Reis*
*Letícia de Maria Oliveira Mendes*
*Lucas Fernandes de Souza*
*Luciana de Sousa Lopes*
*Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro*
*Marília Ribeiro Rodrigues Paixão*
*Michel Rodrigues da Silva*
*Nayana Valéria Costa*
*Renato Gomide de Sousa*
*Sandy da Silva Soares*
*Sylluana Ribeiro Corrêa*
*Thamylla Rodrigues Coelho*
*Wagner Nunes Ribeiro*

https://doi.org/10.63756/CegrafUFG.GLO.ebook.978-85-495-1136-2/2025

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**
**(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)**

The global need for plant breeding innovation [livro eletrônico] : livro de resumos / organização Alessandra Gonçalves Ribeiro...[et al.]. -- Goiânia, GO : Cegraf UFG, 2025.
PDF

ISBN 978-85-495-1136-2

1. Agronomia 2. Congressos 3. Inovações tecnológicas 4. Genética 5. Meio ambiente - Conservação 6. Plantas - Biotecnologia I. Ribeiro, Alessandra Gonçalves. II. Alves, Eduardo Almeida. III. Watanabe, Ikio Aline Monteiro. IV. Lopes, Luciana de Sousa. V. Corrêa, Sylluana Ribeiro.

25-271861 CDD-630.023

**Índices para catálogo sistemático:**

1. Agronomia : Congressos 630.023

Eliane de Freitas Leite - Bibliotecária - CRB 8/8415

# SUMÁRIO


1. ANÁLISE COMPARATIVA DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DO TEOR DE FIBRA EM COLMOS DE CANA ..... **8**
2. ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SOJA ATRAVÉS DE CARACTERES DE FLORESCIMENTO EM UBERLÂNDIA-MG ..... **9**
3. ANÁLISE DA ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO AOS COMPRIMENTOS DO PECÍOLO E DA RAQUE DO PRIMEIRO TRIFÓLIO EM UBERLÂNDIA-MG ..... **10**
4. ANÁLISE DESEMPENHO DE ANELAMENTO *IN SILICO* DE *PRIMERS BARCODE* PARA O GENE *RBCL* EM PLANTAS TERRESTRES ..... **11**
5. ANÁLISE DIALÉLICA DE GENITORES DE SOJA NAS GERAÇÕES $F_1$ E $F_2$ QUANTO À PRECOCIDADE E PRODUÇÃO DE GRÃOS EM UBERLÂNDIA-MG ..... **12**
6. ARMAZENAMENTO DE FLORES IMATURAS DE *THEOBROMA CACAO* L. SOB DIFERENTES TEMPOS E TEMPERATURAS PARA USO NA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA ..... **13**
7. AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM CANA-DE-AÇÚCAR COM O MÉTODO WAASB EM MÚLTIPLOS AMBIENTES ..... **14**
8. AVALIAÇÃO DE MEIOS DE CULTURA PARA ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE *GYMNEIA INTERRUPTA* (POHL EX BENTH.) HARLEY & J. F. B. PASTORE ..... **15**
9. CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE GENITORES DE SOJA QUANTO AOS COMPRIMENTOS DE HIPOCÓTILO E EPICÓTILO EM UBERLÂNDIA-MG ..... **16**
10. CURVA DE MATURAÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE CANA-DE-AÇÚCAR ..... **17**
11. DERIVATION OF ENVIROMICS MULTIMARKERS FOR UPLAND RICE AND THE IMPORTANCE OF THEIR COVARIABLES ..... **18**

12. DESCONTAMINAÇÃO DE SEMENTES PARA O ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE *CANNABIS SATIVA* L. ..... **19**
13. DESEMPENHO DE PROGÊNIES DE TOMATE CEREJA ..... **20**
14. DISTRIBUIÇÃO DE EXPERIMENTOS COM DIFERENTES CULTIVARES DE ARROZ IRRIGADO AGRUPADOS POR BIOMAS ..... **21**
15. EFEITO DO TEMPO DE EXPOSIÇÃO EM SOLUÇÕES CRIOPROTETORAS SOBRE A FORMAÇÃO DE CALOS E SOBREVIVÊNCIA DOS PROPÁGULOS DE CACAU ..... **22**
16. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM PROGÊNIES DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO-COMUM DO GRUPO PRETO ..... **23**
17. ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM, DO TIPO PRETO, RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSÁRIO ..... **24**
18. FENOTIPAGEM POR IMAGENS DE RAÍZES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM RESPOSTA À INOCULAÇÃO DE *AZOSPIRILLUM BRASILENSE* COM PACOTE PLIMAN DO *SOFTWARE* R ..... **25**
19. INFLUÊNCIA DE *TRICHODERMA AFROHARZIANUM* NO DESENVOLVIMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR ..... **26**
20. INFLUÊNCIA DE *TRICHODERMA AFROHARZIANUM* NA GERMINAÇÃO DE CORDA-DE-VIOLA (*IPOMOEA PURPUREA*) ..... **27**
21. INFLUÊNCIA DO TIPO DE SOLO NA EMERGÊNCIA DE ACESSOS DE LENTILHAS ..... **28**
22. INTERAÇÃO GXA E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO AOS CARACTERES DA FOLHA UNIFOLIOLADA EM UBERLÂNDIA-MG ..... **29**
23. INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM ENSAIOS FINAIS DO MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR EM GOIÁS ..... **30**
24. INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NAS FASES INICIAIS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO ..... **31**

25. PRÉ-PROCESSAMENTO ESPECTRAL NA OBTENÇÃO DE MODELOS BASEADOS EM NIRS PARA ANÁLISE DO TEOR DE SÓLIDOS SOLÚVEIS EM COLMOS DE CANA-DE-AÇÚCAR ..... **32**
26. SELEÇÃO DE CLONES RESISTENTES DE CANA-DE-AÇÚCAR ÀS FERRUGENS MARROM E ALARANJADA..... **33**
27. UTILIZAÇÃO DE ESPECTROMETRIA DO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA AVALIAÇÃO DE CARACTERES FÍSICO-QUÍMICOS DE COLMOS DE CANA-DE-AÇÚCAR – UMA PROVA DE CONCEITO ..... **34**

# ANÁLISE COMPARATIVA DE MÉTODOS DE ESTIMAÇÃO DO TEOR DE FIBRA EM COLMOS DE CANA

Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado[1]*; Renato Gomide de Sousa[2]; Luciana Sousa Lopes[1]; Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro[2]; Bruna de Mello Florêncio[2]; Alexandre Siqueira Guedes Coelho[3].

[1]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Curso de Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Escola de Agronomia - Universidade Federal de Goiás. *jessicafernadafs@discente.ufg.br.

A estimação do teor de fibra em colmos é parte integrante do processo de avaliação fenotípica dos clones experimentais de cana em programas de melhoramento genético. Esta avaliação é especialmente importante em programas voltados para o desenvolvimento em paralelo de cultivares com aptidão para a produção de açúcar e etanol (cana-de-açúcar) ou com aptidão para a produção de energia por queima direta de biomassa (cana-energia). Neste contexto, a utilização de métodos analíticos precisos para a estimação do teor de fibra é de fundamental importância. Este trabalho foi realizado com o objetivo de comparar diferentes métodos de estimação do teor de fibra em colmos de cana. A amostra utilizada foi constituída por 200 colmos provenientes de um painel de diversidade formado por 500 genótipos, incluindo clones experimentais, variedades tradicionais e cultivares comerciais. Os colmos foram selecionados pelo algoritmo de *Kennard-Stone*, utilizando dados espectrais obtidos na região do infravermelho próximo (NIRS). Os dados espectrais foram obtidos em 125 comprimentos de onda distribuídos entre 908 e 1676 nm. Além da avaliação por NIRS, os colmos foram submetidos à análise para teor de fibra pelos métodos Consecana e de Tanimoto (padrão ouro). Utilizando os dados obtidos pelo método de Tanimoto, um modelo baseado em NIRS foi desenvolvido pelo método de Quadrados Mínimos Parciais (PLS) (modelo NIRS-PLS), utilizando dados espectrais pré-processados, validação cruzada e validação externa. O conjunto de dados de treinamento foi constituído por 75% dos colmos amostrados. Os demais 25% foram utilizados na etapa de validação externa. Os modelos foram avaliados com base nas estimativas obtidas para os seguintes parâmetros: coeficiente de correlação (r), coeficiente de determinação ($r^2$), erro absoluto médio (*MAE*), erro quadrático médio (*MSE*), raiz do erro quadrático médio (*RMSE*) e relação do desvio de previsão (*RDP*). Os resultados obtidos para o modelo Consecana sugerem que este método apresenta uma baixa habilidade de predição ($r^2 = 0{,}13$; $p < 0{,}0001$), erros relativamente altos (*MAE* = 2,72; MSE = 10,3; *RMSE* = 3,22) e capacidade preditiva baixa (*RPD* = 0,71), quando em comparação ao modelo NIR-PLS. O desempenho do modelo NIR-PLS foi notavelmente superior, com habilidade de predição relativamente elevada (r2 = 0,63; p < 0,0001) e erros bem menores (*MAE* = 0,63; MSE = 0,64; *RMSE* = 0,80), sugerindo que este método é mais adequado para a avaliação do teor de fibra em colmos de cana (*RDP* = 1,70). Os resultados obtidos demonstram que a modelagem baseada em NIRS é uma ferramenta eficaz para a estimativa do teor de fibra em colmos de cana, superando o método Consecana. Esses resultados têm implicações práticas importantes, tanto no contexto de programas de melhoramento genético quanto no ambiente operacional das indústrias do setor sucroenergético.

**Palavras-chave:** cana-de-açúcar; espectrometria do infravermelho próximo; Consecana.

**Agradecimento:** Ao MCTIC, ao CNPq, à Usina Jalles Machado S.A., à Ridesa e à UFG.

# ANÁLISE DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE SOJA ATRAVÉS DE CARACTERES DE FLORESCIMENTO EM UBERLÂNDIA-MG

Ana Júlia de Jesus Franco[1]*; Josef Gastl Filho[2]; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki[3]; Matheus Braga de Oliveira[4]; Aparecida de Oliveira Jorge[1]; Ana Paula Oliveira Nogueira[5].

[1]Graduandas em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [2]Doutorando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [3]Docente do Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [4]Mestrando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [5]Docente do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. *anajfran12@ufu.br.

A análise da diversidade genética na cultura da soja desempenha um papel fundamental na identificação de recursos genéticos valiosos para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas, por meio da utilização de parentais divergentes geneticamente entre si. Assim, objetivou-se analisar a divergência genética entre genótipos de soja, a partir dos caracteres de florescimento. O estudo foi conduzido em casa de vegetação na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia-MG, entre junho e outubro de 2023. Foram utilizados os genótipos UFUS7010, UFUS7101, UFUS7201, UFUS8401, UFUS7910, BRS7380RR, BRS7581RR, TMG2381IPRO e TMG4182. Os quatro últimos apresentam resistência multiraças ao nematoide do cisto da soja (*Heterodera glycines*). Foi adotado o delineamento em blocos completos casualizados, com dez repetições. Cada parcela foi composta por 1 vaso de 5L com uma planta cultivada. Os caracteres de florescimento foram obtidos no estádio R1 da escala de Fehr e Caviness. Avaliaram-se número de dias para o florescimento (NDF), altura de planta (APF) e número de nós no florescimento (NNF). Analisaram-se os dados pela distância generalizada de Mahalanobis ($D^2$) como medida de dissimilaridade. Após, foram aplicados os métodos de agrupamento hierárquico de Ligação Média entre Grupo, vizinho mais próximo, vizinho mais distante e método de agrupamento de otimização de Tocher, além da contribuição relativa de caracteres na dissimilaridade pelo método de Singh. O programa estatístico utilizado foi o Genes. A $D^2$ é uma estatística multivariada que, em melhoramento genético, permite inferir sobre a distância genética entre genótipos. A $D^2$ oscilou de 0,168353 entre os genótipos UFUS7010 e BRS7380RR a 30,688915 entre os genótipos UFUS7010 e UFUS7910. Assim, do ponto de vista genético, UFUS7010 e UFUS7910 são mais divergentes e UFUS7010 e BRS7380RR foram mais similares. As análises hierárquicas pelos métodos UPGMA, vizinho mais distante e vizinho mais próximo apresentaram resultados similares, com a formação de três grupos (Grupo 1: UFUS7010; BRS7380RR; UFUS7201; BRS7581RR; UFUS7101; Grupo 2: TMG2381IPRO; TMG4182; UFUS7910; Grupo 3: UFUS8401) com ponto de corte realizado em 35%, 24%, 68%, respectivamente, nos quais ocorreram alta mudança de nível. Pelo método Tocher, foram obtidos três grupos com a mesma constituição anterior. Cruzamentos entre os genótipos UFUS7010 × UFUS8401, BRS7380RR × UFUS8401, UFUS7201 × UFUS8401, BRS7581RR × UFUS8401 e UFUS7101 × UFUS8401, podem resultar na obtenção de híbridos que irão segregar para obtenção de novas linhagens. O caráter de maior influência e mais intensa contribuição para a divergência genética, foi o NDF (57,11%), seguido do APF (27,03%) e NNF (15,87%). As amplitudes médias para NDF foi de 38,0 a 61,0 dias, para APF de 13,0 a 78,5 cm.planta$^{-1}$, e de NNF de 7,0 a 14,0 nós.planta$^{-1}$. Baseado nos resultados, conclui-se que é possível detectar genitores de alto desempenho e que ainda sejam divergentes entre si geneticamente.

**Palavras-chave:** dissimilaridade; *Glycine max* (L.) Merr; variabilidade genética.

**Agradecimento:** Ao CNPq e à Capes.

# ANÁLISE DA ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO AOS COMPRIMENTOS DO PECÍOLO E DA RAQUE DO PRIMEIRO TRIFÓLIO EM UBERLÂNDIA-MG

Matheus Braga de Oliveira[1]*; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki[2]; Josef Gastl Filho[3]; Bruna de Jesus Silva[1]; Aparecida de Oliveira Jorge[4]; Ana Paula Oliveira Nogueira[5].

[1]Mestrandos em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [2]Docente do Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [3]Doutorando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [4]Graduanda em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [5]Docente do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. Uberlândia-MG, Brasil. *matheusaviacao1994agro@ufu.br.

Um dos critérios utilizados para obter o certificado de proteção de cultivares de soja, é a distinguibilidade. Entretanto, a distinguibilidade é um desafio devido à base genética estreita da soja e à limitação dos descritores existentes. Portanto, a identificação de novos descritores e cultivares padrões é essencial para melhorar o processo de certificação. Assim, objetivou-se verificar a estabilidade de genótipos de soja quanto aos caracteres do primeiro trifólio. O estudo foi realizado a campo na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia em Uberlândia-MG entre março à agosto de 2023. Avaliaram-se seis cultivares [BMXDesafioRR (C1); BRS7380RR (C2); BRSGO7560 (C3); TMG1179RR (C4); TMG801 (C5) e UFUS6901 (C6)] e suas 17 progênies [UFUS1, UFUS3, UFUS4, UFUS10 e UFUS15: (C5×C1)×C5-RC1F4; UFUS9 e UFUS13: (C5×C1)×C1-RC1F4; UFUS5 e UFUS11: (C6×C3)×C6-RC1F5; UFUS6 e UFUS12: (C2×C4)×C2-RC1F4; UFUS7 e UFUS8: (C2×C4)×C4-RC1F4; UFUS2 e UFUS17: C2×C4-F5; UFUS14: C5×C1-F5; UFUS 16: (C6×C5)×C5-RC1F5]. Foi adotado o delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi composta por 1 linha com 5 m espaçadas 0,5 m entre si. Os genótipos foram semeados em três épocas com intervalos de 45 dias (31 de março, 15 de maio e 29 de junho de 2023). Foram escolhidas aleatoriamente 3 plantas no estádio fenológico V4 da escala de Fehr e Caviness para a determinação do comprimento do pecíolo do primeiro trifólio (CP1TF): medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção dos dois folíolos laterais do trifólio; comprimento da raque do folíolo central do primeiro trifólio (CRFT): medido a partir da junção dos dois folíolos laterais até a inserção do folíolo terminal. Através do *software* Genes, os dados foram submetidos à análise de variância individual e posteriormente a análise conjunta, utilizando o teste de F, considerando fixo os efeitos de genótipo e ambiente. A análise de estabilidade dos genótipos foi realizada pelo método de Wricke (1965). Verificou-se interação genótipo por época de semeadura ao nível de 5% de significância pelo teste de F, denotando a existência de variabilidade genética, que é um requisito para que um dado caráter seja útil para fins de distinção de genótipos de soja. A análise da estabilidade pelo método de CRFT apresentou uma amplitude de Wi (%) de 0,000453% (UFUS13) à 22,66% (UFUS12), em que os genótipos mais estáveis foram UFUS13 (0,000453%), UFUS2 (0,021%), UFUS6 (0,38%), BRS7380RR (0,58%) e UFUS9 (0,86%), com estimativas menores que 1%. Em relação à CP1TF, a amplitude de Wi (%) verificada foi de 0,61% (UFUS17) à 20,09% (TMG1179RR), sendo que os genótipos mais estáveis foram UFUS17 (0,61%), UFUS3 (0,68%), TMG801 (0,77%) e UFUS4 (0,78%), com estimativas inferiores a 1%. Conclui-se que os genótipos foram responsivos ao ambiente, sendo possível identificar os mais estáveis através de CRFT e CP1TF.

**Palavras-chave:** caracteres vegetativos; *Glycine max*; interação GxA; novos descritores; Plaisted e Peterson.

**Agradecimento:** À Capes, à Fapemig e ao PPGAGRO-UFU.

# ANÁLISE DESEMPENHO DE ANELAMENTO *in silico* DE *primers barcode* PARA O GENE *rbcL* EM PLANTAS TERRESTRES

Leonardo Carlos Jeronimo Corvalán[1]*; Amanda Alves de Melo-Ximenes[1]; Carlos de Melo e Silva-Neto[2]; Mariana Pires de Campos Telles[1,3]; Rhewter Nunes[1,2].

[1]Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás. [2]Instituto Federal de Goiás - Campus de Goiás. [3]Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás. *leonardocorvalan@discente.ufg.br.

DNA *barcode* é uma técnica de identificação taxonômica molecular no qual um pequeno fragmento de DNA é amplificado, sequenciado e comparado com uma base de dados. Um dos gargalos dessa técnica é a escolha dos *primers* que para algumas aplicações idealmente devem ser universais, amplificando uma grande gama de táxons em detrimento de outros. Entretanto, estes *primers* ainda não foram testados *in silico* para verificar seu de anelamento e os táxons preferencialmente amplificados. Entre as plantas terrestres não existe uma única região que pode ser considerada marcador de DNA *barcode*, embora duas regiões do genoma cloroplastidial sejam mais usadas, os genes *rbcL* e *matK*. Com isso, o objetivo foi identificar in silico os *primers* com capacidade de amplificação do gene *rbcL* de uma maior variedade de ordens de plantas terrestres. Para isso, foi realizada uma busca na *Web of Science* por todos os artigos que utilizam *rbcL* e *matK* como marcadores de DNA *barcode*, e posteriormente as sequências dos *primers* foram extraídas manualmente. As sequências utilizadas como referência para análise de anelamento *in silico* foram recuperadas de todos os genomas cloroplastidiais de embriófitos depositadas no banco de dados *RefSeq* do *National Center for Biotechnological information*. A capacidade de anelamento dos *primers* e propriedade físico-químicas foram avaliadas em linguagem R utilizando o pacote "*openPriemeR*". Ao todo foram analisados 1.182 artigos dos quais apenas 647 informam as sequências dos primers. Destes artigos foram extraídos 181 e 185 *primers forward* e reverse diferentes, respectivamente. Entre estes, os *primers forward* mais utilizados foram *rbcL F*, *rbcl-1f, z1* em 287, 136 e 17 artigos. Os *primers* reverse mais utilizados foram *rbcLar*, *rbcL-724R, 1326R* em 155, 146 e 136 artigos. Para as sequências, ao todo foram analisadas 8.665 sequências do gene *rbcL*, pertencente a 8.463 espécies, 2.530 gêneros, 342 famílias e 98 ordens. As ordens Poales (n=726), Aspargales (n=646), Rosales (n=619) apresentaram maior quantidade de sequências. Todas as ordens apresentaram pares de *primers* que amplificaram em ao menos uma sequência. Os *primers forward* e reverse apresentaram em média temperatura de *melting* de 52,28 (SD=4,79) e 54,55°C (SD=4,92) e *primers* que variam 14 a 33 pb. Os *primers forward H1f, rbcL_4_F* e 3R-Parveen-F apresentaram maiores coberturas, com 96,38%, 96,38% e 96,37% das sequências cobertas, amplificadas em 87 ordens diferentes. Os *rbcLF* reverse, *rbcLE reverse* e *rbcL-3-R primers reverse* apresentaram as maiores coberturas, cobrindo 93,81%, 88,20% e 85,21% das sequências alcançando 95, 74 e 90 ordens, respectivamente. As ordens Selaginellales, Calobryales, Schizaeales apresentaram menor cobertura média de *primers* 28,14 (SD=6.41), 30 (SD=NA) e 33,72 (SD=4,92). Neste trabalho, foi possível identificar *primers* capazes de cobrir uma maior variedade de ordens e espécies, bem como os *primers* que potencialmente amplificam cada umas das 98 ordens testadas.

**Palavras-chave:** cobertura; cloroplasto; *openPrimeR*; PCR.

**Agradecimento:** Ao INCT EECBio CNPq e à Fapeg (#202110267000863).

# ANÁLISE DIALÉLICA DE GENITORES DE SOJA NAS GERAÇÕES $F_1$ E $F_2$ QUANTO À PRECOCIDADE E PRODUÇÃO DE GRÃOS EM UBERLÂNDIA-MG

Josef Gastl Filho[1]*; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki[2]; Ana Paula Oliveira Nogueira[3]; Matheus Braga de Oliveira[4]; Ana Júlia de Jesus Franco[5]; Bruna de Jesus Silva[4].

[1]Doutorando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [2]Docente do Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [3]Docente do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. [4]Mestrando(a) em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [5]Graduanda em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. *josef.gastl@ufu.br.

A escolha assertiva de genitores geneticamente superiores é um passo essencial para o sucesso do programa de melhoramento de soja. Nesse sentido, diversas abordagens estão disponíveis para permitir que o melhorista selecione de maneira eficaz os genitores, dentre essas a análise dialélica. Entretanto, é fundamental avaliar o desempenho desses genitores e suas combinações em várias gerações e ambientes. Assim, objetivou-se avaliar as capacidades de combinação e suas interações com ambientes, além de identificar os genitores e suas combinações mais promissoras. O estudo foi realizado em casa de vegetação da Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia-MG pelo período de agosto/2020 a fevereiro/2022. Avaliaram-se cinco genitores (UFUS7010; IAC Foscarin-31; UFUS7101; TMG803 e BRS511) e que foram cruzados em esquema de dialelo balanceado, seguindo método II de Griffing. Os genitores e os dez híbridos $F_1$ foram semeados em abril/2021 e os genitores e dez combinações segregantes F2 em setembro/21. Foi adotado delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições. Cada parcela foi composta de 1 vaso de 5L com uma planta cultivada. Determinaram-se os caracteres de ciclo e produção de grãos por planta (PGP). Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta pelo teste de F ($p<0,05$). Foi aplicada a análise dialélica conjunta pelo método II de Griffing para obtenção da capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC). O programa estatístico utilizado foi o GENES. Não foi verificada interação genótipos por ambientes, entre os genitores por ambientes e combinações por ambientes para todos os caracteres. Constatou-se a existência de variabilidade genética ($p<0,05$) em todos os caracteres pelo teste F. Em relação aos efeitos gênicos, verificou-se o predomínio dos efeitos gênicos aditivos para os caracteres. Em que para o ciclo e PGP a CGC foi significativa ($p<0,05$) e a CEC não ($p>0,05$). Constatou-se para ciclo que os genitores IAC Foscarin-31 (-7,051) e BRS511 (-3,647) apresentaram as estimativas médias superiores de CGC para precocidade que oscilou entre -7,051 a 7,112 (UFUS7101). Em relação à PGP os genitores UFUS7101 (2,763) e TMG803 (3,246) apresentaram as estimativas médias superiores de CGC que oscilou de -3,619 (IAC Foscarin-31) a 3,246. Para ciclo constatou-se que as combinações UFUS7010×IAC Foscarin-31 (-0,923), IAC Foscarin-31×UFUS7101 (-3,233), IAC Foscarin-31×TMG803 (-0,979) apresentaram estimativas médias superiores de CEC para precocidade que oscilou entre -3,233 a 13,48, enquanto para PGP as combinações UFUS7101×TMG803 (11,273) e UFUS7010×BRS511 (4,802) apresentaram estimativas médias superiores de CEC que oscilou entre -4,358 a 11,273. Considerando ciclo e PGP somadas as combinações superiores foram entre UFUS7010×IACFoscarin-31 (Ciclo: -0,923; PGP: 3,868) e IACFoscarin-31×TMG803 (Ciclo: -0,979; PGP: 2,159). Conclui-se que houve o predomínio de efeito gênico aditivo para ciclo e PGP e que o avanço das combinações selecionadas confere maior ganho de seleção em gerações iniciais.

**Palavras-chave:** dialelo; *Glycine max*; hibridação; potencial produtivo; seleção de parentais.

**Agradecimento:** À Capes, à Universidade Federal de Uberlândia (UFU) e ao PPGAGRO/UFU.

# ARMAZENAMENTO DE FLORES IMATURAS DE *Theobroma cacao* L. SOB DIFERENTES TEMPOS E TEMPERATURAS PARA USO NA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA

Iara Pereira Gomes Pedroza[1]*; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso[2]; Gislane Medeiros de Lima[1]; Zanderluce Gomes Luis[2], Jonny Everson Scherwinski-Pereira[3].

[1]Graduanda da Universidade de Brasília. [2]Pós-doutoranda, CNPq/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *iarapedroza2001@gmail.com.

O fornecimento de estaminoides para a indução da embriogênese somática em cacaueiros (*Theobroma cacao* L.) depende da disponibilidade de flores, cuja produção pode ser negativamente influenciada por fatores ambientais, como no caso de períodos de estiagem prolongada. Adicionalmente a isso, por serem coletadas ainda antes da abertura, as flores podem ter que serem coletadas em plantas matrizes longe do local de inoculação, ou então, estarem disponíveis em grande número em um mesmo dia, fatos que podem comprometer o estabelecimento dos estaminóides no mesmo dia da coleta e ocasionar alterações nas respostas durante a indução da embriogênese somática da espécie. Isto posto, o objetivo do trabalho, visando investigar os efeitos do armazenamento das flores imaturas, foi verificar a viabilidade dos estaminóides sob diferentes tempos e temperaturas. Foi realizado um experimento com flores imaturas e ainda não abertas de cacau coletadas de plantas matrizes estabelecidas em campo no estado Pará, Brasil, região em que a produção é constante durante o ano todo. No total, 60 flores da variedade CCN51 foram armazenadas sob diferentes tempos e temperaturas, após a colheita, sendo os tratamentos assim constituídos: T1 - um dia, T2 - uma semana à 4 °C, T2'- uma semana à 25 °C, T3 - duas semanas à 4 °C, T3'- duas semanas à 25 °C e T4 - três semanas à 4 °C. Todos os tratamentos testados foram formados por 10 repetições, correspondentes a 10 flores com 5 estaminoides cada. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado e os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas por teste de Skott-Knott (5% de significância). Uma vez desinfestadas superficialmente as flores imaturas, os estaminoides foram extraídos e inoculados em meio específico de indução de calo (suplementado com 2,4-D e cinetina) e armazenados no escuro. Após 14 dias de cultivo, as taxas de contaminação e de início de formação de calos foram avaliadas. Verificou-se que os estaminóides dos tratamentos T1, T2 e T2' não apresentaram contaminação em meio de cultura e exibiram taxas de formação de calos de 57,5%, 42% e 32%, respectivamente, sem diferenças estatísticas entre si. Já os tratamentos T3, T3' e T4 apresentaram 100% de contaminação, o que inviabilizou a formação de calos. Diante do exposto, conclui-se que o armazenamento de flores imaturas e ainda não abertas para coleta de estaminoides visando o uso para trabalhos de indução da embriogênese somática pode ser feita por até uma semana à 4 °C após a coleta. Esse tempo máximo de armazenamento das flores garante certa flexibilidade no planejamento das inoculações, sem comprometimento da viabilidade dos explantes para o cultivo *in vitro*.

**Palavras-chave:** cacaueiro; estaminoides; contaminação; calos.

**Agradecimentos:** Ao Mapa, ao CNPq e à Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

# AVALIAÇÃO DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM CANA-DE-AÇÚCAR COM O MÉTODO WAASB EM MÚLTIPLOS AMBIENTES

Lais Gabriela Ramos Ferreira[1]*; Laryssa Barbosa de Souza Reis[1]; Michel Rodrigues da Silva[2]; Márcio Lisboa Guedes[3]; Renato de Carvalho Menezes[4]; Bruna Mendes de Oliveira[5].

[1]Mestrandas em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [4]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [5]Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *lais_gabriela@discente.ufg.br.

O estudo da interação genótipos por ambientes desempenha um papel fundamental nos programas de melhoramento, permitindo aprimorar a seleção e recomendação de variedades cultivadas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a interação genótipos por ambientes, utilizando método WAASB (*Weighted Average of Absolute Scores*), nas fases finais do Programa de Melhoramento de Cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (PMGC/Ridesa). O experimento foi conduzido com 14 genótipos em oito ambientes, todos em delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições e com parcelas de quatro linhas de 6,0 m de comprimento, espaçados em 1,5 m. Como variáveis resposta, foram utilizados os caracteres de toneladas de cana por hectare (TCH), açúcar total recuperável (ATR), em kg $t^{-1}$ de cana-de-açúcar e toneladas de açúcar por hectare (TAH), referentes à safra agrícola de 2011/12 no ciclo de cana-planta (primeira colheita). Foi utilizado o método estatístico WAASB, o qual combina a análise de variância com a regressão, para identificar a estabilidade e a performance dos genótipos, para identificar a estabilidade e a performance dos genótipos. Foi observado que houve efeito significativo da interação genótipos por ambientes para TCH e TAH. Para TCH os genótipos que obtiveram maiores estabilidade e produtividade foram RB034041 e RB034125 e o ambiente mais estável foi ES03USF. Para ATR os genótipos mais estáveis com alta produtividade foram RB034041, RB034132, RB867515, RB034045, RB034117 e RB034127 e os ambientes mais estáveis foram ES03UCA, ES03UBV e ES03ETHMV. Para TAH os genótipos mais estáveis foram RB034117 e RB034041 e os ambientes foram ES03UCA e ES03UFS. Quando feita avaliação simultânea para os três caracteres, os genótipos selecionados foram RB034041, RB034117, RB034045 e RB034111. O método WAASB demonstrou ser eficaz na identificação de genótipos com estabilidade e maior produtividade para diferentes caracteres. Além disso, possibilitou a seleção dos melhores genótipos simultaneamente em relação às três variáveis estudadas. Essas aplicações contribuem não apenas para o desenvolvimento de culturas resilientes em condições adversas, mas também para a adaptação de variedades de plantas em diferentes regiões geográficas e climáticas, promovendo maior segurança alimentar.

**Palavras-chave:** melhoramento de plantas; *Saccharum* spp.; seleção.

# AVALIAÇÃO DE MEIOS DE CULTURA PARA ESTABELECIMENTO *in vitro* DE *Gymneia interrupta* (POHL EX BENTH.) HARLEY & J. F. B. PASTORE

Karina Eliane Quege[1]*; Maria Tereza Faria[2]; Sergio Tadeu Sibov[3].

[1]Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Coorientadora. Universidade Federal de Goiás. [3]Orientador. Universidade Federal de Goiás. *karinaquege@discente.ufg.br.

A *Gymneia interrupta* é uma espécie nativa e endêmica do Brasil, com distribuição restrita aos domínios Amazônia e Cerrado. Conhecida popularmente como "malva-do-cerrado", seu uso etnobotânico tem despertado o interesse da comunidade científica para a investigação das atividades bioativas e farmacológicas. Entretanto, por se tratar de uma espécie com distribuição restrita, vem sofrendo intensa pressão nas suas populações naturais devido ao desmatamento, a fragmentação de habitas e urbanização, principalmente em áreas abertas dos cerrados, o que a torna vulnerável. Neste contexto, faz-se necessários estudos de propagação e conservação da espécie. Uma estratégia bem-sucedida para a preservação de espécies vegetais é a cultura de tecidos. Por meio de diversas técnicas *in vitro*, proporciona grande quantidade de mudas, com qualidade fitossanitária, além de evitar o extrativismo. A escolha do meio de cultura é um dos fatores que determina o sucesso ou não da técnica. O objetivo do presente trabalho foi avaliar diferentes meios de cultura para o estabelecimento *in vitro* de *G. interrupta*. Para o teste de meios seguiu-se os procedimentos: plântulas oriundas da germinação *in vitro*, foram distribuídas em quatro meios de cultura diferentes: M1 (controle): Gellex® (agente gelificante) + água + 10 ml de solução de sulfato de magnésio a 0,15 M; M2: Gellex® + meio MS (Murashigue & Skoog) com metade das concentrações de macronutrientes (MS½); M3: Gellex® + meio MS completo e M4: Gellex® + meio WPM (Woody Plant Medium). Todos os meios foram suplementados com 1,0 mL $L^{-1}$ de Plant Preservative Mixture (PPM™). Foram utilizados 40 frascos com 50 mL de meio por tratamento, totalizando 160 unidades experimentais. Caracteres avaliados: altura das plantas e número de folhas durante o período de quatro semanas. Os dados foram submetidos à Análise de Variância (Anova) e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott ($\alpha = 0,05$). Conforme as análises estatísticas não houve diferença significativa entre os tratamentos (MS ½, MS e WPM) quando comparado o número de folhas e altura com o controle. Diante desses resultados, pode-se inferir que a diferença na concentração ou composição de macro ou micronutrientes entre os meios de cultura testados não afetam desenvolvimento *in vitro* de *G. interrupta*.

**Palavras-chave:** micropropagação; Cerrado; "malva-do-cerrado"; plantas medicinais.

**Agradecimentos:** À Fapeg, ao PPGGMP e ao labCulTive.

.

# CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE GENITORES DE SOJA QUANTO AOS COMPRIMENTOS DE HIPOCÓTILO E EPICÓTILO EM UBERLÂNDIA-MG

Bruna de Jesus Silva[1]*; Josef Gastl Filho[2]; Matheus Braga de Oliveira[1]; Michelle Souza Santos[3]; Ana Paula Oliveira Nogueira[4]; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki[5].

[1]Mestrandos em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [2]Doutorando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [3]Mestranda em Genética e Bioquímica. Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. [4]Docente do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. [5]Docente do Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. *brunajs@outlook.com.br.

Os comprimentos do hipocótilo (CH) e epicótilo (CE) têm se destacado como potenciais descritores na diferenciação de cultivares de soja. Além disso, são frequentemente utilizados em estudos que investigam a diversidade genética, com o objetivo de selecionar parentais geneticamente divergentes entre si. Outro método empregado na seleção de genitores é a análise dialélica, que, até o momento, não foi aplicada a esses caracteres. A análise dialélica possibilita uma melhor compreensão do tipo de ação gênica envolvida na herança desses caracteres, bem como permite avaliar os parentais mais e menos promissores. Assim, objetivou-se identificar os efeitos genéticos, genitores e híbridos $F_1$ de soja mais promissores quanto aos CH e CE. O experimento foi conduzido em casa de vegetação do Programa de Melhoramento de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia em Uberlândia, MG. Os genitores TMG7161RR; TMG7363RR; NA7337RR e BRS511 foram cruzados em esquema de dialelo balanceado com genitores, sem recíprocos $F_1$, pelo método 2 de *Griffing* entre agosto/21 e março/22. Em abril/22, os genitores e seus seis híbridos $F_1$ foram semeados em delineamento em blocos completos casualizados com seis repetições. Cada parcela foi composta por um vaso de 5 dm³ com uma planta cultivada. Determinaram-se CH: medido da superfície do solo até o nó cotiledonar e CE: medido a partir do nó cotiledonar até os nós das folhas unifolioladas no estádio V4. Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F ($p<0,05$) e foram obtidas as estimativas de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação pelo *software* GENES. Foi verificada a variabilidade genética entre os genótipos para CH e CE. Constatou-se predomínio de efeitos gênicos aditivos para o caráter CH. Contudo, para CE, foi observado o predomínio de efeitos não aditivos. Tanto CH (50,78%) quanto CE (77,00%) apresentaram herdabilidade superior a 50%, um indicativo de que a maior parte do fenótipo foi determinado pelo genótipo, favorecendo uma seleção mais assertiva. Os genitores TMG7363RR (0,45) e NA7337RR (0,48) foram identificados como mais promissores para aumento de CH com base na CGC, em detrimento dos genitores TMG7161RR (-0,55) e BRS511 (-0,37). Os genitores TMG7363RR (0,80) e NA7337RR (0,53) também propiciaram aumento de CE, em detrimento de TMG7161RR (-1,15) e BRS511 (-0,18). Quanto à CEC, das seis combinações híbridas, destacaram-se TMG7161RR × NA7337RR (CH: 0,39; CE: -0,18) e a TMG7363RR × BRS 511 (CH: 0,38; CE: -0,67), as quais apresentaram pelo menos um parental com alta CGC. Conclui-se que os efeitos gênicos aditivos obtidos para CH resultam em maiores ganhos de seleção nas gerações iniciais, enquanto os efeitos gênicos não aditivos para CE indicam uma seleção mais eficaz em gerações posteriores. Além disso, os genitores TMG7363RR e NA7337RR contribuem para a obtenção de híbridos com maior CH.

**Palavras-chave:** caracteres vegetativos; *Glycine max*; seleção de parentais.

**Agradecimento:** À Capes, à Fapemig e ao PPGAGRO-UFU.

# CURVA DE MATURAÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE CANA-DE-AÇÚCAR

Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro[1]*; Michel Rodrigues da Silva[1]; Luciana de Sousa Lopes[2]; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado[2]; Renato de Carvalho Menezes[3]; Bruna Mendes de Oliveira[4].

[1]Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Doutorandas em Genética e Melhoramento de plantas. Universidade Federal de Goiás. [3]Pesquisador do Programa de Melhoramento Genético em Cana-de-Açúcar, da Universidade Federal de Goiás. Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético. [4]Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil. *marianapablinny@discente.ufg.br.

Em programas de melhoramento da cana-de-açúcar, surge a necessidade de quantificar as respostas da cana-de açúcar em relação a diferentes meses para fins de planejamento. Isto ocorre devido a maturação ser afetada diretamente, em razão das diferenças de manejo e condições ambientais. A previsão da curva do acúmulo de sacarose nos colmos, é uma estratégia que objetiva realizar estimativas de rendimento ao decorrer da safra, visando o estabelecimento de alternativas de manejo e assim aumentando a eficiência do gerenciamento de decisões. Em relação à safra da cultura, em Goiás, predomina-se o período entre os meses abril a novembro, contudo, cada genótipo de cana-de-açúcar possui uma época ideal para a colheita durante a safra. Alguns materiais ficam maduros precocemente (abril, maio e junho), outros em um período médio (julho, agosto e setembro) e ainda têm aqueles que ficam maduros no final da safra (outubro e novembro). Sendo assim, o objetivo do trabalho foi identificar as curvas e os picos de maturação de 13 genótipos elite de cana-de-açúcar (RB124018, RB074145, RB114859, RB114864, RB124025, RB114871, RB114876, RB074138, RB074140, RB074142, RB114877, RB124020, RB074140) do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético da Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG), no estado de Goiás, mais duas testemunhas para comparação: RB867515 (ciclo tardio), CTC4 (ciclo médio). O experimento foi conduzido na área experimental da Escola de Agronomia, na UFG. Foram coletados dados extraídos em etapas à campo e em laboratório, responsáveis por evidenciar a evolução do Açúcar Total Recuperável (ATR), que é um indicador que representa a qualidade da cana, ou seja, a capacidade da cana-de-açúcar de ser transformada em açúcar ou álcool e que consequentemente orienta nos cruzamentos do programa de melhoramento, na divisão da fase de experimentação por ciclos de maturação e no posicionamento dos genótipos nas lavouras comerciais. Para a coleta dos dados, foram coletados aleatoriamente três colmos de cada genótipo, submeteu as amostras à trituração para obter homogeneidade do material, em seguida prensou-as extraindo então o caldo e o bolo úmido que são informações necessárias para obter o teor da fibra, na qual usa-se para encontrar o valor POL (teor de sacarose aparente na cana-de-açúcar) e em razão da fórmula do consecana mensurar o ATR (Kg/Ton). As amostras foram coletadas a cada 30 dias, nas últimas semanas dos meses, de abril a setembro de 2023. Nas análises estabeleceu-se as curvas de maturação por meio da regressão polinomial de segunda ordem e observou-se que os genótipos RB124018, RB124020 e RB114868 possuem aptidão e produtividade média superior, comparado aos demais, para colheita em ciclos de maturação média; RB114859 e RB114877 foram classificados como maturação tardia.

**Palavras-chave:** ATR; *Saccharum* spp.; melhoramento genético; maturação.

**Agradecimento:** À Ridesa-UFG.

# DERIVATION OF ENVIROMICS MULTIMARKERS FOR UPLAND RICE AND THE IMPORTANCE OF THEIR COVARIABLES

Marco Antônio Marcelino Bahia[1]*; Gustavo Eduardo Marcatti[2]; Flávio Breseghello[3]; Rafael Tassinari Resende[1].

[1]Precision Breeding Laboratory (LaMP), Plant Breeding Sector, Federal University of Goiás (UFG), Agronomy School. [2]Department of Forestry Engineering, Federal University of São João del Rei (UFSJ). [3]Embrapa Rice and Beans. *mrbahia@discente.ufg.br.

Rice (*Oryza sativa* L.) is one of the staple foods in the Brazilian diet, and therefore, its cultivation and productive independence are strategically essential for ensuring the population's food security. Within rice farming, selecting the appropriate genotype for planting is the factor that most strongly impacts the outcome of the endeavor. In order to support this decision-making process, *enviromics* has been applied with the objective of selecting genotypes with higher productive potential for specific areas of interest. The aim of this study was to generate and analyze the contribution of enviromic markers to the total upland rice production data in Brazilian territory. The experimental data were provided by Embrapa Rice and Beans and involved the evaluation of 2,119 rice genotypes in 187 municipalities or localities across the country, spanning the period from 1982 to 2018. For the generation of enviromic markers, data from the SoilGrids, WorldClim, and Nasa Power platforms were used, resulting in a total of 393 environmental covariates collected. The generation of enviromic markers was performed using the Monte Carlo method, with 10,000 iterations and always considering the presence of the 187 municipalities where the Embrapa experiments were conducted. The Random Forest package and the IncMSE method were used to evaluate the importance of each covariate for the model applied throughout the Brazilian territory. The top-ranked covariates were the coefficient of variation for seasonal precipitation, the percentage of coarse fragments in the 30-60 cm soil layer, and the density of organic carbon in the 5-15 cm layer. Together, these covariates were the most important in the environmental index in 98.81% of cases, with the precipitation-related covariate considered the most important for the environment in 84.35% of cases. Although *enviromics* does not aim to explain the effect of environmental covariates on the study object, it is interesting to observe the clear relationship between precipitation rates and their variables related to crop productivity. Additionally, the percentage of coarse fragments can reduce soil drainage capacity and create a compacted layer that hinders root growth and penetration. Organic carbon density, on the other hand, plays an important role in providing water and other nutrients to the plant and contributes to the maintenance of microbial activity. Given the vast size of the Brazilian territory and the intricate demands for constructing an *envirome*, it is crucial to prioritize obtaining the highest quantity and diversity of environmental data for a more comprehensive characterization of the environment. We observed the presence of covariates from all three repositories analyzed in the covariate importance ranking, emphasizing the ongoing need to maintain a robust and up-to-date database for environmental variables.

**Keywords:** remote sensing; precision breeding; geoinformatics; rice cultivation.

**Acknowledgements:** To Capes and to Fapeg.

# DESCONTAMINAÇÃO DE SEMENTES PARA O ESTABELECIMENTO *in vitro* DE *Cannabis sativa* L.

Thamylla Rodrigues Coelho[1]*; Camila Barros Ataides[2]; Renato Gomide de Sousa[3]; Pedro de Castro Machado[4]; Sérgio Tadeu Sibov[5].

[1]Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Graduanda em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [4]Graduando em Biologia. Universidade Federal de Goiás. [5]Professor do Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Goiás. *thamylla@discente.ufg.br.

No processo de melhoramento genético da *Cannabis sativa* L., a germinação de sementes em condições assépticas garantiria tanto o estabelecimento *in vitro* da planta quanto a manutenção da variabilidade genética. A exposição de material vegetal às soluções desinfetantes deve ser feita com cuidado para evitar a deterioração excessiva dos tecidos durante o processo. O objetivo do trabalho foi verificar o comportamento de sementes de *C. sativa* em relação ao tempo de exposição ao hipoclorito de sódio (NaOCl) em substratos distintos. As sementes foram fornecidas pela Associação Curando Ivo, de Goiânia-GO, e ficaram armazenadas pelo período de dois anos no escuro à 5°C. O ensaio foi realizado no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais – labCulTive / EA / UFG. O protocolo de desinfecção consistiu em lavagem de 100 sementes em solução de detergente neutro e agitação manual por 15 min, com enxague em água corrente por 10 min e imersão em álcool 70% por 1 min. Na sequência, e em câmara de fluxo laminar, as sementes foram imersas em solução de NaOCl comercial, com 2,0% de cloro ativo. Cinco tratamentos, com 20 sementes cada, foram avaliados variando o tempo de exposição ao NaOCl: 10, 15, 20, 25 e 30 min. Após os tratamentos de descontaminação, as sementes foram posicionadas em placas de Petri e divididas, por substrato, em dois grupos: (1) 10 sementes, sendo 1 semente/placa, em duas camadas de papel de germinação umedecido com água destilada e autoclavada ou (2) 10 sementes, sendo 1 semente/placa, em areia fina. Todas as placas foram anteriormente autoclavados a 120°C, com pressão de 1 atm., por 20 min. As placas de Petri permaneceram em Sala de Crescimento no escuro e com temperatura de 25ºC +/- 1ºC. O papel de germinação e a areia foram mantidos sempre úmidos com água destilada. Avaliações diárias foram realizadas verificando: o número de sementes contaminadas e número de sementes com protrusão radicular, que são consideradas germinadas e que foram retiradas da placa. Os dados obtidos foram avaliados via *software* RStudio para análise estatística com algoritmos de Regressão Logística (dados binários) ao nível de significância de 5%. Os resultados indicaram que não há interação entre o tempo de exposição ao NaOCl e o tipo de substrato areia ou papel de germinação. O melhor tempo de exposição ao NaOCl foi o de 30 min, com apenas 3 sementes contaminadas e 13 sementes germinadas. Todas as plântulas obtidas foram utilizadas para o estabelecimento *in vitro* de *C. sativa*. Dessa forma, os resultados sugerem 30 min como tempo de exposição indicado para desinfestação de sementes e que ambos os substratos testados podem ser utilizados no estabelecimento *in vitro* de *C. sativa*.

**Palavras-chave:** maconha; micropropagação; cultura de tecidos; germinação.

**Agradecimentos:** À Capes e à Associação Curando Ivo.

# DESEMPENHO DE PROGÊNIES DE TOMATE CEREJA

Marília Ribeiro Rodrigues Paixão[1]*; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado[1]; Flávio Pereira dos Santos[2]; Abadia dos Reis Nascimento[3]; Luís Carlos Cunha Junior[3]; Patrícia Guimarães Santos Melo[4].

[1]Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Pós Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [3]Professores na Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [4]Orientadora. Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *mariliaagroufg2013@discente.ufg.br.

O tomateiro se destaca como uma das principais hortaliças cultivadas e o grupo cereja (*Solanum lycopersicum* L. var. cerasiforme) para mesa tem recebido grande atenção. Devido à crescente demanda do consumo *in natura*, ampla aceitação do consumidor, alto valor agregado, palatabilidade, e potencial ornamental, é importante que novas cultivares sejam desenvolvidas para aumentar a competitividade desta cultura no sistema produtivo. O objetivo foi estimar parâmetros genéticos para caracteres de produtividade e pós-colheita e selecionar progênies de tomate cereja. O programa de melhoramento para a cultura está sendo desenvolvido na Escola de Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, Campus Samambaia em Goiânia. As progênies estão na F5:6. Foram avaliadas 25 progênies, em delineamento de blocos ao acaso, três repetições e parcelas com seis plantas. Os caracteres avaliados foram número e massa de frutos, luminosidade, croma, hue, cor "a", cor 'b", firmeza, sólidos solúveis e acidez total. As estimativas de parâmetros genéticos foram feitas no programa estatístico Genes. Foi encontrada variabilidade significativa para os caracteres número de frutos, croma, ºhue, cor "a" e sólidos solúveis, pelo teste F, à 5% de probabilidade, o que evidencia a possibilidade de seleção. Os maiores valores de herdabilidade e da razão entre coeficientes de variação genético e ambiental foram obtidos para número de frutos (77,76%), sólidos solúveis (77,01%) e cor (ângulo "a") (71,03%). Levando em consideração todos os caracteres avaliados, as progênies de tomate cereja do grupo fratelino, *tomel* e *sweet haven* apresentaram bom desempenho. As estimativas de parâmetros genéticos obtidas permitem sucesso na seleção e o avanço de alguns grupos de tomate cereja no programa de melhoramento.

**Palavras-chave:** melhoramento de tomate; parâmetros genéticos; *Solanum lycopersicum* var. cerasiforme.

**Agradecimentos:** À Capes, à Fapeg e à UFG.

# DISTRIBUIÇÃO DE EXPERIMENTOS COM DIFERENTES CULTIVARES DE ARROZ IRRIGADO AGRUPADOS POR BIOMAS

Bruno Achcar Trevisan[1]*; Marco Antônio Marcelino Bahia[2]; Claudio Brondani[3]; Flávio Breseghello[3]; Rafael Tassinari Resende[4].

[1]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [3]Pesquisadores da Embrapa Arroz e Feijão. [4]Professor da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *trevisan23@discente.ufg.br.

O melhoramento genético é a peça-chave para atingir incrementos na produtividade do arroz. A busca por estratégias agrícolas que se adaptem às especificidades ambientais tem conduzido investigações que buscam ir além do que já é tradicional nas pesquisas agronômicas. O objetivo deste trabalho foi compreender as variações no desempenho das cultivares em diferentes contextos ambientais, explorando a influência dos biomas na produção do arroz em sistemas irrigados. Os dados abordam regiões representativas, sendo estas os biomas Amazônico, Cerrado, Mata Atlântica, Caatinga, Pampa e Pantanal. A análise comparativa das cultivares revela padrões de adaptação e produtividade distintos em cada bioma, oferecendo informações para a escolha de variedades adaptadas às características ambientais específicas. Foram empregados um total de 2605 genótipos no presente estudo e foi utilizada uma abordagem de modelos mistos, com estrutura de variância-covariância genética entre os biomas, com a finalidade de predizer BLUP's de todos os genótipos para todos os biomas. O bioma com maior número de genótipos foi o Cerrado, com 1645, enquanto a menor quantidade foi no Pantanal, com apenas 20. Os biomas Cerrado e Mata Atlântica compartilham 1142 genótipos, o maior número registrado; sendo que apenas três genótipos estavam presentes em todos os biomas. O maior número de genótipos exclusivos para um bioma específico foi no Pampa, com o total de 415 cultivares, e o menor número foi no Pantanal. Com o intuito de realizar uma comparação imparcial e equitativa da produtividade média potencial em cada bioma, foram selecionados apenas os 20% dos genótipos com melhor desempenho em cada contexto, com base no índice de dominância de Weise. O maior número de localidades testadas por bioma foi de 30 (Mata Atlântica), já o menor foi de apenas uma (Pantanal). O bioma que alcançou a maior média de produtividade, em quilogramas por hectare por ano, nos experimentos observados foi o Pampa, com uma produção de aproximadamente 10.227 kg/ha.ano, seguido pela Amazônia, que obteve uma produtividade de 8.697. A Caatinga apresentou uma média de 8.454, o Cerrado registrou 7.597, a Mata Atlântica alcançou 7.461, e a menor média foi registrada no Pantanal, com aproximadamente 6.914. Em termos de correlação genética, os maiores valores foram entre os biomas Cerrado, Mata Atlântica e Amazônia, sendo as correlações entre 0,77 a 0,63. Isto é, o desempenho dos genótipos tende a ter maior semelhança entre esses três biomas, portanto, menor interação entre genótipos e biomas. Em suma, os resultados indicam que a produtividade do arroz varia significativamente entre os biomas, destacando a importância da adaptação das cultivares a condições específicas. Percebe-se então a necessidade de adotar estratégias de melhoramento genético direcionadas e local-específicas, visando otimizar a produção.

**Palavras-chave***:* melhoramento de arroz; biomas; distribuição; ambientômica.

**Agradecimento:** Ao CNPq.

# EFEITO DO TEMPO DE EXPOSIÇÃO EM SOLUÇÕES CRIOPROTETORAS SOBRE A FORMAÇÃO DE CALOS E SOBREVIVÊNCIA DOS PROPÁGULOS DE CACAU

Mila Cristine Almeida dos Santos[1]*; Iara Pereira Gomes Pedroza[2]; Inaê Mariê Araújo Silva-Cardoso[3]; Frederico Henrique da Silva Costa[4]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[5].

[1]Mestranda em Botânica. Universidade de Brasília. [2]Graduanda em Engenharia Florestal. Universidade de Brasília. [3]Pós-doutoranda CNPq/EMBRAPA. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [4]Pós-doutorando Embrapa. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [5]Pesquisador. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *milacristine2626@gmail.com.

Programas de melhoramento genético de cacau (*Theobroma cacao* L.) têm buscado desenvolver genótipos que garantam maior produtividade e tolerância a estresses. O melhoramento genético é dependente de variabilidade genética disponível em programas de conservação *in situ* e *ex situ*. Dentre as técnicas de conservação *ex situ*, a criopreservação se destaca por poder manter cópias seguras de germoplasma conservados por longos períodos de tempo. No entanto, ainda são incipientes os resultados na área. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de substâncias osmoprotetoras sobre a capacidade de sobrevivência e formação de calos em estaminoides de diferentes genótipos de cacau, visando o desenvolvimento de um protocolo de criopreservação para a espécie. Inicialmente, estaminoides foram avaliados quanto à capacidade de desidratação, em meio com diferentes concentrações de sacarose (0,3; 0,4 e 0,5 M) por até 96 horas. A partir do melhor resultado dessa etapa, os estaminoides foram imersos em *Loading Solution* (LS) por 0, 10, 20, 30, 40, 50, 60 e 120 min e, então, inoculados no meio de indução de calos. Por fim, a partir dos melhores resultados obtidos nos experimentos anteriores, testou-se o efeito da imersão de estaminoides em solução de criopreservação *Plant Vitrification Solution 2* (PVS2), por diferentes tempos (20, 40 e 60 min.). Em todos os experimentos adotou-se o delineamento inteiramente casualizado, com pelo menos quinze unidades experimentais por tratamento. Ao final dos experimentos, os explantes foram avaliados quanto à sobrevivência e taxas de formação de calos. De modo geral, verificou-se que a dessecação de estaminoides por 48 h em 0,3 M de sacarose apresentou 93,3% de formação de calos, sendo o tratamento utilizado para a montagem dos experimentos subsequentes. No segundo experimento, observou-se que a imersão dos estaminoides por 20 minutos em LS apresentou taxas de formação de calos entre 66,6 e 100% entre os genótipos testados. Por fim, verificou-se taxas de formação de calos de 14%, 37% e 58,5% para os tratamentos onde os estaminoides foram imersos em PVS2 por 20, 40 e 60 min, respectivamente. Conclui-se que a dessecação de estaminoides em 0,3 M de sacarose por 48 h, seguida da imersão deles por 20 min em LS, e por 60 min em PVS, podem ser aplicadas com etapas iniciais de preparo dos materiais visando o desenvolvimento de um protocolo de criopreservação de estaminoides de cacaueiros.

**Palavras-chave:** criopreservação; *loading solution*; genótipos.

**Agradecimento:** Ao Mapa, ao CNPq e à Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

# ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS EM PROGÊNIES DE SELEÇÃO RECORRENTE DE FEIJÃO-COMUM DO GRUPO PRETO

Eduardo Almeida Alves[1]*; Helton Santos Pereira[2]; Leonardo Cunha Melo[2]; Patrícia Guimarães Santos Melo[3].

[1]Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas. Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão. [3]Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas. Professora da Universidade Federal de Goiás. *eduardoalmeidaalves10@gmail.com.

O incremento em produtividade segue como o principal objetivo dos programas de melhoramento. Em razão da natureza poligênica da produtividade de grãos, os métodos convencionais de condução de populações segregantes não propiciam adequada recombinação das combinações obtidas. Ademais, os genótipos desenvolvidos devem evidenciar associação de produtividade e qualidade de grãos para eficiente adoção após o lançamento. A seleção recorrente, como método de melhoramento de populações, é a melhor estratégia para caracteres quantitativos, promovendo sucessivos ganhos genéticos em virtude do acúmulo de alelos favoráveis. O objetivo deste trabalho foi avaliar progênies de feijão-comum e estimar parâmetros genéticos para produtividade e qualidade comercial de grãos. Foram avaliadas progênies do terceiro ciclo de seleção de uma população obtida do cruzamento de 16 genitores (A525, A806, LM95204101, A797, A429, AN9022180, VAX1, IAPAR14, Aporé, A774, ARC1, MAN48, Pérola, BRS Esplendor, BRS Esteio e BRS FP403) de grãos preto. A partir de 500 progênies avançadas nas gerações $S_{0:1}$, $S_{0:2}$ e $S_{0:3}$, foram selecionadas 35 progênies. As 35 progênies $S_{0:4}$ e quatro testemunhas foram avaliadas em experimento conduzido em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de três linhas de três metros. Foi mensurado a produtividade (PROD) (kg $ha^{-1}$), rendimento de peneira (RP) (%) e massa de 100 grãos (M100) (g). Realizou-se análise de variância e estimação de parâmetros genéticos. As médias para PROD, RP e M100 foram, nesta ordem, de 3148 kg $ha^{-1}$, 77,91% e 21,90 gramas. Houve efeito significativo para todos os caracteres, evidenciando variabilidade genética. A herdabilidade foi de magnitude média para PROD, com 41,64%, e valores elevados para RP e M100, com 91,55% e 90,19%, respectivamente, resultados que predizem o sucesso com a seleção. O ganho esperado com a seleção, para cada caráter, foi de 5,88%, 7,64% e 4,70% para PROD, RP e M100, respectivamente. Para composição do próximo ciclo de recombinação dez progênies foram selecionadas considerando todos os caracteres concomitantemente, com ganhos simultâneos com a seleção de 5,35%, 2,44% e 2,12%, nesta ordem, para PROD, RP e M100. As dez progênies superiores foram selecionadas para desenvolver linhagens elites e serão recombinadas para comporem o próximo ciclo de seleção recorrente.

**Palavras-chave***:* *Phaseolus vulgaris* L.; progresso genético; rendimento de peneira; massa de 100 grãos.

**Agradecimento:** À Capes e ao CNPq.

# ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-COMUM, DO TIPO PRETO, RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSÁRIO

Angelina Harmyans Ciappina[1]*; Alisson Neves Harmyans Moreira[2]; Helton Santos Pereira[3].

[1]Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Docente do curso de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Pesquisador. Embrapa Arroz e Feijão. Santo Antônio de Goiás. *angelinaciappina@gmail.com.

A produção de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pode sofrer grandes prejuízos quando há a ocorrência de murcha-de-fusário, uma doença de solo causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*. Esse patógeno possui ampla variabilidade, o que dificulta o desenvolvimento de métodos de controle duradouros. Dentre as opções de manejo, o uso de cultivares resistentes é a forma mais eficiente, e economicamente acessível, para controlar esta doença. Contudo, o desenvolvimento contínuo de cultivares, que acompanhem a evolução da variabilidade patogênica, é fundamental para o sucesso do método. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e selecionar linhagens de feijão-comum, do tipo preto, resistentes à murcha-de-fusário. Foram conduzidos dois experimentos durante a safra de inverno de 2021 em blocos casualizados com parcelas de três linhas de três metros, em área com alta infestação do patógeno localizada em Santo Antônio de Goiás/GO. Foram avaliadas 44 linhagens oriundas de uma população segregante obtida a partir de cruzamentos de BRS Esplendor (Resistente) com BRS Esteio (Suscetível) juntamente com 12 testemunhas. A reação à murcha-de-fusário foi obtida em escala de notas variando de um, plantas sem indícios de infecção, a nove, plantas altamente infectadas. Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas. Em seguida foram estimadas as herdabilidades e os ganhos esperados com a seleção (GS%), com intensidade de 25%. Observou-se diferenças significativas entre os tratamentos tanto nas análises individuais quanto na conjunta. A herdabilidade, obtida na análise conjunta, foi de 97,30%, demonstrando que há grande possibilidade de sucesso com a seleção. O ganho alcançado na seleção de 11 linhagens superiores para reação à murcha-de-fusário foi de 57,16%, sendo que a nota média geral do experimento foi de 4,80 e a média das linhagens selecionadas foi de 1,98, indicando uma considerável melhora dos genótipos referente a resistência à murcha-de-fusário.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; *Fusarium oxysporum* f. sp. *Phaseoli*; ganho de seleção; herdabilidade.

**Agradecimento:** À Capes.

# FENOTIPAGEM POR IMAGENS DE RAÍZES DE CANA-DE-AÇÚCAR EM RESPOSTA À INOCULAÇÃO DE *Azospirillum brasilense* COM PACOTE PLIMAN DO *software* R

Luciana de Sousa Lopes[1]*; Renato de Carvalho Menezes[1]; Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro[2]; Miriam Suzane Vidotti[3]; Bruna Mendes de Oliveira[3]; Alexandre Siqueira Guedes Coelho[3].

[1]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (Doutorado). Universidade Federal de Goiás. [2]Curso de graduação em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *lucianalopes@discente.ufg.br.

A inoculação com *Azospirillum brasilense* em cana-de-açúcar tem sido cada vez mais valorizada, em vista dos benefícios que pode trazer à cultura, como a fixação biológica do nitrogênio e as alterações no tamanho e morfologia de raízes. Neste contexto, a caracterização fenotípica de raízes com a maioria dos *softwares* disponíveis ainda é uma tarefa complexa e demorada, sendo necessários estudos que possam tornar esse processo mais prático e eficiente. O objetivo deste estudo foi avaliar um sistema de fenotipagem por imagens de raízes de cana-de-açúcar em resposta à inoculação com *Azospirillum brasilense* com auxílio do pacote *pliman* do *software* R. O experimento foi conduzido em casa de vegetação utilizando-se o delineamento de blocos casualizados em esquema fatorial 20 x 2, com 3 repetições, incluindo 20 genótipos de cana-de-açúcar e duas condições de inoculação (controle e inoculante Azokop contendo as cepas Ab-V5 e Ab-V6 de *Azospirillum brasilense*). Após 20 dias da brotação, as raízes foram extraídas, limpas e as imagens capturadas por meio de um suporte telescópico equipado com um telefone celular (câmera com resolução de 48 megapixels). As imagens foram obtidas utilizando-se um fundo azul e uma área de referência de 19 centímetros quadrados. O *script* de utilização do pacote *pliman* foi construído com base na função *analyze_objects*, utilizando-se um total de 18 argumentos. O efeito de diferentes valores de *tolerance* foram investigados, tendo sido o valor de 0.02 identificado como o que proporcionou os menores erros na análise. Valores fenotípicos foram obtidos para as variáveis: área, comprimento e diâmetro médio radicular, os quais foram submetidos à Análise de Variância seguida do teste de Tukey a 5% de significância, quando necessário. Houve diferença significativa entre os genótipos para todas as variáveis analisadas ($p<0,05$), o que indica presença de variabilidade genética. Apesar dos resultados favoráveis obtidos, é necessário conduzir testes suplementares de validação com outros *softwares*, a fim de se assegurar a robustez e confiabilidade das análises realizadas. A avaliação rápida de centenas de imagens poderá facilitar a realização de estudos voltados para a compreensão das relações entre genótipos e fenótipos de raízes, representando assim uma contribuição substancial para o avanço da pesquisa nesta área.

**Palavras-chave:** bactérias diazotróficas; fenotipagem radicular; *Saccharum* spp.

**Agradecimentos:** À UFG, à Ridesa-UFG e à Capes.

# INFLUÊNCIA DE *Trichoderma afroharzianum* NO DESENVOLVIMENTO DA CANA-DE-AÇÚCAR

Moisés Rodrigues Silva[1]*; Emilly Ferreira Braga Rios[1]; Mariana Pablinny Oliveira Pinheiro[1]; Iury Canedo Anabuki[1]; Eder Marques[2]; Marcos Gomes da Cunha[2].

[1]Graduandos em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Professores da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *moises.rodrigues@discente.ufg.br.

Grande aliado na agricultura moderna, *Trichoderma* vem sendo empregado nas mais diversas culturas como promotor de crescimento e agente de controle biológico de doenças. Essa ampla aplicação é atribuída às particularidades do hifomiceto, como o hiperparasitismo, produção de metabólitos secundários bioativos, indução de defesas nas plantas e competição por espaço e nutrientes. A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é a *commodity* mais produzida no mundo e pode ter sua produção comprometida devido a fatores abióticos, como estresse hídrico e bióticos como a ocorrência de doenças. Levando em consideração estas problemáticas, o objetivo deste trabalho foi avaliar a influência de três estirpes de *T. afroharziaum* (T4, T5 e T7) no crescimento da cana-de-açúcar. O experimento foi realizado no telado pertencente ao Núcleo de Pesquisa em Fitopatologia (NPF), da Escola de Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO. As cepas do fungo, prospectadas em estudos anteriores, foram recuperadas da micoteca do NPF, de um armazenamento em glicerol 10%. Em seguida, preparou-se o inoculo fúngico em Erlenmeyer com 50 g arroz parboilizado autoclavado (três discos de micélio por frasco). Após colonização, uma suspensão de esporos foi preparada na concentração final de $10^7$ conídios/mL. Mudas pré-brotadas de cana-de-açúcar (variedade RB127825) foram plantadas em vasos de 15 L, 15 dias antes da inoculação e, após esse período, os tratamentos com *Trichoderma* receberam 150 mL de suas respectivas suspensões a cada 30 dias. Todos os tratamentos, incluindo a testemunha (sem inoculação do fungo), receberam a mesma irrigação e adubação. O ensaio foi conduzido em delineamento em blocos casualizados com dez repetições por tratamento. Após quatro meses, o experimento foi avaliado a partir das variáveis: número de perfilhos, peso fresco da parte aérea e das raízes. Os dados coletados foram submetidos à análise de variância e os valores comparados pelo teste de Tukey a 0,05 de probabilidade. Com base no ensaio, observou-se que nos parâmetros de peso da parte aérea e raízes, não houve efeito benéfico aparente das cepas de *Trichoderma* sobre a cana-de-açúcar, já que não houve diferença significativa entre os tratamentos. No entanto, no que se refere ao número de perfilhos, o tratamento T4 não se diferiu da testemunha, mas se diferiram do tratamento T7. Conclui-se que, para os atributos e fungos avaliados, não se observou incremento no crescimento das plantas de cana. Essas e novas estirpes terão suas performances testadas quanto à promoção do crescimento inicial de gemas e tolerância ao estresse hídrico.

**Palavras-chave:** número de perfilhos; promoção do crescimento de plantas; *Saccharum* spp.; suspensão de conídios; testes *in vivo*.

# INFLUÊNCIA DE *Trichoderma afroharzianum* NA GERMINAÇÃO DE CORDA-DE-VIOLA (*Ipomoea purpurea*)

Eder Marques[1]*; Moisés Rodrigues Silva[2]; Marcos Gomes da Cunha[2].

[1]Professores da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *moises.rodrigues@discente.ufg.br.

*Trichoderma* é um fungo capaz de controlar doenças de plantas através de um arsenal bioquímico e do hiperparasitismo. Além disso, tem sido empregado na indústria e na biorremediação dos problemas bióticos e abióticos de diversas espécies vegetais. A invasora conhecida popularmente como corda-de-viola (*Ipomoea purpurea* L., *Convolvulaceae*) é capaz de influenciar no desenvolvimento de espécies cultivadas pela competição por espaço, água e nutrientes, assim como pode trazer prejuízos para a colheita mecanizada. Com base no grande potencial biotecnológico de *Trichoderma*, o objetivo desse trabalho foi avaliar o efeito de cinco estirpes de *T. afroharzianum* na germinação de sementes de corda-de-viola. O experimento foi conduzido *in vitro*, no Núcleo de Pesquisa em Fitopatologia, da Escola de Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, em Goiânia-GO. Na avaliação, foram utilizadas cinco cepas do fungo (T1 a T5) em um teste de microbiolização de sementes, que consistiu em preparar uma suspensão a 1 x $10^7$ conídios/mL e emergi-las sob agitação, por 15 min. Após esse período, as sementes microbiolizadas foram depositadas em placas de Petri, contendo três folhas de papel germitest. Elas foram mantidas em incubadora, com 12h de fotoperíodo e umedecidas quando necessário. As avaliações ocorreram diariamente, até que todas germinassem, momentos nos quais foram contadas e descartadas. Os dados de germinação foram utilizados para calcular o tempo e índice germinativo. O delineamento foi inteiramente casualizado, com quatro repetições por tratamento, com 25 sementes em cada. Os dados do ensaio foram submetidos à análise de variância e as médias dos valores dos parâmetros de germinabilidade foram comparadas pelo teste Tukey, a 5% de probabilidade. Com base no experimento, foi possível observar que todos os tratamentos, com as suspensões dos fungos antagonistas, afetaram a germinação das sementes de corda-de-viola, que variou entre 2,22 (T4) e 2,85 dias (T2). O efeito foi na antecipação da germinação, entre 1,32 e 0,69 dias, com diferença significativa da testemunha (microbiolização apenas com água destilada estéril), que germinou em média de 3,54 dias. No que se refere ao índice de germinação, também foi observada influência significativa das estirpes, onde os tratamentos T3 e T4 exibiram um número menor de sementes germinadas (20,25 e 20, respectivamente), quando comparados com a testemunha (22). Um fato ainda não quantificado, foi a colonização das sementes pelos fungos, que pode ter afetado a germinação. Conclui-se que *T. afroharzianum* é capaz de influenciar a germinação de *I. purpurea*.

**Palavras-chave:** *Convolvulaceae*; fungos antagonistas; plantas invasoras; tempo e índice de germinação.

# INFLUÊNCIA DO TIPO DE SOLO NA EMERGÊNCIA DE ACESSOS DE LENTILHAS

Gustavo Henrique de Oliveira[1]*; Marcus Vinícius Silva Vilela[2]; Rafael Rossi Tavares[2]; Valeska Cristina Souza de Assis[1]; Jordanna Ribeiro Pinheiro de Sousa[2]; Josie Cloviane de Oliveira Freitas[3].

[1]Mestrandos em Produção Vegetal. Universidade Estadual de Goiás – UEG. [2]Acadêmicos do Curso de Engenharia Agronômica da Universidade Estadual de Goiás – UEG. [3]Professora Doutora em Melhoramento Vegetal. Universidade Estadual de Goiás - UEG. Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal. *gustavoagro20@gmail.com.

A lentilha é uma leguminosa a qual o consumo tem crescido muito no Brasil, porém o cultivo e informações sobre essa espécie é muito incipiente no país. A seleção de acessos ou cultivares adaptadas a solos específicos desempenha um papel crucial na agricultura contemporânea, onde a otimização da produção é fundamental para atender à crescente demanda por alimentos. Neste estudo, investigou-se a emergência de diferentes acessos de lentilhas em resposta a dois tipos de solo distintos: solo argiloso e solo arenoso. O objetivo foi compreender o comportamento desses acessos em termos de emergência em diferentes tipos de solo. O experimento foi conduzido na área experimental da UEG unidade de Ipameri, utilizando-se o Delineamento por Blocos Casualizados (DBC), em esquema fatorial 6 x 2, sendo seis acessos distintos de lentilha (cinco acessos de lentilha comum, acesso Ipameri, acesso Jaraguá, acesso Bahia, acesso Palmeiras de Goiás, e acesso Posse Goiás; e um acesso de lentilha preta, acesso Bahia) e dois tipos de solo, arenoso e argiloso. Para avaliar a emergência, as sementes foram semeadas em vasos com capacidade para oito litros, dispostos em campo aberto, com três blocos e três repetições por bloco. Cada vaso foi semeado com 12 sementes adquiridas como grãos em casas de produtos naturais e mercados. Após nove dias da semeadura, quando a emergência cessou, foi realizada a contagem das plântulas emergidas para a análise da taxa de emergência. Observou-se uma interação significativa ($p<0,05$) entre acessos de lentilha e tipos de solo. Os acessos de lentilha comum de Ipameri, Jaraguá e Bahia apresentaram as mesmas taxas de emergência nos dois tipos de solo, por outro lado, os acessos de lentilha comum de Palmeiras de Goiás e de Posse, e o acesso de lentilha preta da Bahia, demonstraram uma maior taxa de emergência quando cultivados em solo argiloso em comparação com o solo arenoso. Também se verificou que em solo argiloso, apenas o acesso de lentilha comum Posse apresentou taxa de emergência inferior a 79%, diferindo-se de todos os demais acessos. Em solo arenoso apenas os acessos de lentilha comum Jaraguá e Bahia, apresentaram altas taxas de emergência, 100 e 83%, respectivamente, diferindo-se de todos os demais acessos. O acesso de lentilha comum Posse apresentou uma taxa de emergência muito baixa nos dois tipos de solo, com 47% em solo argiloso e 22% em solo arenoso, diferindo-se de todos os demais acessos. Os resultados indicam a influência do tipo de solo na germinação, e consequentemente na emergência desses acessos, demonstrando a importância de considerar o tipo de solo ao selecionar acessos de lentilha, visando alcançar uma germinação eficaz e bem-sucedida.

**Palavras-chave:** solo argiloso; solo arenoso; lentilha comum; lentilha preta.

**Agradecimento:** À Capes, ao Grupo de pesquisa Mtmespa e à UEG - Campus Sul, Unidade Ipameri-GO.

# INTERAÇÃO GXA E ESTABILIDADE DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO AOS CARACTERES DA FOLHA UNIFOLIOLADA EM UBERLÂNDIA-MG

Aparecida de Oliveira Jorge[1]*; Josef Gastl Filho[2]; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki[3]; Matheus Braga de Oliveira[4]; Ana Júlia de Jesus Franco[1]; Ana Paula Oliveira Nogueira[5].

[1]Graduandas em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [2]Doutorando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [3]Docente do Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [4]Mestrando em Agronomia. Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. [5]Docente do Instituto de Biotecnologia. Universidade Federal de Uberlândia. *aparecida.jorge@ufu.br.

Os caracteres da folha unifoliolada da soja são considerados potenciais descritores para a certificação e proteção de cultivares, devido à insuficiência dos 37 descritores utilizados. No entanto, não se tem informações sobre como esses caracteres se comportam em diferentes épocas de semeadura. Dessa forma, compreender a interação genótipos por ambientes (GxA) é fundamental no melhoramento, pois permite avaliar como diferentes genótipos respondem às diferentes condições ambientais. Portanto, a análise de estabilidade é essencial para identificar cultivares previsíveis e responsivas a variações ambientais. Assim, objetivou-se verificar a interação GxA e identificar os genótipos de soja mais estáveis quanto aos caracteres da folha unifoliolada. O experimento foi realizado em casa de vegetação da Fazenda Experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia-MG, entre os meses de novembro de 2022 a julho de 2023. Avaliaram-se nove genótipos de soja (BRS511; BRS7581RR; BRS7380RR; TMG803; IAC Foscarin-31; UFUS1; UFUS2; UFUS3; UFUS7910). Foi adotado delineamento em blocos completos casualizados com oito repetições. Cada parcela foi constituída de um vaso de 5L com duas plantas. Os genótipos foram semeados em novembro de 2022 (1ª época) e maio de 2023 (2ª época). As plantas foram avaliadas no estádio $V_2$ da escala de Fehr e Caviness para a determinação do comprimento (CFU) e largura (LFU) da folha unifoliolada e comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU). Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, utilizando o teste de F ($p$<0,01), considerando fixo os efeitos de genótipo e ambiente. A análise de estabilidade dos genótipos foi realizada pelo método de Plaisted & Peterson. O *software* estatístico utilizado foi o Genes. Foi constatada interação GxA significativa para todos os caracteres da folha unifoliolada, evidenciando elevada variabilidade entre os genótipos, que é requisito para fins de distinção de cultivares, além de comportamento diferencial frente a variação da época de semeadura. A análise da estabilidade pelo método de Plaisted & Peterson para o caráter de CFU apresentou θ% entre 2,87% (TMG803) e 25,57% (UFUS1), em que os genótipos mais estáveis foram TMG803 (Média: 4,35 cm planta$^{-1}$; θ: 2,87%) e BRS7380RR (Média: 5,21 cm planta$^{-1}$; θ: 4,48%). Para LFU a amplitude de θ% foi de 4,69% (UFUS3) a 29,4% (BRS7380RR), sendo os mais estáveis UFUS3 (Média: 3,86 cm planta$^{-1}$; θ: 4,69%) e BRS511 (Média: 4,61 cm planta$^{-1}$; θ: 4,73%). Em relação à CPFU, a amplitude de θ% foi de 3,87% (BRS7581RR) a 37,42% (UFUS7910), em que as mais estáveis foram BRS7581RR (Média: 0,61 cm planta$^{-1}$; θ: 3,87%) e UFUS3 (Média: 1,00 cm planta$^{-1}$; θ: 3,91%). Conclui-se que houve variabilidade genética entre os genótipos e que estes foram responsivos ao ambiente, sendo possível identificar os mais estáveis para CFU, LFU e CPFU.

**Palavras-chave**: caracteres vegetativos; *Glycine max.* novos descritores; Plaisted & Peterson.

**Agradecimento:** À Universidade Federal de Uberlândia (UFU), à Capes e ao PPGAGRO-UFU.

# INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM ENSAIOS FINAIS DO MELHORAMENTO DE CANA-DE-AÇÚCAR EM GOIÁS

Laryssa Barbosa de Souza Reis[1]*; Michel Rodrigues da Silva[2]; Lais Gabriela Ramos Ferreira[1]; Márcio Lisboa Guedes[3]; Renato de Carvalho Menezes[4]; Bruna Mendes de Oliveira[5].

[1]Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [2]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Pesquisador em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [4]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [5]Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *laryssa.reis@discente.ufg.br.

Nas fases finais de um programa de melhoramento, visando a recomendação de cultivares, é essencial a análise da interação genótipos x ambientes (GxA) em ensaios multiambientais. O fenômeno interação genótipos x ambientes pode ser definido como efeito diferencial dos ambientes sobre genótipos em um caráter. Quando a interação é significante, sua natureza e implicações devem ser cuidadosamente consideradas pelos programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da interação GxA em cultivares de cana-de-açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA). Foram analisadas quatro cultivares plantadas em quatro ensaios no Estado de Goiás ao longo das safras de 2018 a 2020 nos ciclos de cana-planta e cana soca, totalizando oito ambientes. O delineamento experimental dos ensaios é em blocos ao acaso com três repetições. Como variável resposta, foi utilizado o caráter toneladas de açúcar por hectare (TAH). As análises de interação de genótipos com ambientes foram feitas pelo modelo GGE *Biplot* (*Genotype main effect plus Genotype-by-Environment interaction*). A interpretação gráfica dos resultados foi feita através dos gráficos "Média x Estabilidade", "Ambiente Ideal" e "Genótipo Ideal". Em termos práticos, o genótipo ideal é aquele que apresenta alta produtividade em uma variedade de ambientes. Segundo as análises, a cultivar ideal para os oito ambientes analisados foi a RB034045, pois apresentou alta estabilidade e elevada performance, em média 17,9 TAH, se destacando das demais. Entretanto, a cultivar com maior produtividade para TAH foi a RB985476, produzindo em média nos ensaios 18,3 TAH, porém apresentou-se instável aos ambientes. Dentre as cultivares analisadas, a que apresentou menor estabilidade foi a RB975242. Para programas de melhoramento é de fundamental importância a identificação de genótipos com maior produtividade e com estabilidade aos ambientes testados. Referente aos ambientes, no ensaio de cana planta na usina Vale do Verdão, os genótipos apresentaram performances semelhantes. Além disso, segundo o gráfico "Ambiente Ideal", o melhor ambiente foi o ensaio com colheita tardia em cana soca na usina Vale do Verdão. A análise gráfica do método GGE *Biplot* possibilitou identificar cultivares com bom desempenho e estáveis, bem como ambientes que otimizam a performance produtiva em termos de TAH.

**Palavras-chave:** *Saccharum* spp.; GGE *Biplot*; estabilidade; seleção.

**Agradecimento:** Ao PMGCA-UFG/Ridesa.

# INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM CLONES DE CANA-DE-AÇÚCAR NAS FASES INICIAIS DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO

Michel Rodrigues da Silva[1]*; Renato de Carvalho Menezes[2]; Marcio Lisboa Guedes[3]; Laryssa Barbosa de Souza Reis[4]; Lais Gabriela Ramos Ferreira[4]; Bruna Mendes de Oliveira[5].

[1]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [3]Pesquisador em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [4]Mestrandas em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [5]Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *michelrodriguesjrr@gmail.com.

A interação genótipos por ambientes (GxA) é utilizada para otimizar a produtividade das cultivares, seja em produtividade total ou em aumento de teores de açúcares, e desejam também desenvolver cultivares adaptadas à uma ampla região de cultivo e estáveis em diferentes locais. Dessa maneira, objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento de diferentes clones de cana-de-açúcar nas fases iniciais do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético da Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG) cultivados na usina Denusa e usina Jalles Machado, para averiguar o potencial produtivo dos clones visando o lançamento de novas cultivares a serem plantadas em diferentes ambientes da região Centro-sul do Brasil. Em ambos locais foi utilizado o delineamento experimental Blocos Aumentados com 11 blocos. Cada bloco foi composto por nove clones promissores mais duas variedades utilizadas como padrão. Cada parcela foi composta por um sulco de oito metros de comprimento, espaçados entre si por 1,50 m. O período da condução do experimento foi de um ano, que corresponde ao estágio de cana-planta. Foram avaliados três caracteres: Toneladas de colmos por hectare (TCH), Açúcar Total Recuperável (ATR), Toneladas de Açúcar por Hectare (TAH). Para verificar e quantificar a adaptação e a estabilidade de produção foi utilizado o método GGE-Biplot (*Genotype and Genotype-Environment Interaction*). Na seleção dos genótipos, utilizaram-se três gráficos para cada caractere avaliado: "Genótipo ideal", "Média vs estabilidade" e "Melhor ambiente". Para (TCH) o genótipo ideal foi o G5 na qual apresentou melhor comportamento tanto estável como adaptado. O G10, G16 e G34 foram os genótipos mais adaptados, G4 e G15 os mais estáveis. Na qual o melhor ambiente é o da Usina Denusa. Para (TAH) o genótipo ideal foi o G16 em que apresentou melhor comportamento tanto estável como adaptado. O G10 foi o genótipo mais adaptado, G16 e G5 os genótipos mais estáveis. O melhor ambiente é o da Usina Denusa. Para (ATR) o genótipo ideal foi o G1 em que apresentou melhor comportamento tanto estável como adaptado. O G2 foi o genótipo mais estável, e o G1 foi o genótipo mais adaptado. O melhor ambiente é o da Usina Jalles Machado. Através da análise foi possível identificar as interações dos genótipos em relação aos ambientes, assim como a adaptabilidade e estabilidade dos clones avaliados nas fases iniciais do (PMGCA/Ridesa/UFG).

**Palavras-chave:** GGE-Blipot; melhoramento de plantas; Ridesa; *Saccharum* spp.

**Agradecimento:** À Ridesa-UFG.

# PRÉ-PROCESSAMENTO ESPECTRAL NA OBTENÇÃO DE MODELOS BASEADOS EM NIRS PARA ANÁLISE DO TEOR DE SÓLIDOS SOLÚVEIS EM COLMOS DE CANA-DE-AÇÚCAR

Victoria Caetano Damando Rodrigues[1]*; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado[3]; Renato Gomide de Sousa[1]; Diogo Amorim Silva[1]; Pedro Henrique Lucas Pinheiro de Lima[2]; Alexandre Siqueira Guedes Coelho[4].

[1]Curso de Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Curso de Graduação em Engenharia Florestal. Universidade Federal de Goiás. [3]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [4]Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *victoria.damando@discente.ufg.br.

A espectrometria do infravermelho próximo (NIRS) é uma tecnologia que permite a análise de caracteres físico-químicos de colmos de cana-de-açúcar, em condições de campo, de forma rápida e não destrutiva. Sua aplicação demanda a construção de modelos de predição para cada uma das variáveis de interesse com base em dados espectrais. O pré-processamento é uma etapa que antecede a elaboração do modelo, em que os dados espectrais são normalizados de diferentes formas, visando a obtenção de modelos com uma maior capacidade preditiva. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi comparar diferentes tipos de pré-processamento dos dados espectrais na obtenção de modelos preditivos baseados em NIRS, utilizando o teor de sólidos solúveis em colmos de cana-de-açúcar como variável de referência. Utilizando-se um espectrômetro NIR portátil (microNIR), foram obtidos espectros de reflectância na base, meio e ápice de colmos de 102 clones de cana-de-açúcar da Ridesa/UFG. Os espectros foram obtidos com 125 comprimentos de onda, variando de 908 e 1676 nm. Concomitantemente, utilizando-se um refratômetro digital portátil de campo, foram realizadas avaliações do teor de sólidos solúveis (°Brix) dos mesmos entrenós utilizados na coleta dos dados espectrais, totalizando 306 observações. Uma amostra representativa de 150 observações foi então obtida pelo algoritmo de Kennard-Stone, no *software R.* Utilizando-se o *software The Unscrambler X*, os dados espectrais foram pré-processados pelos métodos: centralização na média, escalonamento de variância, esferização de Martinez & Martinez, derivação (1ª e 2ª derivadas) de Savitzky-Golay, variação normal padrão (SNV), correção estendida multiplicativa do sinal (EMSC) e remoção de tendência. Após o pré-processamento dos dados espectrais, os modelos foram obtidos pelo método de regressão por quadrados mínimos parciais (PLS) e avaliados por validação cruzada. A habilidade de predição de cada modelo foi avaliada pela obtenção de estimativas do coeficiente de determinação ($r^2$) e da raiz quadrada do quadrado médio dos erros de predição (*RMSE*). Foram obtidos oito modelos com habilidade de predição elevada, com $r^2$ variando de 0,79 à 0,83 ($p < 0{,}0001$) e *RMSE* variando de 1,59 à 1,79, indicando erros relativamente pequenos. O modelo com melhor desempenho preditivo foi o obtido com a esferização de Martinez & Martinez ($r^2 = 0{,}83$; $RMSE = 1{,}59$; $p < 0{,}0001$). Dessa forma, os resultados obtidos ressaltam que o pré-processamento tem potencial para aumentar a capacidade preditiva do modelo, possibilitando uma análise do teor de sólidos solúveis mais confiável.

**Palavras-chave:** cana-de-açúcar; espectrometria do infravermelho próximo; teor de sólidos solúveis.

**Agradecimentos:** Ao MCTIC, ao CNPq, à Usina Jalles Machado S.A., à Ridesa e à UFG.

# SELEÇÃO DE CLONES RESISTENTES DE CANA-DE-AÇÚCAR ÀS FERRUGENS MARROM E ALARANJADA

Jordana Alves Carvalho[1]*; Michel Rodrigues da Silva[2]; Márcio Lisboa Guedes[3]; Renato de Carvalho Menezes[4]; Djavan Adien Mota[5]; Bruna Mendes de Oliveira[6].

[1]Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás. [2]Graduando em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [3]Pesquisador em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [4]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [5]Colaborador da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [6]Professora da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *jordanaalves2@discente.ufg.br.

A ferrugem alaranjada (FA), causada pelo fungo *Puccinia kuehnii* e a ferrugem marrom (FM), causada pelo fungo *Puccinia melanocephala*, acometem a cultura da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) e preocupam o setor sucroenergético brasileiro devido aos prejuízos causados aos canaviais. O método mais eficaz para controlar a FA e a FM é o uso de variedades resistentes. Dessa maneira, o objetivo do trabalho foi avaliar a reação de clones elites de cana-de-açúcar do Programa de Melhoramento Genético de Cana-de-Açúcar da Rede Universitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético da Universidade Federal de Goiás (PMGCA/RIDESA/UFG) à FA e FM. Foram avaliados 10 clones na fase final do programa de melhoramento, além de uma testemunha suscetível para FM e uma para FA. O experimento foi instalado em casa de vegetação utilizando delineamento em blocos casualizados, com três repetições, sendo uma repetição um vaso contendo uma planta. Para inoculação artificial dos patógenos, foram obtidos urediniósporos a partir de folhas de cana-de-açúcar com sintomas das doenças. A suspensão para inoculação foi calibrada a $10^5$ urediniósporos $mL^{-1}$ para FA e $10^4$ urediniósporos $mL^{-1}$ para FM e inoculada com pulverizador manual, 28 dias após o plantio, priorizando-se a face abaxial das folhas, até o ponto de escorrimento. Após a inoculação, os vasos com as plantas foram mantidos por 48 horas em câmara úmida. Foi avaliada a severidade da doença por meio de escala de diagramática, onde maiores proporções de área afetada indicam suscetibilidade e menores proporções indicam resistência. A severidade posteriormente foi transformada em área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os coeficientes de variação, FM igual 10,58 % e FA igual 14,40%, indicaram boa precisão experimental para as variáveis analisadas. Os clones RB094178, RB124008 e RB114164 obtiveram média de AACPD ≥ 4,3 para FM. Os clones RB094178, RB114626 e RB114445 obtiveram média de AACPD ≥ 3,9 para FA. Pelo fato desses clones apresentarem suscetibilidade aos patógenos avaliados, recomendou-se o descarte desses materiais do programa de melhoramento. Os clones RB124014, RB034045, RB114662, RB124003 e RB124012 apresentaram AACPD inferior as testemunhas sabidamente suscetíveis, na qual apresentou AACPD menor igual 3,56 para FM e menor ou igual a 3,33 para FA. Por apresentarem baixa severidade à FM e à FA, esses clones possuem potencial para lançamento como variedades comerciais.

**Palavras-chave:** *Puccinia kuehnii*; *Puccinia melanocephala*; melhoramento genético; severidade.

**Agradecimento:** À Ridesa-UFG.

# UTILIZAÇÃO DE ESPECTROMETRIA DO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA AVALIAÇÃO DE CARACTERES FÍSICO-QUÍMICOS DE COLMOS DE CANA-DE-AÇÚCAR – UMA PROVA DE CONCEITO

Renato Gomide de Sousa[1]*; Jéssica Fernanda Ferreira dos Santos Prado[2]; Luciana de Sousa Lopes[2]; Victoria Caetano Damando Rodrigues[1]; Jordana Alves Carvalho[1]; Alexandre Siqueira Guedes Coelho[3].

[1]Estudante de Graduação em Agronomia. Universidade Federal de Goiás. [2]Estudante do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Goiás. [3]Professor da Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás. *gomide@discente.ufg.br.

A espectrometria do infravermelho próximo (NIRS) é considerada uma alternativa não destrutiva, prática e precisa para a fenotipagem de características físico-químicas de colmos de cana-de-açúcar, substituindo os métodos laboratoriais trabalhosos e dispendiosos de avaliação. O uso desta tecnologia requer a construção de modelos que permitam a predição dos valores de interesse com base nos espectros obtidos a campo. Este estudo foi desenvolvido com o objetivo de se realizar a avaliação preliminar desses métodos, no contexto do Programa de Melhoramento de Cana-de-Açúcar da Ridesa/UFG. Como prova de conceito, foi desenvolvido um modelo de predição dos teores de sólidos solúveis em colmos de cana-de-açúcar com base em dados espectrais do infravermelho próximo (reflectância). Os dados foram obtidos utilizando-se um espectrômetro NIR portátil (microNIR), em um painel constituído por 102 clones de cana-de-açúcar da Ridesa/UFG, incluindo clones experimentais, variedades tradicionais e cultivares comerciais. Os espectros foram constituídos por 125 comprimentos de onda distribuídos entre 908 e 1676 nm. Os teores de sólidos solúveis (°Brix) foram determinados por meio de um refratômetro portátil digital. As avaliações transcorreram em condições de campo, exatamente nos mesmos entrenós de cada colmo. Realizaram-se três medições para cada colmo, em três posições distintas (ápice, meio e base), compondo uma amostra final de 306 entrenós. Utilizando-se o algoritmo de Kennard-Stone, selecionou-se 150 entrenós contrastantes para o teor de sólidos solúveis para fins de calibração, e os demais utilizados na etapa de validação. O modelo foi construído pelo método de Quadrados Mínimos Parciais (PLS), utilizando os dados espectrais pré-processados. O modelo de calibração obtido apresentou elevada habilidade de predição ($r = 0,98$; $p<0,0001$), com erros relativamente pequenos (MAE = 0,67; MSE = 0,68; RMSE = 0,83), sugerindo um bom ajuste. A habilidade de predição do modelo na amostra de validação também foi alta ($r = 0,91$; $p<0,0001$), com erros relativamente pequenos (MAE = 0,82; MSE = 1,13; RMSE = 1,06; RDP = 4,61). Estas estimativas evidenciam que a espectroscopia do infravermelho próximo (NIRS) tem grande potencial de utilização na avaliação em larga escala de clones de cana-de-açúcar.

**Palavras-chave:** NIRS; microNIR; Brix.

**Agradecimentos:** Ao Finep, à Ridesa e à UFG.

EuGeM

SimGeM

International Symposium on Genetics, Plant Breeding and Plant Conservation

## SOBRE O E-BOOK


**Tipografia:** Franklin Gothic Demi Cond, Times New Roman, Century Gothic.

**Publicação:** Cegraf UFG
Campus Samambaia, Goiânia,
Goiás, Brasil. CEP 74690-900
Fone: (62) 3521-1358
https://cegraf.ufg.br