

**GP**

**GENÉTICA, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO  
DE PLANTAS**



## Diversidade genética de acessos de Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) através de marcadores moleculares SSR

Silva, RH<sup>1</sup>; Locatelli, ACP<sup>1</sup>; Silva, WM<sup>1</sup>; da Silva-Filho, JLB<sup>1</sup>; Castro, NMCR<sup>1</sup>; Pompelli, MF<sup>1</sup>; Silva, MD<sup>1</sup>; Kido, EA<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Pernambuco, PE

rahisahelena@gmail.com

**Palavras-chave:** microssatélites; variabilidade genética; biodiesel; melhoramento vegetal; dendrograma

O Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) é uma planta com interesse comercial pelo caráter oleaginoso de suas sementes, sendo atrativa para produção de biodiesel. A falta de programas tradicionais de melhoramento para a espécie e problemas com fatores bióticos e abióticos afetam negativamente esta cultura ao redor do mundo. Dentre os fatores abióticos, a seca e a salinidade se destacam por grandes danos à produção. Para estimar a variabilidade genética e a diversidade entre acessos, marcadores moleculares têm sido utilizados. Dentre esses, SSRs (*Simple Sequence Repeats*) são um dos mais utilizados e informativos devido à sua hipervariabilidade, abundância nos genomas eucariotos e natureza co-dominante, discriminando genótipos homocigotos de heterocigotos. O objetivo deste estudo foi caracterizar a variabilidade genética em 19 acessos de pinhão-manso, de diferentes regiões (Sudeste: 12; Nordeste: quatro; Centro-Oeste: dois; Sul: um). Para tanto, DNAs de folhas foram extraídos (método CTAB), sendo testados 10 pares de *primers* para marcadores SSRs (diferentes motivos), em reações de PCR, de volume total de 20 µL (contendo 1 µL de DNA genômico (10 ng. µL<sup>-1</sup>), 1x tampão de PCR, 1,5 Mm de MgCl<sub>2</sub>, 0,3 µM de *primers*, 0,5 U de Taq DNA Polimerase, 0,1 Mm de dNTPs). A ciclagem teve desnaturação inicial em 5 min à 95°C, seguida de 30 ciclos de 60s a 95°C, 60 s a 52°C - 55°C (de acordo com o par de *primers*), 60 s a 72°C e extensão final de 10 minutos a 72°C. Após amplificação, fragmentos foram corados com *Blue Green*<sup>®</sup> e separados em gel de agarose (2%, p/v). Polimorfismos foram visualizados com a leitura do gel e respectivas bandas. Dos 10 pares de *primers*, oito geraram bandas polimórficas (20), sendo o número de alelos observados entre dois e três (dois alelos gerados por quatro pares de *primers* e três pelos outros quatro). Análise feita com o software Popgen32 mostrou amplitude das diferenças genéticas variando de zero (Tominaga-4-5; Porteirinha) a 2,07 (Diamantina; Porteirinha), conforme o Índice de Nei (1978), sendo que os marcadores foram eficientes na avaliação da diversidade, permitindo agrupar acessos formando dois grupos principais, um deles com dois subgrupos, conforme cladograma após realização de 10.000 amostragens (método de *Bootstrap*). Esses dados irão subsidiar, conjuntamente com dados fisiológicos em condições de estresse salino (NaCl em diferentes dosagens), a escolha de candidato tolerante e sensível para uso em ensaio de transcriptômica, visando identificar genes diferencialmente expressos com potencial biotecnológico para tolerância a este estresse.

Apoio Financeiro: CAPES, CNPq

## Alterações anatômicas em raízes de Mamona (*Ricinus communis* L.) em resposta ao estresse salino

Almeida-Santos, SCP<sup>1</sup>; Silva, HC<sup>1</sup>; Pinheiro, MGO<sup>1</sup>; Melo, LFM<sup>1</sup>; Scortecci, KC<sup>1</sup>.

Centro de Biociências, UFRN, Natal, RN

saracpas@yahoo.com.br

**Palavras-chave:** Oleaginosa, salinidade, histologia

A queima de combustíveis fósseis destaca-se dentre as atividades humanas como a principal responsável pelo aumento de gases poluentes na atmosfera que provocam mudanças climáticas. Diante deste cenário, têm se buscado alternativas menos poluentes e danosas que os combustíveis fósseis. Muito recurso tem sido investido em pesquisas em diferentes espécies vegetais que possam ser utilizadas na produção do biodiesel. Dentre estas plantas está a mamona (*Ricinus communis* L.), uma planta oleaginosa pertencente à família Euphorbiaceae, considerada rústica e que não exige grande disponibilidade de água para seu desenvolvimento e produção. Por possuir um óleo rico em um ácido graxo incomum (ácido ricinoléico), tem sido apontada como uma oleaginosa com grande potencial para o cultivo em regiões semiáridas, como o Nordeste do Brasil. Considerando isto, este trabalho teve como objetivo contribuir para a compreensão das respostas das plantas de mamona ao estresse salino por meio de análise microscópica de raízes de plantas de mamona submetidas ao estresse salino. Para isso, as plantas de mamona foram submetidas a diferentes concentrações de NaCl, em sistema de hidroponia (50, 100 e 150 mM de NaCl). Os sistemas de hidroponia foram montados em sala de crescimento com fotoperíodo de 12 horas, com temperatura e umidade controladas. Após os tratamentos, as raízes das plantas foram retiradas com auxílio de lâmina de bisturi e foram fixadas em solução fixadora de Paraformaldeído 4% em tampão fosfato de potássio. Os tecidos fixados foram mantidos na solução até o momento da inclusão em parafina. Após a inclusão, os blocos contendo triplicatas das amostras foram cortados transversalmente em micrótomo rotativo, corados em Azul de toluidina (0,05%) e as lâminas histológicas foram montadas. A análise das lâminas foi realizada em microscopia de campo claro, utilizando o Microscópio Zeiss, ajustado pela iluminação de Köhler e as imagens foram fotografadas utilizando o software StereoInvestigator. Diante das imagens obtidas, verificamos que a partir da concentração de 100 mM de NaCl, as raízes de mamona sofreram alterações no sistema vascular, mais especificamente no xilema. As células xilemáticas apresentaram uma aparente diminuição de tamanho de quantidade de células comparadas ao controle. Também foi observada uma desorganização do cilindro vascular, com um possível acúmulo de lignina, evidenciado pela coloração forte nessa região. Os dados obtidos neste trabalho nos permitem inferir que a mamona cultivada em concentrações altas de sal apresenta uma adaptação para esta condição, acumulando lignina para promover o espessamento do tecido radicular, desta forma protegendo os tecidos contra a dessecação, constituindo um mecanismo de adaptação ao estresse imposto pela salinidade.

Suporte financeiro: CNPq, CAPES, BNB



## CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE VARIEDADES DE MILHO PIPOCA NO CENTRO-SUL DO CEARÁ.

Silva, JB<sup>1</sup>; Silva, TP<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Sousa, RL<sup>1</sup>; Guedes, BR<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

*jairbotelhos@hotmail.com*

**Palavras-chave:** dialelo, híbridos, genótipo

O milho pipoca, em inúmeros países tem um amplo mercado consumidor na qual é usado na alimentação humana, em oposição ao milho comum que é utilizado tanto para consumo humano como para o consumo animal. No Brasil, poucas são as instituições que trabalham com o melhoramento desta cultura, se comparado ao melhoramento do milho comum. Mesmo diante de uma limitada correlação genética entre a qualidade e a produção do milho pipoca há possibilidade de seleção de material com alta capacidade de expansão (CE) e produtividade elevada, já que há ampla variabilidade genética observada em muitas populações. Com isso, objetivou-se avaliar a capacidade combinatória de dez variedades, no município de Lavras da mangabeira, CE. Para tanto se realizou primeiro a multiplicação no ano de 2010 dos materiais obtidos através de intercâmbio com instituições parceiras e coletas de materiais crioulos realizadas na região sul do estado do Ceará. Os híbridos foram obtidos no ano agrícola de 2011/2012 através de cruzamentos manuais entre dez variedades designadas P1 (UFV Barão Viçosa), P2 (Angela 2ª Geração), P3 (Viçosa-Viçosa), P4 (Paulistinha), P5 (SAM), P6 (ARZM ARG), P7 (CHZM 13), P8 (Para 172), P9 (UNB2-C5), P10 (SEO13), em esquema de dialelo completo sem recíproco. Os híbridos, juntamente com os seus pais foram avaliados no ano de 2013. Foram avaliados os caracteres agrônômicos: peso de espiga com grãos (PESP), peso de grãos (PG), capacidade de expansão dos grãos (CE). As análises da capacidade combinatória foram realizadas com auxílio do programa Genes e foi fundamentada em cruzamentos dialélicos completos: Griffing, método 2, modelo B, sendo CGC = capacidade geral de combinação do genitor e CEC = capacidade específica de combinação entre genitores i e j. Quando comparamos os resultados das características CE com PG, o cruzamento P2xP10 foi o que reuniu as melhores estimativas para produtividade aliada capacidade de expansão. Para média de PESP e PG, o híbrido P4xP8 exprime o maior valor para ambas as características, 3,791 e 3,150kg médios, respectivamente. As características PESP e CE, ao demonstrarem significância para CGC e CEC revelaram variabilidade resultante dos efeitos tanto aditivos como não-aditivos, a característica PG prevaleceram os efeitos de dominância, indicando potencial na manifestação benéfica da complementação alélica dos cruzamentos. Nas características avaliadas predominaram os efeitos da capacidade específica de combinação, denotando que a produção de híbridos seja a melhor forma de aumentar os ganhos genéticos, sendo combinação híbrida oriunda dos cruzamentos entre as variedades P2xP5 se mostrou superior para as características.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap e UFCA.

## AVALIAÇÃO DO VIGOR DE SEMENTES DE MILHO CRIOULAS COLETADAS EM COMUNIDADES RURAIS DO CARIRI CEARENSE

Silva, JB<sup>1</sup>; Lima, VJ<sup>1</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Clementino, TB<sup>1</sup>; Alcântara, PBX<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

*jairbotelhos@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Variedade, plântulas, radícula.

As variedades de milho crioulo ou locais foram originadas, em grande parte, pela ação direta de sucessivas gerações de agricultores familiares, por meio do cruzamento de materiais antigos e até mesmo recentes, ou simplesmente pela seleção intrapopulacional de plantas mais adaptadas aos seus sistemas de cultivo. Algumas destas variedades destacam-se por apresentar elevada variabilidade genética e adaptação a ambientes rústicos de cultivo, como deficiência hídrica, escassez de nutrientes no solo, excesso de acidez ou alcalinidade. O objetivo desse trabalho foi avaliar o vigor das sementes de milho crioulo coletadas nas Comunidades rurais da Região do Cariri Cearense através do teste de germinação. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biologia da universidade federal do cariri, campus Crato-Ce. Para a realização do teste foram utilizadas sementes de milho crioulo das seguintes variedades: Taboca, Porcinhos, Oitizeiro, Salva terra, Terra dura, vermelhão e Cajueiro. Todas as variedades foram coletadas em comunidades rurais da região do Cariri cearense. O teste de germinação foi realizado em delineamento de blocos casualizados com 4 repetições de 50 sementes de cada lote, sendo semeadas sobre duas folhas de papel Germitest, umedecidas com água destilada, colocadas no germinador tipo B.O.D sob temperatura de 25° C. Avaliou-se as características: Percentagem de germinação, crescimento de radícula e crescimento de parte aérea. Os dados foram avaliados através do programa Genes (2009) e submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$ . De acordo com os resultados analisados As sementes da variedade Taboca e de Porcinhos apresentaram maior percentual de plântulas germinadas. A variedade Porcinhos apresentou maior comprimento da radícula, enquanto que não houve diferença significativa ao nível de 5% de probabilidade no comprimento radicular das plântulas entre as variedades Porcinhos, Taboca, Oitizeiro, Salva terra, Terra dura e Crateús. Em relação ao comprimento da parte aérea, as variedades analisadas não deferiram estatisticamente. A variedade Porcinhos foi a que apresentou melhor média e a variedade Cajueiro teve a pior média para comprimento da parte aérea. As variedades Taboca, Porcinhos, Salva terra, Terra dura e vermelhão apresentaram percentual germinativo acima de 98% mostrando que essas sementes crioulas são viáveis e vigorosas tanto para comprimento da raiz como comprimento da parte aérea. As variedades porcinhos, salva terra e taboca obtiveram excelentes percentuais germinativos e respectivamente os maiores resultados para comprimento da raiz e comprimento da parte aérea indicando que essas variedades apresentam desenvolvimento inicial mais rápido favorecerá o crescimento dessas variedades em ambientes com maior competição com plantas daninhas, na busca por água e nutrientes.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap, NEFIMP e UFCA.

## Comparação de coeficientes de similaridade para análise de agrupamento de genótipos de *Cucumis melo* com base em marcadores moleculares

Dantas, ACA<sup>1</sup>; Nunes, GHS<sup>1</sup>; Ricarte, A.O<sup>1</sup>; Costa, JM<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Arido, UFRSA, Mossoró, RN

*anacaroldantas@yahoo.com.br*

**Palavras-chave:** *Cucumis melo*, diversidade genética, marcadores moleculares.

Os estudos de biologia populacional e conservação de espécies, com a utilização de marcadores moleculares é possível detectar variabilidade existente diretamente ao nível do DNA. Estes estudos geralmente empregam diferentes coeficientes de similaridade para marcadores dominantes e codominantes, o conhecimento e a aplicação destes coeficientes em estudos genéticos são de grande importância. O objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência de coeficientes de similaridade em genótipos de melão por meio de marcadores moleculares (RAPD e SSR). No presente trabalho foram utilizados de 43 acessos, coletados no Nordeste do Brasil, presente no Banco de Ativo de Germoplasma da UFRSA, Mossoró-RN. E as cultivares 'Amaral', 'Goldex', 'Mabel', 'Mandacaru', 'Natal', 'Sancho'. O DNA de cada um dos materiais foi extraído a partir do protocolo desenvolvido por Doyle e Doyle (1990), com modificações. Dezoito primers decâmeros RAPD foram utilizados para amplificar o DNA de melão. As reações de amplificação foram feitas segundo Dantas et al. (2012). Os produtos de PCR foram separados em gel de agarose a 1,0%, corado com brometo de etídio e fotografados sob luz ultravioleta. A análise dos dados moleculares foi baseada na codificação 1 para presença e 0 para ausência de bandas. As reações de amplificação de SSR, com doze primers, foram feitas de acordo com Ritschel et al. (2004). Os fragmentos amplificados foram separados em eletroforese vertical em gel de poliácridamida 6%, corados com nitrato de prata conforme Creste et al. (2003). Os produtos das amplificações para SSR foram computados como ausência do alelo (0), presença de uma cópia do alelo (1) e presença de duas cópias do alelo (2). Os coeficientes de similaridade analisados para RAPD foram: Jaccard, Sorensen-Dice, Ochiai, Simple Matching, Rogers e Tanimoto, Ochiai II, Russel e Rao. Os coeficientes de similaridade utilizados para SSR foram: Índice Ponderado, Índice não ponderado, d2 de Smouse e Peskall, Rogers, Nei. Os coeficientes foram comparados por Stress, distorção, correlação cofenética, correlações entre as matrizes de similaridade originais e as matrizes cofenéticas e os índices de consenso, utilizando os programas GENES (CRUZ, 2006), NTSYS (Numerical Taxonomy and Multivariate System), (ROHLE, 1992). Os índices de similaridade de Jaccard, Dice e Ochiai são os mais apropriados para estudos de divergência com marcadores RAPD e os índices Ponderado, Não Ponderado e a distância de Rogers são os mais apropriados para estudos de divergência com marcadores SSR.

Apoio financeiro: CNPq

## Viabilidade polínica em híbridos de *Jatropha curcas* e espécies relacionadas

Souza, RC<sup>1,2</sup>; Marques DA<sup>3</sup>; Carvalho Filho MM<sup>3</sup>; Siqueira, WJ<sup>3</sup>; Benko-Iseppon, AM<sup>1</sup>; Brasileiro-Vidal AC<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal - Universidade Federal de Pernambuco - Av. Prof. Moraes Rego, 1235, 50670-901, Recife-PE, Brasil; <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco – Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos - CEP: 52171-900 – Recife-PE, Brasil; <sup>3</sup>Instituto Agrônomo de Campinas, 13075-630, Campinas-SP, Brasil.

rosildacintra@hotmail.com; brasileirovidal.ac@gmail.com

**Palavras-chave:** *Jatropha spp*, híbridos interespecíficos, segregação meiótica, viabilidade polínica, Reativo de Alexander.

*Jatropha curcas* L. (família Euphorbiaceae), denominada popularmente pinhão-mansão, se destaca por ser promissora fonte energética renovável e por sua produção não competir com a de outras culturas alimentares, além de ser considerada uma fonte de renda adicional para a população rural. Apesar de promissora, não há, até o momento, cultivares estáveis que possam viabilizar a cultura. Diante disto, centros de pesquisa, como o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), vêm estabelecendo bancos de germoplasma contendo acessos de diferentes procedências e híbridos interespecíficos de várias gerações gerados pelo programa de melhoramento genético (PMG) da espécie. Contudo, problemas no comportamento meiótico destes híbridos podem resultar na formação de plantas com pouco/nenhum interesse agrônomo, com baixa fertilidade ou estéreis devido à redução na produção de pólenes viáveis e na produção de sementes. Dessa forma, a avaliação do comportamento meiótico e da viabilidade polínica é de grande importância para o sucesso dos cruzamentos interespecíficos. Assim, o objetivo do presente trabalho foi analisar a existência de irregularidades na segregação meiótica usando o fluorocromo 4',6'-diamidino-2-fenilindol (DAPI), bem como avaliar a viabilidade polínica, mediante teste colorimétrico com reativo de Alexander (1980), de três híbridos interespecíficos, geração F1, gerados pelo PMG de *J. curcas* do IAC: dois resultantes do cruzamento entre *J. curcas* e *J. integerrima* (L4V2, L8V5) e um resultante do cruzamento entre *J. curcas* e *J. multifida* (L13V6). Para a análise da viabilidade polínica foram considerados viáveis os pólenes que apresentaram coloração rosa e, inviáveis, aqueles corados em azul. Foram analisados 2500 pólenes para cada híbrido. Os híbridos L4V2 e L8V5 (*J. curcas*/*J. integerrima*) apresentaram viabilidades polínicas de 83% e 82%, respectivamente. Estes dados indicam que esses híbridos possuem alta taxa de viabilidade polínica e podem ser efetivamente usados em cruzamentos assistidos. No entanto, o híbrido L13V6 (*J. curcas*/*J. multifida*) mostrou baixa taxa de viabilidade, em torno de 68% apenas, indicando possíveis problemas de esterilidade e/ou incompatibilidade para o referido cruzamento interespecífico. Nos estudos da meiose puderam-se comprovar os dados acima, pois de um modo geral, a meiose dos híbridos L4V2 e L8V5 foi predominantemente regular enquanto que, para o híbrido L13V6 (*J. curcas*/*J. multifida*), se observou a presença de multivalentes e de univalentes em metáfases I, anáfases I multipolares ou com cromossomos retardatários, tétrades com binucleadas, trinucleadas ou com micronúcleos.

Suporte Financeiro: CNPq, Capes, Petrobrás.



## Composição genômica de híbridos entre *Jatropha curcas* L. e espécies relacionadas

Souza, RC<sup>1,2</sup>; Marques DA<sup>3</sup>; Carvalho Filho MM<sup>3</sup>; Siqueira, WJ<sup>3</sup>; Benko-Iseppon, AM<sup>1</sup>; Brasileiro-Vidal AC<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal - Universidade Federal de Pernambuco - Av. Prof. Moraes Rego, 1235, 50670-901, Recife-PE, Brasil; <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco – Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos - CEP: 52171-900 – Recife-PE, Brasil; <sup>3</sup>Instituto Agrônomo de Campinas, 13075-630, Campinas-SP, Brasil.

rosildacintra@hotmail.com; brasileirovidal.ac@gmail.com

**Palavras-chave:** *Jatropha spp.*, híbridos interespecíficos, GISH, seleção assistida, retrocruzamentos.

O interesse pela oleaginosa *Jatropha curcas* L., denominada popularmente pinhão manso, tem aumentado devido à sua promissora utilização como matéria-prima na produção do biodiesel e na fabricação de fármacos. Destaca-se por ser considerada como opção agrícola para áreas áridas e semiáridas, além de auxiliar na recuperação de áreas degradadas e contribuir para a agricultura familiar. Com isso, o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), visando obter cultivares de *J. curcas* com características agrônomicas melhoradas, têm realizado diversos cruzamentos interespecíficos em seu programa de melhoramento genético. Nesse sentido, estudos de hibridização genômica *in situ* (GISH) nos híbridos interespecíficos podem fornecer informações importantes, permitindo identificar o percentual de presença de cada genoma parental nas células híbridas em estudo, além de aperfeiçoar os esforços de melhoramento na escolha de híbridos promissores e no planejamento de cruzamentos, visando maximizar a segregação e recuperação de genótipos superiores. Com base nisso, o objetivo deste trabalho foi analisar a composição genômica de híbridos interespecíficos (gerações F<sub>1</sub> e RC<sub>1</sub>F<sub>1</sub>) resultantes dos cruzamentos entre *J. curcas* e as espécies *J. integerrima* e *J. multifida* gerados pelo programa de melhoramento genético de *J. curcas* do IAC, mediante GISH. Nos híbridos *J. curcas* / *J. integerrima* na geração F<sub>1</sub> (L4P49 x I2, L2P48 X I4 e L4P37 x I), as células hibridizadas *in situ* com sonda de DNA de *J. integerrima* e com DNA bloqueio de *J. curcas*, na proporção de 1:40 (sonda: bloqueio), marcaram metade do conjunto cromossômico, evidenciando os 11 cromossomos marcados oriundos de *J. integerrima* e 11 cromossomos não marcados de *J. curcas*. Também nos híbridos entre *J. curcas* e *J. multifida*, em geração F<sub>1</sub> (L13P23 x M7 e L12P35 x M7), as células hibridizadas com sonda de *J. curcas* e DNA bloqueio de *J. multifida*, na proporção de 1:60 (sonda: bloqueio), mostraram metade do conjunto cromossômico de *J. curcas* e metade de *J. multifida*, como era de se esperar para híbridos em geração F<sub>1</sub>. Para o híbrido em RC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> de *J. curcas* e *J. integerrima* (L4P49//L4P49 x I2), a GISH revelou apenas três cromossomos de *J. integerrima* e 19 cromossomos de *J. curcas*. De modo semelhante, para o híbrido RC<sub>1</sub>F<sub>1</sub> *J. curcas* e *J. multifida* (L3P28//R181), foram observados apenas dois cromossomos de *J. multifida* e 20 cromossomos de *J. curcas*. Nossos resultados demonstraram que a GISH é uma ferramenta interessante para a identificação de cromossomos de diferentes parentais em híbridos interespecíficos e suas progênes de retrocruzamentos, contribuindo na caracterização e escolha dos melhores genótipos, atuando na seleção assistida do melhoramento genético.

Suporte Financeiro: CNPq, Capes, Petrobrás.

## Avaliação de híbridos de melão Cantaloupe no Agropolo Mossoró-Assu

Costa, JM<sup>1</sup>; Neto, JGC<sup>3</sup>; Antonio, RP<sup>2</sup>; Aragão, FAS<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Aluno do doutorado pela Universidade Federal Rural do Semi-Árido, UFERSA, Mossoró, RN; <sup>2</sup>Professor da Universidade Federal Rural do Semi-Árido, UFERSA, Mossoró, RN; <sup>3</sup>Aluno do mestrado pela Universidade Federal Rural do Semi-Árido, UFERSA, Mossoró, RN

*Jmc.atm@hmail.com*

**Keywords:** *Cucumis melo*, Interação genótipos x ambientes, produtividade, sólidos solúveis, Avaliação de cultivares AMMI.

O objetivo do presente trabalho foi avaliar dois grupos de híbridos de melão do tipo Cantaloupe no Agropolo Mossoró-Assu. No primeiro grupo foram avaliados sete híbridos (H-G-1, H-G-2, H-G-3, H-G-4, H-G-5, H-G-6 e 'Hy-Mark') em três municípios (Mossoró, Baraúna e Assu) e duas épocas de semeadura ("chuvosa" e "seca") em 2007, totalizando seis ambientes do estado do Rio Grande do Norte. Os ensaios foram conduzidos em blocos casualizados com três repetições. As características avaliadas foram produtividade e sólidos solúveis. No segundo grupo foram avaliados os híbridos H-G-2, H-G-5, H-G-24, H-G72 e 'Hy Mark' nos municípios de Mossoró e Baraúna nos anos de 2009 e 2010 na "seca". Constatou-se, no primeiro grupo de híbridos, que a parte simples foi a maior responsável pela interação genótipos x ambiente para a produtividade e o teor de sólidos solúvel dos frutos. Não se identificou híbridos com elevada produtividade ( $> 25 \text{ t ha}^{-1}$ ) e alto teor de sólidos solúveis ( $\geq 10\%$ ) para ambientes no período "chuvoso" (março-maio). Considerando a avaliação dos dois grupos de híbridos, o híbrido H-G-2 foi o mais promissor para o cultivo na época "seca" por combinar alta produtividade e elevado valor de sólidos solúveis.

Financial Support: CNPq

## Seleção de linhagens de melão amarelo quanto aos aspectos produtivos e qualitativos do fruto em diferentes ambientes

Ricarte, AO<sup>1</sup>; Guimarães, IP<sup>1</sup>; Antonio, RP<sup>2</sup>; Nunes, GHS<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi Árido, UFRSA, Mossoró, RN; <sup>2</sup>Embrapa Semiarido-CPATSA, Petrolina, PE  
*anankiaricarte@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L, Interação genótipos x ambientes, Ganho genético

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das mais importantes culturas para o Nordeste brasileiro. Dentre os tipos de melão exportados, o Amarelo é o mais cultivado em razão da sua maior facilidade no manejo e ponto de colheita, elevada vida útil pós-colheita e demanda no mercado europeu. O programa de melhoramento genético realizado na UFRSA busca a obtenção de híbridos produtivos e de excelente qualidade de fruto. Em razão disso, visando à obtenção de híbridos simples, foram obtidas linhagens de melão do tipo Amarelo, sendo necessários estudos de avaliação daquelas mais promissoras. O objetivo do presente trabalho foi selecionar linhagens de melão amarelo avaliadas no Agropolo Mossoró-Assu. Foram avaliadas 98 linhagens e os híbridos 'Vereda' e 'AF-646' em dois municípios, Mossoró e Baraúna, o delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com duas repetições. As características avaliadas foram: produtividade, peso médio do fruto, espessura da polpa, firmeza da polpa e teor de sólidos solúveis. Constatou-se efeito significativo de linhagens nos dois locais de avaliação e na análise conjunta para todas as características, ou seja, para efeitos de local, de linhagem e de interação entre eles. Ocorreu superioridade na contribuição da parte complexa em relação à simples da interação para todas as características. A interação linhagens x locais teve reflexo na seleção, pois a resposta correlacionada pela seleção em um ambiente e ganho em outro sempre foi inferior ao ganho da seleção direta. As estimativas da variância genética entre linhagens foram superestimadas pelo componente da interação linhagens x locais, sendo necessárias avaliações em ambientes diferentes. A seleção com base no comportamento médio das linhagens foi eficiente, pois proporcionou maiores ganhos de seleção do que aqueles obtidos com base na seleção no ambiente individual. Cinco linhagens selecionadas possuem boas características de qualidade de frutos e elevada produção, nos dois locais de avaliação.

Apoio financeiro: CNPq

## Identificação de linhagens de melão amarelo resistentes a *Myrothecium roridum* e *Podosphaera xanthii*

Medeiros, RV<sup>1</sup>; Nunes, GHS<sup>2</sup>; Pereira, EWL<sup>1</sup>; Carvalho, JVP<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Aluno de Pós-Graduação pela Universidade Federal Rural do Semiárido, UFERSA, Mossoró, RN; <sup>2</sup>Professor da Universidade Federal Rural do Semiárido, UFERSA, Mossoró, RN; <sup>3</sup>Aluno de graduação pela Universidade Federal Rural do Semiárido, UFERSA, Mossoró, RN

raviermedeiros@yahoo.com.br

**Keywords:** *Cucumis melo* L., Cancro-de-mirotécio, Oídio, Ganho genético Resistencia.

A cultura do meloeiro é acometida por muitos patógenos que reduzem a produção e a qualidade dos frutos. Dentre estes, estão os fungos *Myrothecium roridum* e *Podosphaera xanthii*. Uma das alternativas para o controle dos referidos patógenos é a resistência genética. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a reação de linhagens de diferentes cruzamentos aos patógenos *M. roridum* e *P. xanthii*. Inicialmente foram avaliadas 86 linhagens do cruzamento 'AM-04' x 'Goldex', 91 linhagens do cruzamento 'AM-12' x 'Rochedo' e 75 linhagens do cruzamento 'ACP x AF-646', sendo os três experimentos conduzidos em casa-de-vegetação no delineamento em blocos casualizados com cinco repetições. O isolado LE-211 foi inoculado com uma suspensão de concentração de 106 conídios mL<sup>-1</sup>. Foram selecionadas dezessete linhagens medianamente resistentes, sendo três do cruzamento 'AM-04' x 'Goldex', sete do cruzamento 'AM-12' x 'Rochedo' e sete do cruzamento 'ACP' x 'AF-646'. As dezessete linhagens selecionadas, os genitores e sete cultivares diferenciadoras foram avaliadas para reação à *P. xanthii* em casa de vegetação em delineamento inteiramente casualizado com dez repetições. As linhagens AM-04-G-01, AM-04-G-22, AM-12-R-03, AM-12-R-11, AM-12-R-21, AM-12-R-26, AM-12-G-88, AM-ACP-21, AM-ACP-43 e AM-ACP-58 foram selecionadas como medianamente resistentes no caule (cancro de mirotécio) a *M. roridum* e resistentes a *P. xanthii*.

# Caraterização e análise filogenética da sequência homóloga ao gene DNA Ligase I em cana-de-açúcar.

Medeiros, NMC<sup>1</sup>; Scorttecci, KC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Norte, UFRN, Natal, RN.

*nathaliamaira@gmail.com, kacscort@yahoo.com*

**Palavras-chave:** Reparo de DNA, via BER, bioinformática.

As plantas por serem organismos sésseis se tornam bastante susceptíveis as condições adversas existentes no meio ambiente em que está inserido. Deste modo, as plantas têm diferentes vias metabólicas eficientes para reduzir os efeitos dos diferentes estresses ambientais (tais como estresse hídrico, salino, radiação UV, entre outros). Estas vias estão integradas as vias de reparo do DNA, já que a manutenção de sua integridade se torna essencial para a sobrevivência do organismo vegetal, bem como garantindo sua descendência livre de mutações e mantendo a sua produtividade. As DNA ligases desempenham um papel essencial na manutenção da integridade genômica juntando as quebras na ligação fosfodiéster do DNA que ocorrem durante a replicação e a recombinação, sendo esta ação uma consequência do dano ao DNA e seu posterior reparo. Como pouco se conhece sobre o reparo em cana-de-açúcar, o intuito deste trabalho foi realizar uma análise de bioinformática da enzima DNA ligase em plantas. Para isto, foi buscado sequências homologas a esta em diferentes plantas nos diferentes bancos de dado existentes. As sequências existentes no NCBI referente às enzimas de DNA ligase I (Gene ID: 3978 – Homo sapiens - Gene ID: 837333 – Arabidopsis thaliana), DNA ligase III (Gene ID: 3980 - Homo sapiens – não tem equivalente em A. thaliana) e DNA ligase IV (Gene ID: 3981 – Homo sapiens - ID: 835822 - Arabidopsis thaliana) foram utilizados como base de busca na plataforma de DFCI (<http://compbio.dfci.harvard.edu/tgi/plant.html>) de cana-de-açúcar. Com isto, foram então obtidas as sequências ScLig 1 e ScLig 1.2, sendo homólogas a DNA ligase I provenientes de H. Sapiens e A. thaliana respectivamente. Com essas sequências foram feitas buscas dentro do banco de dados de proteínas do Phytozome (<http://www.phytozome.net/search.php>) utilizando a ferramenta Blastp, onde foram obtidas 66 sequências das diferentes espécies que seriam homologas as sequências de cana-de-açúcar. Tais sequências foram então alinhadas e os dendogramas foram gerados e analisados. Os resultados indicaram uma possível duplicação para este gene analisado no genoma de cana-de-açúcar. Quando avaliado o direcionamento subcelular também foi observado duplo endereçamento (núcleo e cloroplasto). As análises filogenéticas mostram que as sequências se organizam em dois grupos distintos e isso não se detém unicamente as DNAs ligases de cana-de-açúcar, pois se observa a duplicação e a separação de genes também ocorrem nas sequências outras plantas analisadas pertencentes ao grupo das gramíneas. Estes resultados permitiram levantar a hipótese de que as sequências de ScLIGs em cana-de-açúcar provavelmente surgiu a partir de um processo de WGD (duplicação do genoma como um todo) na linhagem das gramíneas.

Financiamento: CNPq

## Identificação do gene Poly(ADP-ribose) polymerase 3 – PARP3 em cana-de-açúcar e análises comparativas em plantas.

Silva, CRP<sup>1</sup>; Medeiros, MNC<sup>1</sup>; Scortecci, KC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Norte, UFRN, Natal, RN.

*camilarayne@hotmail.com, kacscort@yahoo.com*

**Palavras-chave:** *Saccharum*; Reparo de DNA; BER.

A Poly(ADP-ribose) polymerase é uma família de genes envolvida na catalização do ADP-ribose atingindo proteínas através do substrato NAD<sup>+</sup>. Diversos organismos eucariotos podem apresentar essa proteína, que funciona primordialmente na regulação do reparo de DNA, para manter a integridade do genoma. Em plantas, a PARP tem, dentre outras, função regulatória do crescimento, potencialização do desenvolvimento e controle metabólico, além da atuação da via de excisão de bases (BER). Com o intuito de descobrir mais sobre a atuação desse gene em cana-de-açúcar, este trabalho visa analisar estruturalmente a proteína PARP, caracterizando seus domínios conservados. Para isso foram feitas análises *in silico*, com organismos modelos, visando comparar a conservação desse gene em tais indivíduos, assim utilizou-se as sequências de *Saccharum officinarum*, *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa*, *Sorghum bicolor*, *Brachypodium distachyon*, *Zea Mays* e *Homo sapiens*. A sequência PARP 3 em *A. thaliana* foi retirada do UNIPROT (<http://www.uniprot.org/>) e comparada no banco de dados de cana-de-açúcar através do DFCI (<http://compbio.dfc.harvard.edu/>) e traduzida pelo ExPASy (<http://web.expasy.org/translate/>), deu-se o nome dessa sequência de ScPARP3. Logo, utilizou-se a ferramenta CDD do NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) para obter os domínios conservados. Além de outras buscas no banco de dados de proteínas, através do Phytozome (<http://www.phytozome.net/>) pela ferramenta Blastp. Todas as sequências foram alinhadas e analisadas juntas pelo programa MEGA 5.1, novamente somente as plantas e em seguida entre sequências de humano e cana-de-açúcar. Foi observado que houve conservação dos domínios entre os sequenciamentos analisados com relação à cana-de-açúcar, como sítios relacionados à inibição e regulação de genes, ligações químicas ao NAD<sup>+</sup> e ligação a polipeptídeos (formação de dímero). Através do UNIPROT-BLASTp constatou-se que a identidade e positivos entre as sequências de cana-de-açúcar alinhada às de *O. sativa*, *B. distachyon* e *A. thaliana* é notável, apresentando valores em porcentagem, respectivamente, 32%, 32% e 29% para identidade e com relação os valores positivos foi apresentado o valor de 53%, 54% e 51%. Através de um interactoma feito pelo STITCH 4.0 (<http://stitch.embl.de/>), pôde-se analisar a similaridade da ScPARP3, com outras proteínas e atestar que elas também estariam envolvidas com o reparo e regulação de DNA. ScPARP3 apresentou similaridade com proteínas presentes em *A. thaliana*, *O. sativa* e *B. distachyon*, tais proteínas se mostraram envolvidas na via de excisão de bases, replicação, funções regulatórias e catalíticas. Portanto, através destas observações *in silico* seria possível inferir a existência de interações de proteínas com a ScPARP3, tendo como base o interactoma, gerando a possibilidade destas relações se fazerem presentes em cana-de-açúcar. Além disso, tendo em vista o alinhamento e conservação dos domínios supõe-se que a atividade funcional da ScPARP3 poderia ocorrer em cana-de-açúcar. Essa caracterização funcional em plantas será uma etapa primordial de modo a identificar se este gene associado à via de reparo BER apresenta outras funções no desenvolvimento vegetal, sendo que outras análises se fazem necessárias para melhor caracterizar tal gene.

## AVALIAÇÃO DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA NO CENTRO-SUL DO CEARÁ

MARTINS JUNIOR, AA<sup>1</sup>; SILVA, TP<sup>2</sup>; FREITAS JUNIOR, SP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

*martinsjunior@outlook.com.br*

**Palavras-chave:** dialelo, híbridos, variedades.

O milho pipoca (*Zeamays L.*) é muito apreciado no Brasil, no entanto o seu cultivo ainda é muito modesto, se concentrando apenas em algumas regiões, sendo insuficiente para abastecer todo o mercado consumidor, apesar disso o milho pipoca constitui-se em uma boa opção econômica para os produtores, por apresentar um valor comercial superior ao milho comum, porém carece de maior intensidade de lançamentos de variedades e híbridos superiores. Com isso, objetivou-se avaliar a capacidade combinatória de dez variedades, no município de Lavras da mangabeira, CE. Para tanto se realizou primeiro a multiplicação no ano de 2010 dos materiais obtidos através de intercâmbio com instituições parceira e coletas de materiais crioulos realizadas na região sul do estado do Ceará. Os híbridos foram obtidos no ano agrícola de 2011/2012 através de cruzamentos manuais entre dez variedades designadas P1 (UFV Barão Viçosa), P2 (Angela 2ª Geração), P3 (Viçosa-Viçosa), P4 (Paulistinha), P5 (SAM), P6 (ARZM ARG), P7 (CHZM 13), P8 (Para 172), P9 (UNB2-C5), P10 (SEO13), em esquema de dialelo completo sem recíproco. Foram avaliados os caracteres agrônômicos: número de plantas acamadas, altura de plantas, altura de espiga. As análises da capacidade combinatória foram realizadas com auxílio do programa Genes e foi fundamentada em cruzamentos dialélicos completos: Griffing, método 2, modelo B, sendo CGC = capacidade geral de combinação do genitor e CEC = capacidade específica de combinação entre genitores i e j. A característica NACAM, que formou apenas um grupo, para qual a característica não foi significativa, tem os híbridos 6x8 e 1x10, com as maiores médias de acamamento, 2,25 e 2,00 plantas respectivamente. Dentre os 45 híbridos, apenas dois (P3xP7 e P3xP8) e um genitor (P4) obtiveram média da altura de planta inferior a 2,00 metros, o que é tida como uma altura ótima pra cultura. As características ALTE ao demonstrar significância para CGC e CEC revelaram variabilidade resultante dos efeitos tanto aditivos como não-aditivos no controle da expressão gênica. Apenas as características NACAM e ED expressaram superioridade dos efeitos genéticos aditivos. Para a característica ALTP, em que prevaleceram os efeitos de dominância, indicando potencial na manifestação benéfica da complementação alélica dos cruzamentos. Dessa forma predominou os efeitos da capacidade específica de combinação, denotando que a produção de híbridos seja a melhor forma de aumentar os ganhos genéticos.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap e UFCA.

## Diversidade genética molecular de cassutinga (*Croton heliotropiifolius*) presente em um fragmento de mata nativa no município de Itapetinga, Bahia

Rocha, TO<sup>1</sup>; Freitas, JS<sup>2</sup>; Scaldaferrri, MM<sup>2</sup>; Santos, ESL<sup>2</sup>; Cerqueira-Silva, CBM<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Programa de pós-graduação em Ciências Ambientais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA;

<sup>2</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA

*csilva@uesb.edu.br*

**Palavras-chave:** Euphorbiaceae, marcador molecular, variabilidade genética

O gênero *Croton* é um dos mais representativos da família Euphorbiaceae, possuindo aproximadamente 1.300 espécies com distribuição pantropical. Muitas destas espécies ocorrem no bioma Caatinga e possuem potencial uso como fitoterápico e inseticida. *Croton heliotropiifolius*, popularmente conhecido como cassutinga é utilizada popularmente para o alívio de dores estomacais, mal estar gástrico, vômitos, diarreias e febres. Apesar da diversidade de espécies e do seu potencial uso, poucas informações genéticas e de diversidade estão disponíveis para o gênero *Croton*. Considerando que a caracterização da diversidade genética é essencial para subsidiar ações de conservação e uso da biodiversidade, objetivou-se neste trabalho caracterizar a diversidade genética de uma população de *C. heliotropiifolius* presente em um fragmento de mata nativa do município de Itapetinga, Bahia. Para tanto foram genotipados 41 indivíduos de *C. heliotropiifolius*, distribuídos em três subpopulações. A genotipagem foi realizada a partir do DNA genômico extraído de folhas jovens pelo método CTAB, sendo as amplificações realizadas com uso de 18 primers RAPD e 15 primers ISSR (selecionados a partir de 40 e 23 primers, respectivamente). A visualização das amplificações foi feita, após corrida em eletroforese horizontal com géis de agarose 2% (em tampão TBE 0,5X e 120V) por aproximadamente 2 horas, com uso do corante EZ Vision e fotodocumentador digital. Os padrões de bandas encontrados foram avaliados e utilizados para gerar uma matriz de dados binários, onde 0 e 1 representaram a ausência e presença de bandas, respectivamente. Os dados da matriz foram utilizados para estimar as dissimilaridades genéticas por meio do complemento do coeficiente de Dice e a visualização dos resultados foi possível a partir da construção de dendrograma Neighbor-Joining. Estimativas Bayesianas foram realizadas com o auxílio do programa STRUCTURE. Foi observado um percentual de 96,5% de polimorfismo para as amplificações com os primers RAPD e ISSR, sendo observado uma média de 5,5 e 4,3 *amplicons* por primers RAPD e ISSR, respectivamente. Os agrupamentos obtidos a partir das estimativas de distância e pela análise Bayesiana indicam a existência de três grupos (pools gênicos) para a população estudada. Além disso, a distribuição da diversidade genética mostrou-se estruturada entre ao menos duas das três subpopulações analisadas. Os dados apresentados somam-se aos esforços do grupo de pesquisa 'BioGen' UESB/CNPQ para gerar informações úteis ao entendimento da diversidade genética de *Croton* spp. presentes em regiões de Caatinga.

Suporte financeiro: CAPES, CNPQ e UESB



## Análise de genes diferencialmente expressos em ápice meristemático de variedades de cana-de-açúcar cultivadas no estado do RN.

Medeiros, ALM; Scortecci, KC.

Depto. Biologia Celular e Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, UFRN.

kascort@yahoo.com

**Palavras-chave:** cana-de-açúcar, florescimento, microarranjos, estresse hídrico, expressão diferencial

A cana-de-açúcar, gramínea da família *Poaceae*, é uma importante cultura tropical, cultivada em cerca de 23,8 milhões de hectares nas regiões tropical e subtropical do mundo. No Brasil, esta planta é cultivada desde a colonização, ocupando atualmente 9,1 milhões de hectares. O Rio Grande do Norte apresenta uma redução na produtividade de cerca de 44% quando comparada com a de São Paulo. Entre as razões para esse fenômeno, há a redução do índice pluviométrico, que causa o estresse hídrico, e o conseqüente florescimento precoce que promove a isoporização dos colmos. Ainda se sabe pouco a respeito dos genes responsáveis pelo florescimento em cana-de-açúcar. A maioria dos dados da literatura concentram-se sobre a planta modelo *Arabidopsis thaliana*. Com isso, o objetivo deste trabalho é identificar genes diferencialmente expressos em ápice meristemático caulinar, nas variedades de cana-de-açúcar com floração precoce e tardia cultivadas no RN, por meio da análise dos dados de microarranjos. Foi utilizado, para este fim, o chip de cana-de-açúcar da Affymetrix e os cDNAs das duas variedades utilizadas, em diferentes momentos do desenvolvimento. As amostras utilizadas foram denominadas de A a E (cultivar precoce) e F e G (cultivar tardia), distribuídas da seguinte forma: A) meristema vegetativo (outubro); B) eventos fisiológicos já encadeando a floração (janeiro); C) indução de floração avançada (fevereiro); D) início do florescimento (junho); E) avançado estágio de florescimento (agosto); F) meristema vegetativo (outubro); G) meristema vegetativo induzido para floração (fevereiro). Com estas amostras foram realizadas as seguintes hibridações: (A) vs. (B); (A) vs. (C); (A) vs. (D); (A) vs. (E); (A) vs. (F); (C) vs. (G) e (F) vs. (G). Depois das análises dessas hibridações, foram obtidas 492 probe sets diferencialmente expressas. Para identificação das sequências foram realizados alinhamentos dessas sequências através do programa BLAST, disponível no banco de dados do DFCI, onde se encontra depositado os dados do transcriptoma da cana-de-açúcar. Utilizando o software BLAST2Go é possível acessar a ontologia associada a cada sequência. Analisando-as, segundo a ontologia em relação a nível molecular (nível 3), temos a maioria das sequências incluídas entre os processos de atividade transferase, ligação a proteínas, atividade hidrolase e oxidoreductase. Foi observado em uma das hibridações, com uma diferença de expressão de 236 vezes, o gene *DnaJ*, relacionado com a condição de inibição da floração, fato já relatado na literatura em relação a *Arabidopsis thaliana*. Estes resultados reforçam dados anteriores do nosso grupo, onde vias de sinalização associadas a estresse teriam um papel importante em cana-de-açúcar. Com esses dados, podemos ter conhecimento das vias regulatórias que podem estar atuando no processo de florescimento da cana-de-açúcar nas variedades cultivadas no RN.

Apoio Financeiro: CAPES, CNPq.

## Caracterização de um cDNA homólogo a CYP51 em cana-de-açúcar

Medeiros, ALM<sup>1</sup>; Silva, FL<sup>2</sup>; Agnez-Lima, LF<sup>1</sup>; Scortecchi, KC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Depto. Biologia Celular e Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, UFRN; <sup>2</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia da Paraíba, IFPB.

kacscort@yahoo.com

**Palavras-chave:** cana-de-açúcar, florescimento, CYP51, P450, biblioteca subtrativa

A cana-de-açúcar é uma cultura de extrema importância para o país. No estado do Rio Grande do Norte tem sido observado que pode ocorrer uma redução na produtividade de cerca de 44% quando comparada com a obtida no estado de São Paulo. Este fenômeno está relacionado com o estresse hídrico e o consequente florescimento precoce que promove a isoporização dos colmos da cana, reduzindo seu teor de açúcar. Com o intuito de identificar genes associados ao processo de florescimento em variedades de cana-de-açúcar cultivadas na região nordeste foram construídas quatro bibliotecas subtrativas utilizando cultivares com florescimento precoce (SP 81-3250) e tardio (RB 75-126). Um dos cDNAs identificados nestas bibliotecas apresentou homologia ao gene CYP51. Este gene pertence à superfamília dos citocromos P450, envolvida em diversas vias de biossíntese. Devido ao interesse em caracterizar genes potencialmente envolvidos com o florescimento precoce, que causa tantos prejuízos à produção de cana-de-açúcar do RN, o objetivo deste trabalho foi caracterizar o cDNA CYP51. A identidade da sequência obtida na biblioteca subtrativa foi confirmada por BLAST. Foi consultado os bancos de dados de gramíneas e eudicotiledôneas disponíveis no *Phytozome v10* para busca de sequências homólogas à de cana. Foram incluídos neste trabalho 11 sequências de gramíneas distribuídos entre cana-de-açúcar, sorgo, arroz, *Brachypodium distachyon* e *Panicum virgatum*. Entre as eudicotiledôneas, foram utilizadas 35 sequências de várias plantas, incluindo: *Arabidopsis thaliana*, *Aquilegia coerulea*, *Mimulus guttatus*, *Solanum lycopersicum*, *Solanum tuberosum*, *Vitis vinifera*, *Eucalyptus grandis*, *Populus trichocarpa*, *Linum usitatissimum*, *Manihot esculenta*, *Ricinus communis*, *Carica papaya*, *Gossypium raimondii*, *Theobroma cacao*, *Arabidopsis lyrata*, *Boechera stricta*, *Brassica rapa*, *Capsella grandiflora*, *Capsella rubella*, *Eutrema salsugineum*, *Citrus sinensis*, *Citrus clementina*, *Glycine max*, *Malus domestica*, *Medicago truncatula*, *Phaseolus vulgaris* e *Prunus persica*. Para analisar a relação filogenética entre estas sequências, foi utilizado o programa MEGA 6.0 e uma árvore foi obtida utilizando *Neighbor-Joining*. Foi possível observar na árvore o agrupamento das sequências de monocotiledôneas (gramíneas) em um ramo e de eudicotiledôneas em outro. Por último, foi realizado qRT-PCR para acessar a expressão deste gene nos cultivares precoce e tardio, no período de julho de 2008 a fevereiro de 2009. Foi observado no cultivar com floração precoce, no mês de fevereiro, uma expressão menor deste gene, quando comparado com a do cultivar tardio. Neste período a indução da floração no cultivar precoce já está bastante avançado, enquanto que na variedade com floração tardia está apenas iniciando. Podemos concluir com estes dados que a duplicação de CYP51 possivelmente ocorreu antes da divergência entre monocotiledôneas e dicotiledôneas. Além de que, provavelmente, a função deste gene está relacionada com a indução de modificações iniciais necessárias no meristema vegetativo, que o prepara para conversão em meristema reprodutivo.

Apoio Financeiro: CAPES.

## Análise proteômica do meristema apical da cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) sob aplicação de Cálcio

Vilela, RD<sup>1</sup>; Barbosa Neto, AG<sup>1</sup>; Endres, L<sup>2</sup>; Calsa Junior, T<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Genética, UFPE, Pernambuco, PE; <sup>2</sup>Centro de Ciências Agrárias, UFAL, Alagoas, AL  
*terciliojr@yahoo.com.br*

**Palavras-chave:** Inibição do florescimento; Ca<sup>2+</sup>; peptídeos.

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma das plantas cultivadas de maior importância econômica do mundo. A área de cana plantada tem aumentado consideravelmente, principalmente no Brasil. Porém, problemas de natureza fisiológica, tem trazido sérios prejuízos, como o florescimento precoce que tem sido considerado um entrave para o aumento da produção. Este trabalho tem por objetivo identificar proteínas e peptídeos diferencialmente expressos no meristema apical da variedade de cana-de-açúcar RB867515 sob aplicação de 58,0 Mmol de sulfato de cálcio (CaSO<sub>4</sub>) via foliar, através de mapeamento eletroforético (1D e 2D) e espectrometria de massas. A aplicação de cálcio alterou a abertura estomática e a transpiração foliar, como também reduziu o florescimento da cana-de-açúcar entre 15 e 18%. A análise proteômica do meristema do ápice caulinar da cana-de-açúcar mostrou que a aplicação foliar de sulfato de cálcio (CaSO<sub>4</sub>) pode estar envolvida com a redução do florescimento desta cultura, provavelmente através do aumento no acúmulo de proteínas responsivas a este íon. A anotação presumível de alguns polipeptídeos do meristema apical da cana-de-açúcar demonstrou relação com o cálcio, indicando prováveis mecanismos moleculares que possam estar envolvidos com a redução do florescimento. As proteínas anotadas como CDPKs ou quinases dependentes de cálcio, são potenciais candidatas a estudos futuros visando sua aplicação como marcadores moleculares funcionais para estudos envolvendo a regulação do florescimento da cana-de-açúcar associados ao uso do cálcio, podendo auxiliar os programas de melhoramento genético desta cultura.

Apoio Financeiro: CNPq, CAPES e UFPE

## CARACTERIZAÇÃO BIOQUÍMICA DE INIBIDORES DE TRIPSINA DE GERGELIM VISANDO CONTROLE DE *Plodia interpunctella*

Gomes, GLB<sup>1</sup>; Martins, PL<sup>1</sup>; Lucena, VS<sup>2</sup>; De Albuquerque, FA<sup>3</sup>; Arriel, NHC<sup>3</sup>; Dos Santos, RC<sup>3</sup>; Lima, LM<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mestre em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>2</sup>Doutoranda em Biotecnologia, RENORBIO; <sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Algodão.  
[gessicapop@ig.com.br](mailto:gessicapop@ig.com.br)

**Palavras-chave:** Serino protease, Enzimas digestivas, *P. interpunctella*, BAG, *Sesamum indicum* L.

O programa de melhoramento genético de gergelim da Embrapa tem buscado alternativas para controle de pragas de grãos armazenados, especialmente *P. interpunctella*, por meio do uso de inibidores de proteases (IPs) presentes em plantas. Os inibidores são polipeptídeos de baixo peso molecular, com capacidade de inibir enzimas digestivas de insetos-pragas, resultando na interferência do ciclo de vida do inseto, redução de peso e mortalidade. A busca e caracterização de novos IPs em gergelim vêm sendo realizado com o intuito de oferecer a possibilidade de selecionar genótipos que apresentem alto teor de inibidores de tripsina e que confirmam tolerância a pragas. Objetivou-se com este trabalho, caracterizar os inibidores de proteases presentes em três genótipos de gergelim do BAG da Embrapa, visando o controle de *P. interpunctella*. Os extratos proteicos dos genótipos BRS-SEDA, CNPA G3 e CNPA G4, com alto teor de inibição para tripsina pancreática bovina (TPB), foram submetidos a fracionamento proteico com sulfato de amônia. As frações proteicas obtidas foram analisadas, em ensaios bioquímicos e testadas com TPB e homogenato intestinal (HI) de *P. interpunctella*, sendo avaliadas suas atividades inibitórias, estabilidade térmica (40°C a 100°C) e hidrogeniônica (pH 6,5 a 10,5). Os resultados evidenciaram um maior teor de inibidores de tripsina nos extratos proteicos das frações F2 dos três genótipos, com 60% a 78% de inibição em homogenato intestinal. Quanto à estabilidade térmica, os inibidores dos três genótipos foram relativamente estáveis às variações de temperatura com 48% a 67% de inibição, destacando maior estabilidade a 40°C. A estabilidade hidrogeniônica dos inibidores revelou que todos os extratos apresentaram padrões de inibição semelhantes, com 62% a 80% de atividade inibitória; no que diz respeito ao pH de melhor atividade observou-se maior taxa de inibição no pH 8,5. Conclui-se que os genótipos BRS-SEDA, CNPA G3 e CNPA G4 possuem alto teor de inibidores proteicos relativamente estáveis em diferentes temperaturas e pHs, o que sugere potentes candidatos para o programa de melhoramento da espécie com finalidade de tolerância a pragas de grãos armazenados.

Suporte financeiro: EMBRAPA/Rede REPENSA/CAPES/CNPq

## Regeneração *in vitro* do Inhame (*Dioscorea sp*)

Guedes da Silva FC<sup>1</sup>; Costa CP<sup>1</sup>; LLamoca-Zarate RM<sup>1</sup>.

Departamento de Biologia Molecular, CCEN, UFPB, João Pessoa, PB

*flavia.cguedes@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Dioscorea alata*, *Dioscorea rotundata*, inhame, micropropagação, túberas-semente

O inhame (*Dioscorea sp*) é uma espécie vegetal de importância socioeconômica no Nordeste Brasileiro. Esta espécie é produtora de túberas altamente energéticas, ricas em carboidratos, vitamina do complexo B e minerais, quando em cultura agrícola o inhame apresenta baixa produtividade, que pode ser explicada pelo manejo inadequado da cultura e pelo uso de túberas-semente de inferior qualidade (maturação e tamanhos diferentes, ferimentos e contaminação com patógenos) e elevado custo. Sendo limitante a qualidade das túberas-semente e representando 60% do custo de produção é de necessidade prover material de propagação de excelente qualidade e de custo mais econômico. Neste trabalho, objetivamos o estabelecimento de um protocolo de regeneração *in vitro* que possa ser utilizado como alternativa na produção de mudas-semente. Explantes nodais entre 0,5-1,0 cm de comprimento de *Dioscorea alata* e *Dioscorea rotundata* foram desinfetados e transferidos asépticamente para meio MS semi-sólido, contendo sais e vitaminas MS, sacarose a 3%, ágar a 1,2%, pH a 5,8, carvão ativado a 0,1% e diferentes concentrações de BAP (0,0; 0,1; 0,25; 0,5 mg/L) e incubados a 25±1°C e fotoperíodo de 16h. O maior número de brotos por explante foi 2,8 e 2,0 no meio MS com BAP a 0,25 mg/L nas espécies de *D. rotundata* e *D. alata*, respectivamente. Após três meses de incubação em meio de manutenção, as plântulas com raízes foram transferidas para substrato solo: areia (1:1) para aclimatização, observando-se aspecto normal e crescimento similar ao de plantas nativas provenientes de túberas-semente.

## Análise genômica de Tyba, uma sequência de DNA específica dos holocentrômeros de *Rhynchospora*

Marques, André<sup>1,2\*</sup>; Ribeiro, Tiago<sup>1,2</sup>; Vanzela, André<sup>3</sup>; Macas, Jiri<sup>4</sup>; Šimková, Hana<sup>5</sup>; Pellino, Marco<sup>1</sup>; Schubert, Veit<sup>1</sup>; Houben, Andreas<sup>2</sup>; Pedrosa-Harand, Andrea<sup>1</sup>

1Laboratório de Evolução e Citogenética Vegetal, Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco, Brasil; 2Leibniz-Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Corrensstr. 3 Gatersleben 06466, Germany; 3Departamento de Biologia Geral, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, Paraná, Brasil; 4Laboratory of Molecular Cytogenetics, Institute of Plant Molecular Biology, Biology Centre AS CR, Ceske Budejovice, Czech Republic; 5Institute of Experimental Botany, Šlechtitelů 31, Olomouc CZ-78371, Czech Republic

*andre.smsilva@ufpe.br*

Os centrômeros são responsáveis pela segregação cromossômica adequada durante mitose e meiose. Em algumas espécies, ditas holocêntricas, esta região especializada se encontra dispersa longitudinalmente e a atividade centromérica ocorre ao longo de todo o comprimento cromossômico. Nenhuma sequência de DNA específica dos centrômeros (cenDNA) de holocêntricos havia sido descrita, levando à conclusão que a organização dos centrômeros holocinéticos não permite o estabelecimento de sequências centroméricas em tandem. Entretanto, a partir de dados de sequenciamento de nova geração foi isolada uma nova família de DNA satélite com um tamanho de monômero de 171 pb (denominada Tyba) no gênero *Rhynchospora* (Cyperaceae), que apresenta cromossomos holocêntricos. A localização da mesma por hibridização *in situ* fluorescente (FISH) revelou se tratar de uma sequência centrômero-específica. No presente trabalho, a organização genômica de Tyba foi investigada a partir de sequenciamento Illumina do genoma total e de cromossomos artificiais de bactérias (BACs) selecionados para a presença de Tyba nos seus insertos. Os dados de sequenciamento genômico demonstraram que Tyba representa de 3% a 6% do genoma de diferentes espécies de *Rhynchospora*. No entanto, a mesma análise identificou apenas pequenos rastros do satélite Tyba abaixo de 0,1% em genomas de outros gêneros de Cyperaceae. Análises mais detalhadas do satélite Tyba evidenciou a presença de duas subfamílias variando em abundância nas diferentes espécies. Quatro BACs enriquecidos com a sequência (BAC 16N6 = ~130 kb; BAC 17B4 = ~130 kb; BAC 3C6 = ~140 kb; BAC 5C1 = ~110 kb) revelaram que entre 30% (BAC5C1) a 65% (BAC3C6) do total de *reads* obtidos por clone corresponderam a sequências de Tyba. A análise preliminar da montagem dos BACs mostrou uma distribuição intercalada de arranjos de Tyba (variando de ~35kb a ~100kb de extensão) com regiões de cromatina rica em sequências de cópia única (genes e pseudogenes) e retroelementos. Com base nesses resultados é proposto um modelo para organização da cromatina centromérica em cromossomos holocêntricos.

Agradecimentos: AM, TR, AH e o projeto são financiados pela Cordenção de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

## Efeito do Endosperma na Capacidade de Expansão de Híbridos e seus Recíprocos de Milho Pipoca

Farias, JE<sup>1</sup>; Silva, TP<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Galvão, SP<sup>1</sup>; Mota, IBB<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

*joaoesdras7@gmail.com*

**Palavras-chave:** cruzamentos, genitor, tratamento

O milho pipoca possui popularmente grande aceitação entre os brasileiros, sendo encontrados nos mais variados estabelecimentos comerciais de venda de alimentos, porém esta cultura possui como principal obstáculo para sua produção um pequeno número de cultivares de milho pipoca não só com características agrônômicas favoráveis, mas também com alto índice de capacidade de expansão (CE). A referida é o maior indicador de qualidade do milho pipoca para comercialização, ou seja, quanto maior for a capacidade de expansão maior o valor comercial do cultivar e o que determina esse indicador é uma relação entre o volume de pipoca obtido e a massa de grãos medida antes de serem pipocados. No milho ocorre a dupla fertilização onde os núcleos reprodutivos do grão de pólen se funde com a oosfera, gerando a célula ovo ou zigoto. Esta, por crescimento e diferenciação, origina o embrião. O outro núcleo reprodutivo se funde com os núcleos polares, formando uma célula triploide, que, após se dividir mitoticamente, origina o endosperma, tecido de reserva da semente. Desta forma o endosperma da semente possui 2/3 do patrimônio genético da planta mãe e 1/3 da planta pai. Nessa perspectiva o presente trabalho teve como objetivo analisar o efeito materno do endosperma através da capacidade de expansão de 10 híbridos de milho pipoca resultantes dos cruzamentos entre 6 genótipos provenientes do banco de sementes do Laboratório de Biologia da Universidade Federal do Ceará – Campus Cariri. O delineamento em blocos casualizados onde cada variedade distribuiu-se em duas repetições. A característica capacidade de expansão proporcionou a formação de grupos, sendo que os híbridos 1x3, 1x2, 1x5, 1x6 apresentaram o melhor desempenho, com estimativas de 33; 31,67, 31,67 e 31,33 mL.g<sup>-1</sup>, respectivamente. Dentre os híbridos com pior desempenho, estão os cruzamentos 1x4, 3x1, 4x1 e 5x1, com os valores de capacidade de expansão abaixo do limite comercial que é de 30 mL/g. Apesar do genitor Barão de Viçosa utilizado como feminino no cruzamento 1x4 ter uma baixa capacidade de expansão, ele ainda foi superior quando comparado com seu recíproco 4x1, indicando a eficiência desse genótipo como genitor feminino. O genótipo Barão de Viçosa como genitor feminino, em 100% dos tratamentos, apresenta as maiores capacidades de expansão se comparados com seus recíprocos.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap e UFCA.

## AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO CAUPI (*Vigna unguiculata*), PARA INÍCIO DE UM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO.

Souza, BAS<sup>1</sup>; Freitas Junior, SP<sup>2</sup>; Bezerra, MJM<sup>1</sup>; Souza, RF<sup>1</sup>; Caldas, ACA<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de ciências agrárias e biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de fitotecnia, Universidade Federal do Cariri, UFCA, Crato, CE

*bren-do2011@live.com*

**Palavras-chave:** Feijão-caupi, Melhoramento, Avaliação, Crioula, Leguminosas.

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) adapta-se bem às condições de solo, clima e sistemas de cultivo em relação a outras leguminosas, porém, nem sempre com bons níveis de rendimento. O feijão caupi é explorada principalmente por pequenos agricultores, utilizando baixa tecnologia em todo o processo produtivo da lavoura. O presente trabalho teve como objetivo avaliar três características morfológicas de interesses agrônômicos das distintas variedades crioulas recolhidas do feijão caupi na região do Cariri Cearense. O experimento foi instalado no dia 14 de março de 2013. Foram utilizados as cultivares Canapu Quitaius, Coruja, Coruja Vagem Roxa, Rosinha, Pingo de Ouro, Francisco de Assis, Comércio Crato, Beira Rio, Zé Matias, Sempre Verde, Costelão, G. Francisco de Assis, Clarinho, Canapu Ligeiro e Canapu Verdadeiro coletados na região do Cariri Cearense. Foram avaliados a altura das plantas (AP), o número de vagens por planta (NVP), número de sementes por vagem (NSV). O delineamento experimental em blocos casualizados, 15 tratamentos e quatro repetições. Foram abertas covas com espaçamento de 50 cm entre plantas e 50 cm entre linhas. Cada bloco contendo 30 linhas, com 5 metros de comprimento e 10 covas. O plantio foi manual e as sementes foram distribuídas nos blocos, utilizando duas linhas para cada variedade. Para determinar a ordem de semeadura foi realizado o sorteio no programa Genes (2009), determinando o número e a linha que cada variedade ocupou nos blocos. A semeadura foi conduzida utilizando três e quatro sementes por cova de forma alternada. Os dados foram avaliados através do programa Genes (2009) e submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$ . Levando-se em consideração os resultados obtidos, podemos observar que as cultivar que apresentou maior valor para altura das plantas foi Feijão Grande (2,32 m), seguida por Costelão (2,29 m). Para a característica número de vagens total a variedade Sempre Verde (219,25) obteve maior média, seguida do feijão grande (155,75) e com menor resultado G. Francisco de Assis (47). A cultivar Canapu Verdadeiro destacou-se com maior número de sementes por vagem (15,05), seguido do Canapu Ligeiro (14,9) e a menor média foi a cultivar Pingo de Ouro (10). Os genótipos que obtiveram melhores resultados para as características avaliadas foram a feijão grande e costelão sendo estas as mais indicadas para dar seguimento a um programa de melhoramento.

Apoio Financeiro: CNPq, Funcap, UFCA, NEFIMP.



## Expressão de fatores de transcrição em feijão-caupi sob estresse salino

Amorim, LLB<sup>1</sup>; Ferreira-Neto, JR<sup>1</sup>; Kido, EA<sup>1</sup>; Bezerra-Neto, JP<sup>1</sup>; Santos, MG<sup>1</sup>; Costa, AF<sup>2</sup>; Benko-Iseppon, AM<sup>1</sup>.

1Universidade Federal de Pernambuco - UFPE/CCB/Genética, Recife-PE, Brasil; 2Instituto Agrônomo de Pernambuco, Av. Gal. San Martin, 1371, Recife, PE

*lidiane.amorim@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, PCR em tempo real, estresse abiótico.

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma das principais culturas alimentares de subsistência nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. O projeto Brasileiro do Transcriptoma do Feijão-Caupi (rede NordEST) gerou um número significativo de transcritos, os quais estão sendo analisados no sentido de promover o melhoramento genético frente aos principais estresses bióticos e abióticos que acometem tal cultura. Por isso, objetivo deste trabalho foi identificar genes candidatos das famílias de fatores de transcrição C2H2, HDZIP e DOF, os quais potencialmente contribuem para a tolerância à salinidade em feijão-caupi. Nesse sentido, tags SuperSAGE (26 pb) obtidas de genótipos tolerante (Pitiúba) e sensível (BR14-Mulato) à salinidade foram obtidas de bibliotecas transcriptômicas diferencialmente expressas após aplicação do estresse (30, 60, 90 min), em relação ao controle. Os transcritos de SuperSAGE foram ancorados em ESTs de feijão-caupi obtidos em diversas condições de estresse biótico e abiótico, permitindo o desenho pares de primers para análise em PCR em tempo real (RT-qPCR). Os genes Ubiquitina e Unk foram escolhidos como genes de referência para as análises de quantificação relativa após avaliação no programa GeNorm, apresentando-se como os mais estáveis comparativamente aos demais testados (Act27,  $\beta$ -tub e Skp16). Na validação por RT-qPCR foi observada maior expressão do gene *Vu*C2H2 na cultivar Pitiúba (tolerante à salinidade) em todos os tratamentos avaliados. No entanto, não foi observada expressão diferencial na cultivar BR14-Mulato (sensível), sugerindo que este gene é importante na regulação da resposta de tolerância a salinidade no genótipo tolerante. Em milho esse gene C2H2 (identificado como ZFP36) é necessário para tolerância à desidratação e ao estresse oxidativo, indicando que o mesmo também pode ser ativado em condição de salinidade, como detectado no presente trabalho. Já o gene *Vu*HDZIP, apresentou aumento da expressão no primeiro e segundo tempo (30 e 60 min) apenas na cultivar BR14-Mulato. A expressão do gene *Vu*DOF foi reprimida em ambos os genótipos em todos os tempos. Já em tomate o gene DOF (SICDFs) é considerado importante na tolerância à desidratação e à salinidade. Análises complementares com genes dessas subfamílias estão planejadas e devem fornecer evidências adicionais sobre o papel desses genes na tolerância à salinidade.

Apoio financeiro: CNPq, FACEPE, CAPES e Embrapa Macroprograma 2.

## AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO AGRONÔMICO DE 55 GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA NO MUNICÍPIO DE LAVRAS DA MANGABEIRA, CEARÁ

Souza, RF<sup>1</sup>; Freitas Junior, SP<sup>2</sup>; Lima, VJ<sup>1</sup>; Mendes, KP<sup>1</sup>; Lima Filho, FP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de ciências agrárias e biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de fitotecnia, Universidade Federal do Cariri, UFCA, Crato, CE

*rysleyfernandes@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Zea mays* L., dialelo completo, híbrido, genótipo, variabilidade genética.

O milho pipoca (*Zea mays* L), apesar de altamente apreciado no Brasil e possuir uma boa opção econômica, por apresentar um valor comercial superior ao milho comum, carece de maior intensidade de lançamentos de variedades e híbridos superiores, com alta produtividade e qualidade, adaptados as variadas regiões do país. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento de 45 híbridos e seus 10 genitores provenientes do programa de obtenção de uma nova cultivar de milho pipoca para a região do cariri cearense. Os experimentos foram conduzidos no primeiro semestre de 2013 no município de Lavras da Mangabeira, Ceará. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela constituída de 5 m, espaçadas de 1 m. Foram avaliados 55 genótipos (45 híbridos e 10 genitores) de milho pipoca oriundos de dialelo completo entre dez linhagens comerciais, quanto aos caracteres agronômicos: capacidade de expansão, peso de grãos e peso de espiga. A análise de variância foi efetuada, considerando-se o modelo fixo,  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$ , sendo as médias agrupadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade de erro. Pela análise de variância verifica-se que a maioria dos caracteres apresentaram-se altamente significativos indicando grande viabilidade entre os genótipos. Pelo agrupamento de média verifica-se que para o caractere, capacidade de expansão, os genótipos  $P_9 \times P_9$  (29,3 mL g<sup>-1</sup>),  $P_2 \times P_5$  (27 mL g<sup>-1</sup>) apresentaram as melhores médias, sendo os genótipos  $P_8 \times P_8$  (1955 kg ha<sup>-1</sup>) o mais produtivo dos genitores e  $P_4 \times P_8$  (3150 kg ha<sup>-1</sup>) com melhor produção entre os híbridos. Apesar de não diferir significativamente o caractere peso de grão, apresentou médias bastante significativas para a maioria dos genótipos, com valores para peso de grão acima de 2000 kg ha<sup>-1</sup>, sendo que os genótipos  $P_4 \times P_{10}$  (3177 mL g<sup>-1</sup>),  $P_4 \times P_6$  (2803 kg ha<sup>-1</sup>), apresentaram as melhores médias. A característica peso de espiga, também deferiu pelo teste de média entre todos os tratamento, sendo que os genitores apresentaram média (1431 kg ha<sup>-1</sup>) inferior a dos híbridos com 2263 kg ha<sup>-1</sup> indicando a superioridade dos mesmos em relação aos pais. Com base nos resultados, conclui-se que a maioria dos genótipos, apresentaram excelente desempenho nas condições edafoclimáticas da região, dando destaque aos híbridos  $P_4 \times P_8$  e  $P_4 \times P_{10}$  com excelente produção e  $P_2 \times P_5$ , com maior capacidade de expansão, mostrando-se bem promissores.

Apoio Financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap, UFCA.

## DESEMPENHO AGRONÔMICO DE 55 GENÓTIPOS DE MILHO PIPOCA NO CENTRO SUL CEARENSE

Galvão SP<sup>1</sup>; Lima Filho FP<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Universidade Federal Rural do Pernambuco, UFRPE, Recife, PE

*sydneyhkey@gmail.com*

**Palavras-chave:** Variedades, Crioulos, genótipos

O milho pipoca é uma cultura de alto valor econômico, e com o surgimento de novas tecnologias para seu pipocamento, sua produção e consumo vem aumentando. Apesar de altamente apreciado, carece de lançamentos de variedades melhoradas e adaptadas a várias regiões do país. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento de 45 híbridos e seus 10 genitores provenientes do programa de obtenção de uma nova cultivar de milho pipoca para a região do cariri cearense, nas condições edafoclimáticas da região. Os experimentos foram conduzidos no primeiro semestre de 2013, no município de Lavras da Mangabeira Ceará. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com quatro repetições, sendo cada parcela constituída de 5 m, espaçadas de 1 m. Foram avaliados 45 híbridos e 10 genitores de milho pipoca oriundos de dialelo completo entre dez linhagens comerciais, quanto aos caracteres agronômicos: estande final, altura de planta, altura de espiga. Análises de variância para os dois ambientes foram efetuadas, considerando-se o modelo fixo,  $Y_{ij} = \mu + \tau_i + b_j + \xi_{ij}$ , sendo as médias agrupadas pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade de erro. Pela análise de variância verifica-se que a maiorias dos caracteres nos dois ambientes apresentaram-se altamente significativos indicando grande viabilidade entre os genótipos. Para a característica estande (EST) no momento da colheita, verifica-se que a maiorias dos genótipos apresentaram índice superior a 80%, com exceção dos genótipos  $P_6 \times P_6$ ,  $P_7 \times P_7$ ,  $P_8 \times P_8$ ,  $P_5 \times P_9$ , que obtiveram índice inferior a 80%. Esse baixo índice de densidade de plantas parcela-1 indica que os genótipos em questão foram influenciados fortemente pelas condições climáticas da região. As características altura de plantas (ALTP) e altura de espiga (ALTE) apresentaram diferença entre todos os tratamentos (genitores e híbridos), sendo que as médias dos genitores (ALTP: 2,4 m e ALTE: 1,3 m) foram melhores em relação a médias dos híbridos (ALTP: 2,7 m e ALTE: 1,4 m), pois a prioridade e selecionar genótipos de menor porte, os quais estão menos suscetíveis ao acamamento e facilitam a colheita mecânica. Com base nos resultados apresentados conclui-se que os materiais oriundos do dialelo completo apresentaram-se bastante promissores para futuros trabalhos de melhoramentos na região do Cariri cearense.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap, NEFIMP e UFCA.

## SELEÇÃO DE *PRIMERS* DE ISSR PARA ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DO BANCO DE GERMOPLASMA DE *LACTUCA SATIVA L.* DO INSTITUTO AGRONÔMICO DE PERNAMBUCO – IPA

Silva, K. P.<sup>1,2</sup>; Lira-Neto, A.C.<sup>2</sup>; Rosa, R. C. T.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Pernambuco – UPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco – IPA, Recife, PE

karlinharos@hotmail.com

**Palavras-chave:** Diversidade genética, ISSR multiplex, PIC, MI, RP.

A alface é uma hortaliça de grande importância para a economia mundial. A região centro – sul do Brasil é responsável pela maior parte da sua produção no país e é onde está concentrada a maior parte das pesquisas relacionadas ao melhoramento genético, visando geralmente atender às necessidades desta região. A região Nordeste, além de apresentar temperaturas mais elevadas, tem uma preferência pelo consumo de alfaces com folhas mais escuras ao contrário do Centro – sul, onde as folhas mais claras são as mais procuradas. Estas particularidades apontam para a necessidade de desenvolvimento de um programa de melhoramento de alface específico para o Nordeste. Desta forma, este trabalho visou oferecer subsídios para estudos futuros da diversidade genética do banco ativo de germoplasma (BAG) do Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA, podendo colaborar para o desenvolvimento de programas específicos de melhoramento para o Nordeste brasileiro. A extração de DNA genômico foi mediante a aplicação do protocolo de CTAB 2%. A seleção dos melhores iniciadores foi realizada com treze *primers* individuais e seis combinações de ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Para os testes, foram utilizados seis indivíduos representantes de seis acessos distintos: crespa para verão, P6F6, P43F5, P53F7, Vera e Yuri. A eficácia dos iniciadores ISSR na estimativa da variabilidade genética foi avaliada através dos índices de informatividade (Conteúdo de Informação Polimórfica-PIC; Índice do Marcador-MI; Poder de Resolução-RP). Também foram levados em consideração o número e a distribuição dos *loci*. O sistema representado por 13 *primers* individuais e 6 multiplex compostos pela combinação de dois iniciadores gerou um total de 1.334 fragmentos com uma elevada média de 222 por acesso. O número total de *loci* foi 275, com média de 14,47 por *primer* dos quais apenas 31,5% foram polimórficos. Pôde-se observar baixos valores de diversidade genética com uma grande variação que vai de 9,09% (868) até 54,55% (857). Os maiores valores foram encontrados para o *primer* 857 (DG e MI), para a combinação 846-857 (PIC) e para o 842 (RP). Para todos os índices de informatividade o iniciador com os menores valores foi o 868. Os resultados observados com a utilização de combinações de duplas de *primers* foram similares aos com *primers* únicos. Foram obtidos 87 *loci* com os primeiros e 188 com os segundos, resultando em uma média de 15 e 14, respectivamente. A dupla mais informativa foi a 836-857 com Dg de 50% estando em segundo lugar quando considerado todo o conjunto. Não houve distinção entre os resultados obtidos com *primers* únicos ou multiplex, sendo necessários mais testes comparativos utilizando-se géis de poliacrilamida. O iniciador 857 e a combinação 836-857 se mostraram mais eficientes em acessar a diversidade genética de *Lactuca sativa L.*, enquanto que o 868 demonstrou ser menos eficientes.

## DESEMPENHO DE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DE FIBRAS LONGAS EM CONDIÇÕES DO SEMIÁRIDO NORDESTINO

Farias, F.J.C<sup>1</sup>; Pedrosa, M<sup>2</sup>; Carvalho, L.P<sup>1</sup>; Zonta, J.B<sup>1</sup>; Santos, J.W.dos<sup>1</sup>; Sofiatti, V<sup>1</sup>; Bezerra, J.R.C<sup>1</sup>; Vasconcelos, W.S<sup>3</sup>; Vasconcelos, U.A.A<sup>3</sup>; Assunção, J.H de<sup>1</sup>; Araújo, G.P<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Algodão; <sup>2</sup>Fundação Bahia; <sup>3</sup>UEPB/CCA

*francisco.farias@embrapa.br*

**Palavras-chave:** melhoramento, desempenho, cultivares, qualidade de fibras, *Gossypium hirsutum* L.

A cotonicultura brasileira teve um aumento significativo na sua produção nas últimas três décadas, devido principalmente ao emprego de novas tecnologias. A indústria têxtil demanda algodão de fibra longa para a produção de tecidos com qualidade superior, agregando ainda mais valor à sua cadeia produtiva. Neste contexto, é de fundamental importância que a pesquisa disponibilize aos produtores cultivares produtivas de elevada qualidade de fibras e que sejam adaptadas às condições do Semiárido da região Nordeste. Objetivou-se com esse trabalho identificar novas linhagens de fibra longa oriunda do Programa de Melhoramento da Embrapa Algodão. O experimento foi conduzido na FINOBRASA, localizado no município de Ipanguaçu/RN no ano de 2013. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados com 8 tratamentos e 4 repetições. A parcela experimental foi constituída por 4 fileiras de 5 m lineares, com espaçamento de 0,95m entre fileiras, perfazendo 19 m<sup>2</sup>, com área útil de 9,5 m<sup>2</sup>, correspondente as duas linhas centrais com 8 a 10 plantas por metro linear. As características avaliadas foram as seguintes: produtividade de algodão em caroço (PAC), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PAF), comprimento de fibra (COMP), resistência (RES), índice micronaire (FIN) e fiabilidade (FIAB). As características tecnológicas da fibra foram avaliadas pelo HVI, no Laboratório de Fibras da Embrapa Algodão. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o pacote computacional SAS versão 9.1. Com relação à produtividade de algodão em fibra (PAF), a maior média foi obtida pela linhagem CNPA BA 2009-2270 (1720 kg/ha) que produziu 54% e 18% acima das médias obtidas pela testemunha BRS ACACIA (1115 kg/ha) e BRS 336 (1449,30 kg/ha) respectivamente, indicando elevado potencial produtivo. Quanto à característica porcentagem de fibras (PF%), as maiores médias foram obtidas pelas linhagens CNPA BA 2009-2270 (39,50%), CNPA BA 2008-115 (38,45%) e CNPA BA 2009-2247 (38,32%). A maioria dos genótipos avaliados apresentou as características de fibras dentro dos padrões exigidos pela indústria têxtil, com destaque para BRS ACACIA que obtiveram médias de comprimento e resistência superiores às demais linhagens testadas.

Apoio financeiro: Embrapa Algodão, UEPB, CAPES –Bolsa de Mestrado

## Localização da heterocromatina por meio da coloração CMA/DAPI e DNAr 45S em espécies da tribo Vernonieae Cass. (Asteraceae Bercht. & J. Presl)

Marinho, MAO<sup>1</sup>; Sales-Melo, MRC<sup>2</sup>; Oliveira, MBM<sup>3</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco; Departamento de Biologia, Genética; Programa de Pós-graduação em Botânica; Laboratório de Citogenética Vegetal, Recife, Pernambuco, Brasil; <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco; Departamento de Biologia, Botânica; Recife, Pernambuco, Brasil; <sup>3</sup>Universidade Federal de Pernambuco; Departamento de Bioquímica, Recife, Pernambuco, Brasil.

angelchine@gmail.com

**Palavras-chave:** *Centratherum* – fluorocromos - FISH - Variação interespecífica - *Vernonia*

Do ponto de vista taxonômico, a tribo Vernonieae Cass. (Asteraceae Bercht. & J. Presl), apresenta problemas de delimitação, sendo considerado um dos grupos mais complexos desta família apresentando aproximadamente 1.100 espécies distribuídas em 129 gêneros. Neste estudo foi realizada uma análise comparativa entre as espécies de Vernonieae a fim de compreender eventos citogenéticos envolvidos no processo de evolução cromossômica desse taxa e auxiliar na taxonomia do grupo. Cinco espécies (*Centratherum punctatum*, *Vernonia cinerea*, *V. condensata*, *V. brasiliiana*, *V. scorpioides*) foram caracterizadas citogeneticamente analisando o padrão de bandeamento cromossômico com fluorocromos CMA/DAPI e a FISH. Para isso, pontas de raízes foram tratadas com 8-hidroxiquinoleína a 2mM e fixadas em Carnoy. Para preparação das lâminas, as raízes foram hidrolisadas em celulase (2%) e pectinase (20%) por duas horas a 37°C, seguindo a técnica de esmagamento, foram envelhecidas por três dias e coradas com 10ul de CMA (0,5 mg/ml) por 1h e em seguida com 10ul de DAPI (2 ug/ml) por 30 min e montadas em 10ul de tampão glicerol/McIlvaine pH 7,0. As espécies foram também investigadas via hibridização in situ fluorescente utilizando sondas de DNAr 45S. Posteriormente as lâminas foram analisadas e fotografadas utilizando-se o programa Adobe Photoshop para montagem das pranchas. Foi detectada variação numérica de  $2n=18$  a  $2n=60$  e também variação no padrão de bandas heterocromáticas principalmente em relação às bandas CMA<sup>+</sup>, cujo número variou de 4 a 16 bandas. Por outro lado, apenas uma espécie, *V. scorpioides*, apresentou bandas DAPI positivas, localizadas na posição terminal da maioria dos cromossomos. Houve coincidência na localização dos sítios de DNAr 45S com as bandas CMA<sup>+</sup> dos cariótipos de todas as espécies. Isso sugere que as sequências ribossômicas são ricas em pares de base GC e que fazem parte do componente heterocromático nuclear, além de estarem associadas às RONS. Em *Vernonia scorpioides*, *V. brasiliiana* e *V. condensata* ocorreram mais bandas CMA<sup>+</sup> que sítios DNAr 45S. Os números variaram de dois em *Vernonia scorpioides* e *V. brasiliiana*; quatro em *Centratherum punctatum* e *V. cinerea*; e seis em *V. condensata*. As diferenças no tamanho e quantidades de bandas heterocromáticas reveladas podem estar relacionadas a pequenas alterações estruturais envolvidas nos processos de evolução cariotípica da tribo Vernonieae. Além disso, estes dados ampliam o conhecimento citogenético da flora brasileira do ponto de vista citotaxonômico para Asteraceae, fornecendo subsídios para futuros estudos taxonômicos na família. Dessa forma, foi possível observar uma diferenciação cariotípica dos acessos analisados através da localização das diferentes marcas cromossômicas.

Suporte financeiro: CNPq, FACEPE.

## Índices de assimetria em espécies da tribo Vernonieae Cass. (Asteraceae Bercht. & J. Presl)

Marinho, MAO<sup>1</sup>; Sales-Melo, MRC<sup>2</sup>; Oliveira, MBM<sup>3</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco; Departamento de Biologia, Genética; Programa de Pós-graduação em Botânica; Laboratório de Citogenética Vegetal, Recife, Pernambuco, Brasil; <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco; Departamento de Biologia, Botânica; Recife, Pernambuco, Brasil; <sup>3</sup>Universidade Federal de Pernambuco; Departamento de Bioquímica, Recife, Pernambuco, Brasil.

angelchine@gmail.com

**Palavras-chave:** Citotaxonomia - Morfometria - Índice centromérico – Pernambuco - Variação interespecífica.

Os representantes da família Asteraceae Bercht. & J. Presl ocorrem em todo o mundo e em quase todos os tipos de ambiente. No Brasil, a família está bem representada, sendo a mais numerosa de todas as Eudicotiledoneae, representando cerca de 10% da flora mundial. Dentre suas tribos, Vernonieae Cass. apresenta muitas divergências quanto à delimitação dos seus gêneros. Neste estudo foram analisadas de forma comparada 11 espécies (*Centratherum punctatum* Cass., *Elephantopus mollis* Kunth e *E. hirtiflorus* DC., *Pithecoseris pacourinoides* Mart. ex DC., *Blanchetia heterotrichia* DC., *Vernonia cinerea* (L.) Less., *V. Chalybaea* Mart. Ex DC., *V. condensata* Baker, *V. brasiliana* (L.) Druce e *V. scorpioides* (Lam.) Pers., *Rolandra fruticosa* Rottb.) pertencentes à essa tribo ocorrentes no estado de Pernambuco a fim de determinar o número cromossômico, polimorfismos cariotípicos e a relação entre os valores de assimetria cariotípica. Para caracterizar as espécies citogeneticamente e entender eventos citogenéticos foi analisado o Comprimento Total Haploide da Cromatina (CTHC), Índice Centromérico (IC), Tamanho dos Braços Curtos (BC) e Longos (BL), Razão entre os braços curtos e longos (R), Comprimento Médio Cromossômico (CMC) e índices de assimetria intra ( $A_1$ ) e intercromossômica ( $A_2$ ). De acordo com os resultados morfométricos todas as espécies apresentaram cariótipos simétricos com predominância de cromossomos metacêntricos. Observou-se variação no número cromossômico de  $2n = 18$  a  $2n = 60$  e tamanho cromossômico (1,0 a 4,09 $\mu$ m). O comprimento cromossômico total variou de 58,31 $\mu$ m em *Pithecoseris pacourinoides* a 192,70 $\mu$ m em *Blanchetia heterotrichia*. A média do comprimento cromossômico foi maior para *B. heterotrichia* e menor para *Pithecoseris pacourinoides* quando correlacionado com o CTHC. Esses dados revelaram alta similaridade entre os cariótipos estudados, ao menos em relação à morfologia cromossômica, mesmo em espécies pertencentes a diferentes gêneros. Entretanto foi detectado variabilidade de número e tamanho cromossômico entre as espécies. As diferenças encontradas em alguns dos parâmetros cariotípicos investigados (número e condensação cromossômica) é um indicativo da diferenciação intraespecífica presente no gênero *Vernonia*. Fenômenos como a disploidização e aloploidização podem ter ocorridos no percurso evolutivo do grupo, podendo ser encontradas espécies com diferentes níveis de ploidia.

Suporte financeiro: CNPq, FACEPE.

## Estudos Citogenéticos e bandeamento cromossômico com fluorocromos DAPI E CMA em espécies da família Solanaceae

Silva, TL<sup>1</sup>; Gitaí, J<sup>1</sup>; Benko-iseppon AM<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Unidade Acadêmica de Serra Talhada, UFRPE/UAST, Serra Talhada, PE; <sup>2</sup>Universidade Federal de Pernambuco, UFPE, Recife, PE

tacianalopes.silva@gmail.com

**Palavras-chave:** Citogenética, Solanaceae, heterocromatina, Bandeamento, DNA repetitivo.

A família Solanaceae apresenta cerca de 96 gêneros e 3000 espécies, amplamente distribuídas nos trópicos e regiões temperadas destacando-se várias espécies de importância econômica devido as características ornamentais, medicinais e de fonte de alimento. No presente estudo foram realizadas análises cariotípica através da coloração convencional (HCL/Giemsa) em 11 espécies; *Datura tatula* L., *Lycium chinense* Mill, *Physalis alkenkegi* L., *Solanum atropurpureum* Schrank, *Solanum dulcamara*, *Solanum nigrum* L., *Withania somnifera* (L.) Dunal, bem como as primeiras análises cromossômicas para *Datura ferox*, *Hyoscyamus niger* L., *Nierembergia frutescens* Miers, *Solanum racemiflorum*. As sementes foram postas para germinar em Placas de Petri, as pontas de raízes foram coletadas e pré-tratadas com 8HQ (2mM) por 24 hora a 4°C, fixadas e estocadas em Carnoy (Etanol/Ácido-acético, 3:1). Para a caracterização da heterocromatina (DNA satélite) associada às sequências de DNA ricas em GC/AT, foi adicionalmente utilizada a técnica de bandeamento com fluorocromos CMA/DAPI em *Datura ferox*, *Datura tatula* e *Solanum dulcamara*. Estas espécies receberam tratamento enzimático (celulase 2% + pectinase 20%; Onozuka SS/Calbiochem), as lâminas foram preparadas através do método de esmagamento em ácido acético 45%, envelhecidas durante três dias protegidas de luz e coradas sequencialmente. Os números cromossômicos encontrados para as espécies analisadas foram 2n=18; *Nierembergia frutescens*; 2n=22 para *Datura ferox* e *Solanum atropurpureum*; 2n=24 para *Datura tatula*, *Lycium chinense*, *Physalis alkenkegi*, *Solanum dulcamara* e *Withania somnifera*; 2n=98 para *Hyoscyamus niger* e para outros dois representantes do gênero *Solanum* foram encontrados diferentes números cromossômicos sendo 2n=26 para *Solanum racemiflorum* e 2n=64 para *Solanum nigrum*. Todas as espécies apresentaram a predominância de cromossomos metacêntricos e submetacêntricos e os núcleos interfásicos observados foram do tipo semi-reticulado com condensação homogênea. A coloração com fluorocromos nas espécies analisadas apresentou um par cromossômico com bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> terminais provavelmente correspondente às RONS revelando uma semelhança em relação ao posicionamento da heterocromatina quanto baixa constituição de DNA repetitivo rico em AT.

Apoio: CNPq.



## Identificação de Cultivares de Feijão-Caupi (*Vigna unguiculata*) com Potencial para Inclusão no Programa de Melhoramento Genético

Lima, VJ<sup>1</sup>; Bezerra, MJM<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Farias, JEC<sup>1</sup>; Oliveira, FES<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

valter\_jario@hotmail.com

**Palavras-chave:** Variedades, Crioulos, Produtividade

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma espécie rústica bem adaptada às condições de clima e solo da região nordeste e ao mesmo tempo possuidora de uma grande variabilidade genética, podendo ser usada em diferentes sistemas de produção, tradicionais ou modernos. O objetivo do presente trabalho foi avaliar três características morfoagronômicas: Peso de cem sementes (P100S), Número total de Sementes (NTS) e Produtividade (PROD) das diferentes variedades de feijão caupi crioulos coletados na região do Cariri Cearense. O experimento foi realizado no campo experimental na Universidade Federal do Cariri, Campus Crato- CE. O experimento foi instalado no dia 14 de março de 2013. Foram utilizadas as cultivares Canapu Quitaius, Coruja, Coruja Vagem Roxa, Rosinha, Pingo de Ouro, Francisco de Assis, Comércio Crato, Beira Rio, Zé Matias, Sempre Verde, Costelão, G. Francisco de Assis, Clarinho, Canapu Ligeiro e Canapu Verdadeiro coletados na região do Cariri Cearense. O delineamento experimental em blocos casualizados, 15 tratamentos e quatro repetições. Foram abertas covas com espaçamento de 50 cm entre plantas e 50 cm entre linhas. Cada bloco contendo 30 linhas, com 5 metros de comprimento e 10 covas. O plantio foi manual e as sementes foram distribuídas nos blocos, utilizando duas linhas para cada variedade. Para determinar a ordem de semeadura foi realizado o sorteio no programa Genes (2009), determinando o número e a linha que cada variedade ocupou nos blocos. A semeadura foi conduzida utilizando três e quatro sementes por cova de forma alternada. Os dados foram avaliados através do programa Genes (2009) e submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$ . Foram realizadas duas colheitas. Tendo em vista os resultados analisados, as características variam de acordo com cada cultivar. A cultivar Comércio Crato apresentou maior peso de vagens (506,25g), porém obteve menor produtividade. No quesito número total de sementes a cultivar Zé Matias obteve maior média (1716,25), seguida do Clarinho (1155,25) e Sempre Verde (1023,5) e com menor resultado Beira Rio (187,5). As que tiveram melhores resultados de acordo com a produtividade característica agrônômica mais desejada destacam-se Feijão Grande (893,5 Kg.ha<sup>-1</sup>), Costelão (791,25 Kg.ha<sup>-1</sup>), Canapu Ligeiro (678 Kg.ha<sup>-1</sup>) sendo estas as mais indicadas para dar seguimento a um programa de melhoramento ou cultivo.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap, NEFIMP e UFCA.

## Avaliação do Vigor Através de Teste de Condutividade Elétrica Em Genótipos De Milho Crioulo Coletadas Nas Casas De Sementes da Região Do Cariri-Ce

Lima, VJ<sup>1</sup>; Brito, MC<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Souza, BAS<sup>1</sup>; Marco, CA<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Engenheira agrônoma, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE.

*valter\_jario@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Sementes, Crioulos, variedades

Os testes de vigor têm sido utilizados principalmente para complementar as informações fornecidas pelo teste de germinação. A utilização de métodos rápidos, confiáveis e de fácil execução para estimar a viabilidade das sementes é importante para o controle de qualidade nas empresas produtoras. Os testes rápidos mais estudados estão relacionados com eventos iniciais da sequência de deterioração das sementes, dentre os testes o de condutividade elétrica é mais promissor. O teste de condutividade elétrica visa avaliar a quantidade de íons presentes na água de embebição e, indiretamente, o vigor das sementes, baseando-se no fato de que o vigor está relacionado à integridade do sistema de membranas celulares. O objetivo desse trabalho foi avaliar o vigor das sementes de milho crioulo coletadas nas casas de Sementes da Região do cariri através condutividade elétrica. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biologia da UFCa Campus Crato. Para a realização do teste foram utilizadas sementes de milho crioulo das seguintes variedades Sabugo fino, Comum sabugo vermelho, Verdadeiro, Comum, Epamil, Ligeirinho e Antõe de Xande. Para o teste de condutividade elétrica foi utilizado na metodologia o sistema de massa, com quatro repetições de 50 sementes por lote. As sementes puras foram pesadas em balança com precisões (0,0001g) colocadas dentro de copos descartáveis de 200 ml e submersas em 75 ml de água destilada em seguida mantidas por 24 horas em câmara de crescimento (BOD) à temperatura de 25° C. Após este período, foi determinada a condutividade elétrica da solução de embebição em condutivímetro. Os resultados foram expressos em  $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$  de sementes em função do peso inicial das sementes utilizadas. Observa-se que o teste de CE foi eficiente ao discriminar o vigor das variedades estudados, tendo as variedades Comum sabugo vermelho ( $6,47 \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$ ) e Antõe de Xande ( $6,93 \mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$ ) apresentado os menores valores de CE e, portanto, melhor qualidade fisiológica. Indicando que esses genótipos apresentam baixo nível de danificação na semente melhorando significativamente a germinação e o vigor das mesmas.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap, NEFIMP e UFCA.

## Análise da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) em milho pipoca

Alencar, AAS<sup>1</sup>; Oliveira, AES<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Brito, LLM<sup>1</sup>; Sousa, LL<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Melhoramento Genético de Plantas, Universidade Federal Rural do Pernambuco, UFRPE, Recife, PE.

antonioandre14@hotmail.com

**Palavras-chave:** capacidade de expansão, Dialelo, melhoramento genético

O milho pipoca é pertencente à espécie *Zea mays* L, quando é comparado ao milho comum apresenta em geral grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior suscetibilidade a doenças. Essa cultura ainda é muito carente no Brasil, principalmente no que se refere aos materiais genéticos de alto potencial produtivo disponível no mercado. Neste sentido, este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação de dez genitores por meio de dialelo completo de Griffing sem recíproco. Foi utilizado as seguintes cultivares: P<sub>1</sub> (UFV Barão Viçosa), P<sub>2</sub> (Angela 2ª Geração), P<sub>3</sub> (Viçosa-Viçosa), P<sub>4</sub> (Paulistinha), P<sub>5</sub> (SAM), P<sub>6</sub> (ARZM ARG), P<sub>7</sub> (CHZM 13), P<sub>8</sub> (Para 172), P<sub>9</sub> (UNB2-C5) e P<sub>10</sub> (SEO13). Para a obtenção dos 45 híbridos sem recíproco, foram semeadas as dez variedades no ano agrícola 2011/2012, na Universidade Federal do Cariri, no município de Crato-CE. Os materiais foram cultivados em fileiras, compondo os 45 híbridos simples. Cada fileira contendo 6,00 m de comprimento, com espaçamento de 1,00 m entre si e 0,40 m entre plantas. O ensaio foi realizado no município de Crato-CE, no Campus da Universidade Federal do Cariri no ano de 2013. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, com 55 tratamentos (45 híbridos, e 10 genitores) e quatro repetições. O plantio foi realizado em linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas em 1,00 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. As características avaliadas foram: peso de espigas (PESP), capacidade de expansão (CE) e peso de grãos (PG), sendo que a CE e o PG são características de maior valor agrônomo e apresentaram valores significativos, indicando variabilidade entre os materiais analisados. Com relação a CGC, apenas a características CE foi significativa, e os genótipos mais promissores foram P<sub>2</sub> (Angela 2ª Geração) e o P<sub>9</sub> (UNB2-C5). Já para CEC, as três características apresentaram valores significativos. A combinação híbrida oriunda do cruzamento entre as variedades P<sub>2</sub> x P<sub>5</sub> se mostrou superior para a característica peso de grãos e ao mesmo tempo alcançou uma razoável estimativa para CE.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap e UFCA.

## Análise da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) em milho pipoca

Alencar, AAS<sup>1</sup>; Oliveira, AES<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Brito, LLM<sup>1</sup>; Sousa, LL<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Melhoramento Genético de Plantas, Universidade Federal Rural do Pernambuco, UFRPE, Recife, PE.

antonioandre14@hotmail.com

**Palavras-chave:** capacidade de expansão, Dialelo, melhoramento genético

O milho pipoca é pertencente à espécie *Zea mays* L, quando é comparado ao milho comum apresenta em geral grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior suscetibilidade a doenças. Essa cultura ainda é muito carente no Brasil, principalmente no que se refere aos materiais genéticos de alto potencial produtivo disponível no mercado. Neste sentido, este trabalho foi realizado com o objetivo de estimar a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação de dez genitores por meio de dialelo completo de Griffing sem recíproco. Foi utilizado as seguintes cultivares: P<sub>1</sub> (UFV Barão Viçosa), P<sub>2</sub> (Angela 2ª Geração), P<sub>3</sub> (Viçosa-Viçosa), P<sub>4</sub> (Paulistinha), P<sub>5</sub> (SAM), P<sub>6</sub> (ARZM ARG), P<sub>7</sub> (CHZM 13), P<sub>8</sub> (Para 172), P<sub>9</sub> (UNB2-C5) e P<sub>10</sub> (SEO13). Para a obtenção dos 45 híbridos sem recíproco, foram semeadas as dez variedades no ano agrícola 2011/2012, na Universidade Federal do Cariri, no município de Crato-CE. Os materiais foram cultivados em fileiras, compondo os 45 híbridos simples. Cada fileira contendo 6,00 m de comprimento, com espaçamento de 1,00 m entre si e 0,40 m entre plantas. O ensaio foi realizado no município de Crato-CE, no Campus da Universidade Federal do Cariri no ano de 2013. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, com 55 tratamentos (45 híbridos, e 10 genitores) e quatro repetições. O plantio foi realizado em linhas de 5,00 m de comprimento, espaçadas em 1,00 m entre linhas e 0,20 m entre plantas. As características avaliadas foram: peso de espigas (PESP), capacidade de expansão (CE) e peso de grãos (PG), sendo que a CE e o PG são características de maior valor agrônomo e apresentaram valores significativos, indicando variabilidade entre os materiais analisados. Com relação a CGC, apenas a características CE foi significativa, e os genótipos mais promissores foram P<sub>2</sub> (Angela 2ª Geração) e o P<sub>9</sub> (UNB2-C5). Já para CEC, as três características apresentaram valores significativos. A combinação híbrida oriunda do cruzamento entre as variedades P<sub>2</sub> x P<sub>5</sub> se mostrou superior para a característica peso de grãos e ao mesmo tempo alcançou uma razoável estimativa para CE.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap e UFCA.

## Variabilidade de caracteres agronômicos e fitossanitários em genótipos de palma forrageira

Maria da Conceição Silva <sup>\*1</sup>, Djalma C. dos Santos<sup>1</sup>, Mário de A. Lira<sup>2</sup>, Thieres G. F. da Silva<sup>2</sup>, Fernando Lucas T. Mesquita<sup>1</sup>, Stênio Lopes Paixão<sup>3</sup>, Júlio César V. de Oliveira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA), <sup>2</sup>Professores da Universidade Federal Rural de Pernambuco, <sup>3</sup>D.Sc. em Zootecnia.

*mcsilvaforragem@hotmail.com*

**Keywords:** Clonagem, *Dactylopius opuntiae*, *Nopalea*, *Opuntia*, produtividade.

O trabalho foi realizado no período de março/2012 a março/2014 na Estação Experimental de Arcoverde (IPA), com objetivo de analisar a variabilidade de caracteres agronômicos e fitossanitários na seleção de genótipos de palma forrageira. O comportamento de caracteres agronômicos e fitossanitários tem sido decisivo na seleção de genótipos de palma forrageira para o Semiárido brasileiro, principalmente, em áreas onde há ocorrência da cochonilha do carmim/praga *Dactylopius opuntiae* (Cockerell) (Hemiptera: Dactylopiidae). Neste sentido, pesquisas visando identificar genótipos adaptados as tais condições, têm sido realizadas pelo IPA. No presente estudo, um ensaio preliminar com cinco genótipos de palma forrageira (IPA-10003/*Opuntia ficus-indica* Mill, IPA-200016/*Opuntia stricta* Haw, IPA-10004/*Nopalea cochenillifera* Salm-Dyck, IPA-200024/*Nopalea* sp., IPA-200021 F-21 *Nopalea* M. Aleman/*Nopalea cochenillifera*) e 21 clones multiplicados via cultura de tecido de palma IPA-200021 F-21 com vistas a seleção. Vale mencionar que esses 21 clones da palma IPA-200021 F-21 resultaram de uma pré-seleção, na qual se adotou um índice de seleção de 3,5%. O ensaio preliminar foi estabelecido utilizando o delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo as parcelas representadas por filas de três metros. Plantou-se um cladódio/cova no espaçamento de 1,5m entre linhas e 0,5m entre plantas dentro das linhas. Aos dois anos pós-plantio avaliou-se número de cladódios/planta (NCP), produção de matéria seca/parcela (PMS), susceptibilidade a cochonilha do carmim (SCC), incidência de doenças (ID) e desejabilidade (D). O NCP foi obtido por meio de contagem e a PMS pela pesagem da forragem fresca multiplicada pelo teor de matéria seca a 65 °C. SCC e ID foram obtidos por meio da seguinte escala de notas: 1 (ausente); 2 (baixa); 3 (média); 4 (alta) e 5 (muito alta). Desejabilidade foi avaliado visualmente por meio da escala de nota 1 (alta), 2 (média) e 3 (baixa) que associa alta produtividade, baixa espinhosidade e baixa infestação por pragas e doenças nos genótipos. Os dados referentes à NCP e a PMS foram analisados utilizando o programa GENES e os caracteres SCC e ID foram submetidos a uma análise descritiva. Os resultados demonstraram variabilidade entre os caracteres avaliados. Foram obtidos coeficientes de variação genética de 51,48% para NCC e de 53,31% para PMS. Os clones IPA-100418 “Sel. 21-7”, IPA-100419 “Sel. 21-13” e IPA-100420 “Sel. 21-21” multiplicados via cultura de tecido da palma IPA-200021 F-21 apresentaram os respectivos valores para PMS de 11,80; 12,70 e 12,17 kg, tornando-se similares ( $P > 0,05$ ) a genótipos de alta produtividade como IPA-200016 e superiores ( $P < 0,05$ ) a palma IPA-200021 F-21 que os deu origem. A palma IPA-200021 F-21 apresenta susceptibilidade moderada a *D. opuntia*, entretanto, esses clones obtidos via cultura de tecido, não foram atacados pela referida praga. Esses clones também apresentaram superior NCP quando comparados à palma IPA-200021 F-21. Os caracteres ID e D apresentaram, respectivamente, intervalos de confiança para médias de  $2,1 \pm 0,04$  e de  $2,3 \pm 0,08$ , entretanto, os clones IPA-100419 e IPA-100420 apresentaram-se como de alta desejabilidade. A alteração comportamental observadas nos clones de palma IPA-200021 pode ter sido em função da variação somaclonal que pode ocorrer quando se usa a técnica de micropropagação.

Suporte financeiro: CNPq.

## Avaliação morfoagronômica de genótipos de café canéfora no semiárido

SOUZA, FF<sup>1</sup>, PINTO JM<sup>1</sup>, BRITO, ETS<sup>2</sup>; SANTOS, DEPS<sup>2</sup>; NASCIMENTO, TL<sup>2</sup>; SOUSA II<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Eng. Agrônomo, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE; <sup>2</sup>Graduando em Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Petrolina, PE.

*flavio.franca@embrapa.br; jose-maria.pinto@embrapa.br*

**Palavras-chave:** *Coffea canephora* Pierre ex Froehner; tolerância a alta temperatura

O presente trabalho objetivou a avaliação morfoagronômica de genótipos de café canéfora (*Coffea canephora* Pierre ex Froehner) introduzidos no semiárido nordestino. O ensaio foi instalado no Campo Experimental da Embrapa Semiárido, em Petrolina-PE. Foram avaliados 23 clones oriundos do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural. Utilizou-se delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições e espaçamento de 3,5 m x 1,0 m. Vinte e um meses após o plantio, avaliaram-se as seguintes características: altura de planta; diâmetro de copa; número de ramos ortotrópicos; comprimento de ramos plagiotrópicos; número de nós por ramo; número de nós prontos para floração e produtividade. Os clones de café canéfora apresentaram altura de copa de 1,17 m, com variação de 0,94 m (Clone 09) a 1,33 m (Clone 06). O diâmetro da copa foi de 1,63 m, com variação de 1,44 m (Clone 23) a 1,86 m (Clone 13). O número médio de ramos plagiotrópicos foi quatro ramos por planta, sendo que não houve variação significativa para esta variável entre os clones. O comprimento médio dos ramos foi de 58,00 cm e variou de 50,70 m (Clone 15) a 77,73 m (Clone 13). O número médio de nós por ramo foi 13,08, variando de 10,03 (Clone 23) a 16,67 (Clone 13), e o número médio de nós com inflorescências foi de 11,52, variando de 7,43 (Clone 23) a 15,50 (Clone 13). Na primeira colheita, observaram-se produtividades variando de 4,67 sacas/ha (Clone 08) a 28,03 sacas/ha (Clone 13), sendo que a média geral, considerando os 23 clones, foi de 13,58 sacas/ha. Esse resultado foi bastante satisfatório e superou à média nacional, que é de cerca de 10 sacas/ha e equiparou-se aos valores de produtividade obtidos em regiões tradicionais de cultivo da espécie no Brasil. O Clone 13 apresentou maior porte e vigor, destacando-se dos demais. Essas características evidenciam que este clone pertence ao grupo varietal 'Robusta', ou que é um híbrido intervarietal entre os grupos 'Robusta' e 'Conilon'. Embora sejam dados preliminares, que se referem apenas à primeira colheita, a notável produtividade daquele genótipo pode ser um indício de que os tipos varietais do grupo 'Robusta', ou seus híbridos, podem ser mais bem sucedidos nas condições de cultivo do semiárido irrigado. Se confirmada nas safras seguintes, essa hipótese poderá orientar na escolha ou no desenvolvimento das cultivares clonais de café canéfora mais adequadas para cultivo na região.

## Correlações entre caracteres físico-químicos avaliados em acerolas de diferentes estádios de maturação

SOUZA, FF<sup>1</sup>; FREITAS, ST<sup>1</sup>; BRITO, ETS<sup>2</sup>; SANTOS, DEPS<sup>2</sup>; NASCIMENTO, TL<sup>2</sup>; SOUSA, II<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Eng. Agrônomo, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE; <sup>2</sup>Graduando em Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Petrolina, PE.

*flavio.franca@embrapa.br*

**Palavras-chave:** *Malpighia emarginata* DC., ácido ascórbico, melhoramento genético, seleção clonal, índice de seleção, análise de trilha

Informações acerca das correlações entre caracteres são importantes na condução dos programas de melhoramento genético, pois a seleção aplicada a determinado caractere pode influenciar outros que estejam geneticamente relacionados. Desse modo, o presente trabalho objetivou estimar e analisar as correlações entre caracteres físico-químicos de frutos aceroleira. Os genótipos avaliados são progênies de meios irmãos derivadas de sementes coletadas em pomares comerciais do Perímetro Irrigado Senador Nilo Coelho, em Petrolina, PE. Dez meses após o plantio, amostras de frutos em estágio verde (E1), maduro (E2) e senescente (E3) (“passados”), de 35 progênies de aceroleira do programa de melhoramento genético da Embrapa Semiárido foram colhidas, separadamente, e avaliadas quanto às seguintes características: massa (MMF), diâmetro transversal (DTF) e diâmetro longitudinal (DLF) do fruto; sólidos solúveis totais (SST), acidez titulável (ATT), relação SST/ATT (SST/ATT), teor de vitamina C (VTC) e firmeza da polpa (FIP). Utilizou-se delineamento inteiramente casualizado com três repetições de 20 frutos. Os dados foram submetidos à análise de variância e as correlações ( $r$ ) foram calculadas utilizando o método de Pearson. Foram observadas correlações altas ( $r > 0,70$ ) e positivas entre os caracteres: SST[E1] x SST[E2] ( $r=0,92$ ); SST[E1] x SST[E3] ( $r=0,80$ ); SST[E2] x SST[E3] ( $r=0,77$ ); VTC[E1] x VTC[E2] ( $r=0,80$ ); VTC[E1] x VTC[E3] ( $r=0,84$ ); VTC[E2] x VTC[E3] ( $r=0,90$ ); FIP[E1] x FIP[E2] ( $r=0,86$ ); FIP[E1] x MMF[E1] ( $r=0,89$ ); FIP[E2] x MMF[E2] ( $r=0,94$ ); FIP[E2] x MMF[E1] ( $r=0,76$ ). Esses resultados indicam que a seleção para teor de vitamina C e teor de sólidos solúveis pode ser realizada em qualquer estágio de maturação dos frutos, uma vez que, para essas variáveis, as correlações entre os estádios foram elevadas e positivas. As correlações entre firmeza e massa, em frutos verdes e maduros, sugerem que frutos maiores tendem a ser mais firmes e que essa característica mantém-se até o estágio maduro. Correlações negativas foram observadas entre a MMF e os caracteres SST e ATT, em todos os estádios, indicando que os frutos maiores apresentaram menor conteúdo de açúcares solúveis e de ácidos tituláveis, inclusive ácido ascórbico. Considerando que o melhoramento genético da aceroleira tem dois objetivos distintos, que são o desenvolvimento de cultivares de frutos ácidos, para processamento industrial (colhidos verdes) e o desenvolvimento de cultivares de frutos doces, para consumo in natura (colhidos maduros), vislumbra-se um maior nível de dificuldade para obtenção de cultivares de frutos grandes, que sejam mais doces ou mais ricos em vitamina C.

## Citogenética comparativa entre *Vigna aconitifolia* (Jacq.) Maréchal, *Vigna unguiculata* (L.) Walp. e *Phaseolus vulgaris* L. mediante o uso de BAC-FISH

Oliveira, ARS<sup>1</sup>; Pedrosa-Harand, A<sup>2</sup>; Benko-Iseppon, AM<sup>1</sup>; Brasileiro-Vidal, AC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal, UFPE, CCB, Genética, Recife, PE; <sup>2</sup>Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, UFPE, CCB, Botânica, Recife, PE

oliveiraars.bio@gmail.com; brasileirovidal.ac@gmail.com

**Palavras-chave:** Cromossomo Artificial de Bactéria (BAC), Hibridização *in situ* Fluorescente, macrossintenia, feijões, Fabaceae

*Vigna aconitifolia* (Jacq.) Maréchal ( $2n = 2x = 22$ ) é uma leguminosa herbácea rasteira anual muito resistente à seca, comumente cultivada e consumida em regiões áridas e semiáridas da Índia e do Paquistão. Também é usada para forragem e cobertura do solo. É considerada uma espécie basal dentro do gênero *Vigna* Savi, que juntamente com o gênero irmão *Phaseolus* L., compõem o clado Phaseoloids. Essa proximidade permite estudos de citogenética comparativa entre as espécies desses dois gêneros. Este trabalho visou realizar um estudo citogenético comparativo entre *V. aconitifolia*, *V. unguiculata* (L.) Walp. (feijão-caupi) e *Phaseolus vulgaris* L. (feijão comum) mediante o uso da Hibridização *In Situ* Fluorescente com sondas provenientes de Cromossomos Artificiais de Bactérias (BAC-FISH). Dez clones BACs, provenientes dos cromossomos 1, 2, 3, 6, 7 e 8 de *P. vulgaris* (*Pv*) e previamente mapeados *in situ* em metáfases de *P. vulgaris* e *V. unguiculata*, foram hibridizados em cromossomos metafásicos mitóticos de *V. aconitifolia*. Os BACs 221F15 (*Pv1*), 169G16 (*Pv8*), 127F19 (*Pv2*), 95L13 (*Pv3*), 18B15 (*Pv6*), 22I21 (*Pv7*) e 86I17 (*Pv7*) apresentaram resultados semelhantes aos observados anteriormente para *V. unguiculata* (*Vu*), embora diferenças na morfologia dos cromossomos homeólogos tenham sido observadas entre as duas espécies de *Vigna*. A presença dos BACs 221F15 (cromossomo *Pv1* de *P. vulgaris*) e 169G16 (*Pv8*) em um mesmo cromossomo de *V. aconitifolia* e de *V. unguiculata* (*VuK* e *VuK*, respectivamente), e dos BACs 127F19 (*Pv2*) e 95L13 (*Pv3*) em outro cromossomo de ambas as espécies (*VaA* e *VuA*, respectivamente) evidenciam dois eventos de translocação envolvendo essas marcas após a separação dos dois gêneros. O BAC 147K17 (*Pv3*) revelou uma marcação proximal do braço longo de um cromossomo pequeno, diferente do observado para *V. unguiculata* [marcação proximal observada no maior cromossomo (*VuA*), associada a uma duplicação proximal no braço oposto] e para *P. vulgaris* (marcação única na região intersticial do braço curto de *Pv3*). Esta diferença revela uma quebra de sintenia entre as duas *Vigna* e *P. vulgaris*. Os BACs 38C24 (*Pv1*) e 177I19 (*Pv8*) também apresentaram sinal único localizado na região terminal de dois outros cromossomos ainda não identificados em *V. aconitifolia*. Os resultados do presente trabalho demonstram a viabilidade no uso de bibliotecas BAC em estudos de mapeamento cromossômico comparativo e evolução do cariótipo entre espécies de *Vigna* e *Phaseolus*, sugerindo uma conservação parcial de sintenia entre os dois gêneros e quebra de sintenia apenas para um dos BACs analisados entre *V. aconitifolia* e *V. unguiculata*.

Suporte Financeiro: CNPq, CAPES e FACEPE.



## RESPOSTA DE GENÓTIPOS DE MILHO A INOCULAÇÃO COM *Azospirillum brasilense* COMBINADO A DOSES DE NITROGÊNIO

Sousa, RL<sup>1</sup>; Brito, LLM<sup>1</sup>; Vasquez, EF<sup>1</sup>; Luz, LN<sup>1</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE

*agro.rodrigoleite@gmail.com*

**Palavras-chave:** Inoculante, *Zea mays*, Uréia

O milho (*Zea mays* L.) é uma cultura de grande importância mundial tendo em vista sua diversidade de utilização, extensão da área cultivada e sua elevada capacidade produtiva. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito do uso da bactéria diazotrófica *Azospirillum brasilense* inoculada via sementes em associação com doses de nitrogênio na produtividade de genótipos de milho. A pesquisa foi composta por um ensaio com delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, em esquema fatorial triplo. O fator 1, dois níveis: sem e com aplicação da solução da bactéria *Azospirillum brasilense* nas sementes; fator 2, quatro doses totais de nitrogênio: zero, 50, 100 e 150 kg ha<sup>-1</sup> e o fator 3 dois genótipos: variedade crioula Newton Pequeno e o híbrido duplo BRS 2022. A semeadura foi realizada no dia 21 de março de 2014 no campo experimental da Universidade Federal do Cariri, Campus Crato-CE. A parcela experimental constituiu de 2 linhas de 5m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1m e uma densidade de 5 plantas por metro linear. A adubação nitrogenada de cobertura foi realizada no estádio V6 utilizando-se como fonte à uréia, para todos os tratamentos. A colheita foi realizada manualmente no dia 02 de junho, as avaliações dos parâmetros de peso de espiga (PE) e peso de grãos (PG) se deram com um teor de umidade entorno de 13% medida no aparelho G600. Podemos constatar com base no quadro de análise de variância, que tanto a inoculação quanto as doses de adubação em cobertura aplicada a variedade e híbrido tiveram respostas significativas ao nível de 1% nos parâmetros PE e PG nas interações GenótipoXInoculante e GenótipoXDose. Para a interação GenótipoXInoculante temos que tanto no PE como PG o híbrido mostra-se superior a variedade apresentando média de produtividade respectiva para híbrido e variedade com inoculação (CI) e sem inoculação (SI) em PE e PG de 2,899 kg ha<sup>-1</sup> SI e 2,202 kg ha<sup>-1</sup> SI, 3,136 kg ha<sup>-1</sup> CI e 2,657 kg ha<sup>-1</sup> CI; 2,746 kg ha<sup>-1</sup> SI e 2,046 kg ha<sup>-1</sup> SI, 2,998 kg ha<sup>-1</sup> CI e 2,447 kg ha<sup>-1</sup> CI; ambos os genótipos evidenciam em seus resultados uma interação benéfica entre genótipo e inoculante. Os genótipos avaliados apresentaram respostas significativa em relação ao acréscimo de produtividade em PE e PG segundo o teste de tukey ao nível de 5%, pode-se observar um comportamento peculiar no material híbrido em relação a PE onde apresentou resposta a dose de adubação, não diferindo significativamente no teste de tukey entre 100 kg ha<sup>-1</sup> de N e 150 kg ha<sup>-1</sup> de N, o que nos aponta que com uso de material híbrido uma adubação normal pode retornar uma produtividade superior ao da variedade evidenciando o potencial de resposta do genótipo a adubação.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap e UFCA.

## COMPORTAMENTO DE GENÓTIPOS DE MILHO A INOCULAÇÃO COM *Azospirillum brasilense* COMBINADO A DIFERENTES DOSES DE NITROGÊNIO

Sousa, RL<sup>1</sup>; Souza, YP<sup>1</sup>; Guedes, BR<sup>1</sup>; Martins, TG<sup>1</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE

*agro.rodrigoleite@gmail.com*

**Palavras-chave:** Inoculante, *Zea mays*, Híbrido

O milho (*Zea mays* L.) tendo em vista sua diversidade de utilização, extensão da área cultivada e sua elevada capacidade produtiva é uma cultura de grande importância mundial. O objetivo do presente trabalho foi avaliar o diâmetro de espiga de dois genótipos de milho sob efeito do uso da bactéria diazotrófica *Azospirillum brasilense* inoculada via sementes em associação com diferentes doses de nitrogênio. A pesquisa foi realizada no campo experimental da Universidade Federal do Cariri, Campus Crato-CE. O experimento foi realizado em delineamento de blocos casualizados com 4 repetições, em esquema fatorial triplo. O fator 1, dois níveis: sem e com aplicação da solução da bactéria *Azospirillum brasilense* nas sementes; fator 2, quatro doses totais de nitrogênio: zero, 50, 100 e 150 kg/ha<sup>-1</sup> e o fator 3 dois genótipos: A variedade crioula Newton Pequeno e o híbrido duplo BRS 2022, para análise estatística utilizou-se do programa Genes 2009. A parcela experimental constituiu de 2 linhas de 5m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 1m e uma densidade de 5 plantas por metro linear. Para a adubação nitrogenada de cobertura, foi utilizada a uréia, sendo aplicada 21 dias após a emergência para todos os tratamentos. A colheita foi realizada manualmente quando as plantas já estavam em completo estágio de maturação fisiológica. A avaliação do diâmetro das espigas se deu com teor de umidade entorno de 13%, sendo analisada uma amostra de doze espigas escolhidas aleatoriamente, utilizando o paquímetro digital. De acordo com o quadro de análise de variância, temos que os fatores dose e genótipos e as interações DoseXGenótipo (DxG), DoseXInoculante (DxIN) apresentaram diferença significativa a 1%, mostrando que esses fatores influenciam no diâmetro de espigas, contudo o inoculante e a interação GenótipoXInoculante (GxIN) não apresentou diferença significativa, demonstrando que não favoreceram para a característica avaliada. Na interação DxG, o híbrido sobressaiu em relação a variedade crioula, isso pode ser explicado pois com a adubação de 50 Kg/ha<sup>-1</sup> já não diferiu as adubações de 100 e 150 Kg/ha<sup>-1</sup>.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap e UFCA.

## Estrutura genética populacional de espécies de *Hohenbergia* suporta conectividade entre populações de Brejos de Altitude e Floresta Atlântica no estado de Pernambuco, Brasil.

Mendes-Silva, H<sup>1,2</sup>; Gonçalves-Oliveira, RC<sup>1,3</sup>; Wanderley, MGL<sup>4</sup> Benko-Iseppon, AM<sup>1,2,3</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Genética e Biotecnologia Vegetal, Dept. de Genética, CCB, UFPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, CCB, UFPE, Recife, PE; <sup>3</sup>Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas, CCB, UFPE, Recife, PE; <sup>4</sup>Herbário SP, Instituto de Botânica de São Paulo, Jardim Botânico de São Paulo, São Paulo, SP.

hevila.ufpe@gmail.com

**Palavras-chave:** Brejo de altitude, Floresta Atlântica, SSR, *Hohenbergia ridley*, *Hohenbergia ramageana*

Na família Bromeliaceae o gênero *Hohenbergia* figura entre os mais derivados, compreendendo 66 espécies. Neste gênero *H. ridleyi* e *H. ramageana* compartilham caracteres que normalmente são utilizados para a identificação das espécies, não havendo um consenso quanto à sua delimitação específica. Assim, sua taxonomia é bastante confusa, alguns tratando os nomes como sinônimos e outros mantendo a configuração de duas espécies. Além disso, outras questões como a distribuição disjunta entre a Floresta Atlântica e regiões de Brejos de Altitude fazem desse complexo específico um bom modelo para estudos biogeográficos. Marcadores moleculares do tipo SSR têm se mostrado como uma ferramenta muito eficiente em estudos populacionais com plantas nativas, produzindo informações relevantes quanto à estrutura genética, efeitos biogeográficos, hibridizações e coesão de espécies. O objetivo desse trabalho foi fornecer subsídios para a delimitação do complexo específico *H. ridleyi* x *H. ramageana*, caracterizando sua diversidade e a estrutura genética entre suas populações. Indivíduos de *H. ridleyi* e *H. ramageana* foram coletados em região de Floresta Atlântica e em brejos de altitude, sendo seu DNA total extraído usando um protocolo CTAB adaptado. Testes de amplificação heteróloga com 11 primers anteriormente desenvolvidos para *Aechmea caudata* foram realizados, sendo aplicados 4 primers mais polimórficos. Os índices de polimorfismo foram altos, apontando que os primers foram efetivos. A diversidade genética encontrada foi de  $H_o = 0.7163$  e  $H_e = 0.7561$ , apontando para um excesso de heterozigotos na maioria das populações, fato que pode estar associado a processos de seleção e deriva genética. Em relação à estruturação, a maioria da diversidade genética encontra-se distribuída dentro das populações (92%), o que significa que a diversidade intrapopulacional é alta, corroborando com os índices de heterozigosidade observados. O valor de  $F_{st}$  (0,1906;  $p \geq 0,0001$ ) sugere que não há diferenciação entre as populações, o que condiz com os níveis de compartilhamento de diversidade encontrados entre populações (8%). De acordo com os dados de agrupamento gerado por análise Bayesiana foram identificados três grupos ( $K=3$ ), um destes relacionado a uma população do município de Goiana (PE). Tal fato foi suportado pelos resultados de  $F_{st}$  par a par onde a diferenciação entre esta população e as demais é sempre considerável. Os dados de diferenciação e estruturação genética também denotam a existência de fluxo gênico positivo entre as populações de *H. ramageana* e *H. ridleyi* ( $N_m=1,41$ ). Adicionalmente, nossos resultados suportam as teorias biogeográficas que sugerem conectividade entre os brejos de altitude e Floresta Atlântica. Adicionalmente apontam para uma correlação de fluxo gênico entre as espécies, corroborando com a ideia de uma única espécie. Por fim, os resultados aqui apresentados reiteram a importância de análises moleculares para uma compreensão mais segura quanto à delimitação de espécies, bem como o estabelecimento de estratégias de manejo e conservação.

Suporte Financeiro: CNPq; CAPES; FACEPE.

## Análise dialélica em dez genótipos de milho pipoca no Cariri Cearense

Amâncio<sup>1</sup>, L.C.S.; Oliveira<sup>2</sup>, A.E.S.; Freitas Júnior<sup>1</sup>, S.P.; Caldas<sup>1</sup>, A.C.A.; Martins Júnior<sup>1</sup>, A.A

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

lucas.ochi.correia@gmail.com

**Palavras-chave:** dialelo, capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação.

O milho de pipoca pertence à espécie *Zea mays* L, quando comparado ao milho comum apresenta em geral grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior suscetibilidade a doenças. É muito apreciado no Brasil, no entanto o seu cultivo ainda é muito modesto, se concentrando apenas em algumas regiões, sendo insuficiente para abastecer todo o mercado consumidor. Nesse sentido o objetivo do trabalho foi avaliar a relação entre espigas doentes, espiga com praga e peso de grãos em um plantio de milho pipoca no município de Crato-Ce. Através de intercâmbio e coleta de materiais crioulos utilizados por agricultores familiares da Região Sul do Ceará, foram obtidos trinta e cinco amostras de diferentes materiais de milho pipoca. A adubação de cobertura foi realizada 30 dias após o plantio, utilizando 60 kg.ha<sup>-1</sup> de Nitrogênio, na formulação de Sulfato de Amônio. Os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado pela cultura. Os materiais foram cultivados em linhas simples de 5,00 metros de comprimento, com espaçamento de 1,00 metro entre linhas e de 0,20 metros entre plantas. As análises genético-estatísticas foram realizadas através dos recursos computacionais do programa Genes. Quanto à análise de variância, as características de espigas doentes e espigas com pragas foram às únicas que não obtiveram significância ao nível de 1% de probabilidade. Quanto ao peso de grãos, expressaram valores significativos entre os tratamentos. Os desdobramentos de genótipos em capacidade geral de combinação não revelaram significância em 5% de probabilidade. Para capacidade específica de combinação, apenas as características espiga doente e espigas com pragas não foram significativos a probabilidade de 1%. Quanto às estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação, às características número de espigas doentes e número de espigas com pragas espera-se que os melhores híbridos sejam aqueles cujos valores de  $\hat{S}_{ij}$  tenham sido negativos, uma vez que refletem a contribuição para reduzir o número de espigas doentes e espigas com pragas. Neste aspecto destacaram-se os híbridos P6 x P8, P2 x P10, P1 x P5 e P7 x P9 para a característica número de espigas doentes os híbridos P7 x P8, P1 x P7, P6 x P9 e P1 x P4. A característica de peso de grãos revelou magnitudes de  $\hat{S}_{ij}$  positivas para o híbrido P2 x P5. De acordo com as condições de realização do experimento conclui-se que para as características de espiga doente e espiga com praga houve predomínio dos efeitos da capacidade geral de combinação, indicando que o melhor caminho seja o melhoramento intrapopulacional. A combinação híbrida oriundas dos cruzamentos entre as variedades P2XP5 se mostrou superior para a característica peso de grãos e ao mesmo tempo alcançou uma razoável estimativa para CE.

Apoio: Nefimp, CNPq, FUNCAP e UFCA

## COMPORTAMENTO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE ALGODOEIRO DE FIBRAS LONGAS PARA O SEMIÁRIDO NORDESTINO

Farias, F.J.C<sup>1</sup>.; Carvalho, L.P<sup>1</sup>.; Zonta, J.H<sup>1</sup>.; Santos, J.W.dos<sup>1</sup>.; Sofiatti, V<sup>1</sup>. Bezerra, J.R.C<sup>1</sup>.; Vasconcelos, W.S<sup>2</sup>.; Vasconcelos, U.A.A<sup>2</sup>.; Assunção, J.H de<sup>1</sup>.; Lira, A.J.S<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Algodão; <sup>2</sup>UEPB/CCA

*francisco.farias@embrapa.br*

**Palavras-chave:** Melhoramento, qualidade de fibras, *Gossypium hirsutum* L.

A indústria têxtil demanda algodão de fibra longa para a produção de tecidos com qualidade superior. Por esta razão, o preço deste algodão é consideravelmente mais alto que o algodão tradicional de fibras médias. Embora o Brasil seja um grande produtor de algodão, este mercado de fibras longas está sendo atendido com importação do Peru, Egito e Estados Unidos. A seleção de cultivares de algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum* L) de fibras longas produtivas, e responsivas à melhoria ambiental está entre os fatores que podem contribuir para revitalização da cotonicultura na região do Semiárido nordestino. O objetivo deste trabalho foi avaliar linhagens avançadas de fibras longas em condições de cultivo irrigado no semiárido do Rio Grande do Norte. O Ensaio de Linhagens Preliminares foi instalado na Fazenda Ubarana, pertencente à Finobrasa Agroindustrial S/A, em Ipangaçu-RN. O delineamento utilizado foi um látice quadrado 6x6 com duas repetições. As parcelas foram constituídas por duas fileiras de 5m lineares, perfazendo uma área útil de 9,5 m<sup>2</sup>. O espaçamento entre linhas foi de 0,95m entre fileiras, com 8 a 10 plantas por metro linear. Foram avaliados 36 genótipos, sendo uma testemunha (Acala SM3) e 35 novas linhagens oriundas do programa de melhoramento da Embrapa Algodão. As características avaliadas foram: produtividade de algodão em caroço (PROD), porcentagem de fibra (PF), produtividade de algodão em fibra (PRODF), comprimento de fibra (COMP), uniformidade (UNIF), resistência (RES) e índice micronaire (MIC). As características tecnológicas de fibras foram avaliadas pelo aparelho HVI do Laboratório de fibras da Embrapa Algodão. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o pacote computacional SAS Versão 9.2. Neste ensaio, foram eleitas 12 linhagens por apresentarem alta produtividade e qualidade de fibras, as quais serão reavaliadas em 2014, dentre elas destacam-se: a CNPA 2012-117 (33,90mm), CNPA 2012-143 (33,25mm), CNPA 2012-113 (32,95mm) e CNPA 2012-122 (32,93mm) que obtiveram médias de comprimento (COMP) superiores à testemunha ACALA SM3 (32,91mm) com valores classificados na categoria como fibra longa pelo HVI. A cultivar ACALA SM3 apresentou excelente qualidade de fibras, mas obteve o menor desempenho na produtividade de algodão em pluma.

Apoio financeiro: Embrapa Algodão, UEPB, CAPES –Bolsa de Mestrado.

## Perfil de expressão gênica de plantas de cana-de-açúcar submetidas à microgravidade em duas condições de orientação

SILVA, HC<sup>1</sup>; NASCIMENTO, AKL<sup>1</sup>; TEIXEIRA, DG<sup>1</sup>; LIMA, JPMS<sup>1</sup>; SCORTECCI, KC<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Rio Grande do Norte

helainehcs@gmail.com

**Palavras-chave:** cana-de-açúcar, RNA, microgravidade

A cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) é uma importante fonte de alimento e energia e um significativo componente da economia de muitos países, uma vez que essa é uma das principais culturas destinadas à produção de açúcar e etanol. O cultivo dessa planta é influenciado por diferentes condições ambientais, as quais podem contribuir para perdas na produção. Assim, é essencial o entendimento de como essa importante cultura responde a estímulos do ambiente. A gravidade é um dos fatores abióticos que controlam o desenvolvimento e crescimento das plantas e, portanto, alterações gravitacionais podem gerar respostas das plantas e, conseqüentemente, mudanças no perfil de expressão gênica. Com o intuito de identificar genes associados a condições de microgravidade plantas de cana-de-açúcar com 10 dias de desenvolvimento, foram submetidas a esta condição de microgravidade - durante 6 minutos - por meio de um foguete de sondagem. Para o voo, as plantas foram acondicionadas em caixas de alumínio anodizado em duas orientações: horizontal e vertical. Após esse experimento, tecidos de folhas e raízes foram coletados para extração e sequenciamento de RNA, utilizando a plataforma Illumina. Os dados foram filtrados utilizando o IlluQC, as *reads* foram agrupadas em *contigs* com o pacote Velvet. Em seguida, as *contigs* foram realinhadas com os programas CD-HIT e Mummer. As sequências foram identificadas por meio da ferramenta BLAST, utilizando o banco de dados do UniProt como referência, e posteriormente, classificadas de acordo com o sistema KEGG. As diferentes bibliotecas foram comparadas por meio das ferramentas MySQL e R. Com a análise dessas bibliotecas, foi possível observar que as raízes das plantas submetidas à microgravidade na orientação horizontal e vertical apresentaram um número consideravelmente maior de sequências exclusivas aos tratamentos quando comparadas com os controles. Entre os tratamentos não foi observada discrepância entre os números de sequências. Para as folhas das plantas submetidas ao voo, não houve grandes diferenças no número de sequências exclusivas aos tratamentos em relação aos controles. Contudo, quando foi observada a distribuição dessas sequências nas vias metabólicas, foi percebido que em raízes – em ambas as orientações – essas sequências estavam agrupadas em um pequeno número de vias (onde inibição da transcrição, tradução e metilação tiveram destaque). As sequências de folhas, para as duas condições, foram agrupadas em um maior número de vias metabólicas, as quais contemplaram eventos como reparo de DNA, *splicing* e ativação da transcrição. É possível concluir, portanto, que a microgravidade foi capaz de desencadear respostas moleculares nas plantas e que os diferentes tecidos analisados apresentaram perfis de expressão gênica distintos em plantas submetidas à microgravidade. Entretanto, quando o mesmo tecido é comparado nas duas condições experimentais (orientações vertical e horizontal), não foram observadas variações significativas nesses perfis.

Apoio: AEB, FINEP, FAPERN, INCT-INEspaco/CNPq

## VIABILIDADE GERMINATIVA DE GENÓTIPOS DE MILHO CRIOULO COLETADAS NAS CASAS DE SEMENTES DA REGIÃO DO CARIRI-CE.

Souza, YP<sup>1</sup>; Brito, MC<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Guedes, BR<sup>1</sup>; Brito, LLM<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Engenheira agrônoma, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE.

*Yure\_p-souza@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Germinação, Variedades e potencial.

Sementes crioulas são as sementes cuidadas e melhoradas sob o domínio das comunidades tradicionais. É fruto da evolução da natureza e do trabalho de diferentes povos, sendo importante para a manutenção da biodiversidade e por se tratar de materiais adaptados a condições adversas, podem ser fonte de genes importantes para um programa de melhoramento. O objetivo desse trabalho foi avaliar o vigor das sementes de milho crioulo coletadas nas casas de Sementes da Região do Cariri através do teste de germinação. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biologia da universidade federal do cariri, campus Crato-Ce. Para a realização do teste foram utilizadas sementes de milho crioulo das seguintes variedades: Sabugo fino, Comum sabugo vermelho, Verdadeiro, Comum, Epamil, Ligeirinho e Antõe de Xande, todas coletas em casas de sementes da região do Cariri Cearense. O teste de germinação foi realizado em delineamento de blocos casualizados com 4 repetições de 50 sementes de cada lote, sendo semeadas sobre duas folhas de papel Germitest, umedecidas com água destilada, colocadas no germinador tipo B.O.D sob temperatura de 25° C. Avaliou-se as características: Percentagem de germinação, crescimento de radícula e crescimento de parte aérea. Os dados foram avaliados através do programa Genes (2009) e submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$ . De acordo com os resultados analisados para a característica percentagem de germinação, observou-se que houve diferença significativa pelo teste de Tukey ao nível de 5% da variedade Verdadeiro em relação às demais que não diferenciaram entre si, dando destaque a variedade Antõe de Xande com valor de 96,5% de germinação. Em relação ao comprimento da parte aérea, as plântulas da variedade Ligeirinho apresentaram os maiores valores contrapondo com os da variedade verdadeiro que teve o menor valor. No que diz respeito ao comprimento da raiz primária, as sementes da variedade Sabugo fino apresentaram maior comprimento da radícula, enquanto as sementes da variedade Verdadeiro foi a que obteve menor comprimento, diferenciando das demais variedades. Concluímos que das sete variedades avaliadas seis obtiveram um bom percentual de germinação indicando que as sementes crioulas armazenadas pelos agricultores são materiais de alto vigor.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap e UFCA.

# POTENCIAL DE CULTIVARES DE MILHO CRIOULO PARA UTILIZAÇÃO NO PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO

Souza, YP<sup>1</sup>; Pinheiro, WM<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>; Mendes, KP<sup>1</sup>; Sousa, RL<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup>Engenheiro agrônomo, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE.

*Yure\_p-souza@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Adaptação, Produtividade, Potencial

A utilização das sementes crioulas vem sendo uma das saídas para o agricultor familiar, já que a sua produção não necessita de grandes investimentos, por se tratar de cultivares resistentes as adversidades, além do mais, são materiais importantes para o melhoramento pelo elevado potencial de adaptação, que apresentam para condições ambientais específicas. O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial de genótipos crioulos, para três características de interesse agrônomo nas condições edafoclimáticas do Cariri Cearense. O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Cariri, situada na cidade do Crato-CE. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 17 tratamentos e quatro repetições. Os tratamentos consistiram de 17 genótipos crioulos: Chico Coelho, Crioulo Raimundo, Saracura, José Lucena, Piranão II dente, ACB Várzea Alegre, Asteca Dent, MayaDent, Armazém, , Central Mex, Maria Firmino, Cateto Colombia Flint, Caatingueira, Cimmyt II Flint, Neuton Pequeno, Gurutuba, Dente de Burro, todos adquiridos na região do cariri cearense. Os caracteres avaliados foram: Número de espigas (NE), Peso de espiga (PE) e peso de grão (PG). Os dados foram analisados através do programa Genes (2009) e submetidos à análise de variância de acordo com o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \xi_{ij}$ . Para a característica NE, o genótipo Gurutuba destacou-se com melhor média (20,0), contrapondo com o genótipo Dente de Burro que apresentou a pior média (2,5). Quanto à variável peso de espiga (PE), a melhor média registrada foi para o crioulo Gurutuba (1996,25 Kg/ha), seguido do genótipo Cateto Colombia (2437,50 Kg/ha), o menor resultado para essa característica foi em encontrado no crioulo Maria Firmino, com valor de 653,75 Kg/ha. As variedades crioulas que tiveram melhores resultados para produção de grãos, característica agrônoma de grande importância foram: Gurutuba (1757,50 Kg/ha), Cateto Colombia (1605 Kg/ha) sendo as duas principais variedades com maior desempenho nas condições edafoclimáticas do cariri cearense de acordo com as características analisadas.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, FUNCAP e UFCA.



## Comportamento morfoagronômico de cinco genótipos de pimenta ornamental

Belem, AB<sup>1</sup>; Pereira, JS<sup>2</sup>; Martins, TG<sup>1</sup>, Freitas-Júnior, SP<sup>1</sup>, Marco, CA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e de Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, UFCA, Crato, CE; <sup>2</sup>Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza – CE.

*allynebatista@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Copa, diâmetro e porte.

O cultivo de plantas ornamentais refere-se à produção de plantas que não são utilizadas para alimentação, e as espécies de pimenta ornamental destacam-se devido a sua beleza, exotividade, variabilidade genética e pela expressiva comercialização no país em datas comemorativas. O objetivo desse trabalho foi realizar a avaliação das características morfoagronômicas de cinco espécies de genótipos de pimenta ornamental. O experimento foi desenvolvido na Universidade Federal do Cariri – UFCA/ Crato-CE. Foram utilizadas 5 variedades de pimenta ornamental (*Capsicum* spp.) das espécies botânicas Pimenta Chapéu-de-bispo, Pimenta Luna, Pimenta Cayenne Dedo-de-Moça, Pimenta de Bico e Pimenta Salar, que foram adquiridas na Cooperativa Agrícola localizada no município de Juazeiro do Norte – CE. Aos 45 dias após sementeira as plantas foram transplantadas para sacos plásticos pretos de 1 kg e aos 58 dias após o transplante (ponto comercial), determinou-se: altura de plantas, diâmetro da copa, o comprimento da folha e o diâmetro do caule. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com os tratamentos distribuídos em quatro blocos, com 15 plantas por repetição. Das cinco variedades de pimenta analisadas, foram medidas cinco plantas por parcela, assim feito a média por parcela/bloco e posteriormente feito a análise estatística através do programa Genes (2009). A médias dos caracteres dos genótipos foram avaliadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Na pesquisa foi possível observar que para a característica altura de planta, todas as cultivares de pimentas analisadas apresentaram resultados satisfatórios, onde os resultados obtidos estão próximos aos padrões de qualidade recomendados pela Cooperativa Veiling Holambra, que estabelece valores entre 12 e 33 cm para a comercialização da pimenta ornamental. Onde a variedade Pimenta de Bico se destacou com a maior média (19,38). Com relação ao tamanho da folha, que também é uma característica importante na avaliação de plantas ornamentais, a variedade Pimenta de Bico se destacou com a maior média (6,15cm) com relação às demais variedades. Já a Pimenta Salar apresentou a menor média para tal (4,36cm). A largura da copa é outro fator considerável no estudo e foi possível obter dados que demonstraram que a Pimenta Salar obteve a maior média (13,65), apresentando uma copa mais expansiva com relação as outras variedades analisadas. No que se refere ao diâmetro do caule todas as variedades de pimenta utilizadas apresentaram resultados significativos, onde a variedade Pimenta Luna se destacou das demais com a maior média (0,88 cm). Todas as variedades de pimenta ornamental utilizadas apresentaram valores dentro dos padrões para plantas ornamentais.

Apoio Financeiro: Nefimp, CNPq, FUNCAP e UFCA.

## Genótipo crioulo de milho pipoca associado com adubações nitrogenadas e bactéria *Azospirillum brasilense*

Belem, AB<sup>1</sup>; Martins, TG<sup>1</sup>; Lima, VJ; Silva, JB; Freitas-Júnior, SP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e de Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, UFCA, Crato, CE.

*allynebatista@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Desenvolvimento, interação, *Zea mays L.*

O milho pipoca (*Zea mays L.*) é muito apreciado no Brasil, no entanto o país tem uma produção modesta, além disso, é muito carente em materiais genéticos de potencial produtivo, se fazendo assim necessária importações para atender o mercado consumidor interno. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a interação da bactéria *Azospirillum brasilense* com diferentes dosagens de adubação nitrogenada de cobertura no desenvolvimento produtivo do milho pipoca. O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Cariri/Crato-CE, no período de março a julho de 2014. Para o ensaio foi utilizado o milho crioulo Iva. Foram avaliados 8 tratamentos com quatro repetições, utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, em esquema fatorial 2x4 correspondente a dois tipos de inoculação (com e sem inoculante), quatro doses de nitrogênio em cobertura em quatro repetições. As sementes foram divididas em dois lotes, sendo um tratado com o inoculante comercial Azototal, a base da bactéria *Azospirillum brasilense* estirpe Ab-V5 e Ab-V6, na dose de 100 mL para 60.000 sementes. A adubação nitrogenada de cobertura foi realizada no estágio V<sub>6</sub>, com aplicação de 0, 50, 100 e 150 kg ha<sup>-1</sup> de N, utilizando-se como fonte à ureia, para todos os tratamentos. Foram avaliadas as seguintes características: peso de grãos (PG), peso de espiga (PE) e peso de 100 grãos (P100). As análises foram realizadas com auxílio do programa Genes. As médias foram avaliadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Foi possível verificar que para a característica PG houve diferença significativa a nível de 5%, já para as características PE e P100 observou-se significância a nível de 1%. Quanto a interação inóculo/adubação as características PG e PE apresentaram melhores médias com a adubação de 150 kg ha<sup>-1</sup>. Contudo, para a característica PE não houve diferença estatística quanto a quantidade de adubo na presença do inoculante, já sem a inoculação a melhor média foi analisada na adubação de 150 kg ha<sup>-1</sup>. Logo, a interação inóculo/adubação se mostra favorável quando comparada ao uso isolado da bactéria.

Apoio Financeiro: NEFIMP, CNPq, FUNCAP e UFCA.

## Desenvolvimento de genótipo crioulo milho pipoca associado com adubações nitrogenadas e bactéria *Azospirillum brasilense*

Martins, TG<sup>1</sup>; Freitas Júnior, SP<sup>1</sup>; Belem, AB<sup>1</sup>; Luz, LN<sup>1</sup>; Alencar, AAS<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE

*tainaravts@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Fixação biológica de nitrogênio, *Zea mays* L., produção.

O milho pipoca pertence a espécie *Zea mays* L., e tem como característica grãos duros e pequenos que tem a capacidade de estourar quando aquecidos a uma temperatura de 177°C. Bactérias dos gêneros *Azospirillum* são fixadoras de nitrogênio (N) atmosférico. Além da FBN, produzem vários fitohormônios que estimulam o crescimento das raízes e a absorção de água e minerais, maior tolerância a estresses como salinidade e seca. O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito da inoculação com a bactéria *Azospirillum brasilense* associada a adubação nitrogenada de cobertura no desempenho agrônômico do milho pipoca. O experimento foi conduzido no primeiro semestre de 2014 na Universidade Federal do Cariri - Campus Crato-Ce. Para o ensaio foi utilizado o milho crioulo Iva. Foram avaliados 8 tratamentos com quatro repetições, utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, em esquema fatorial 2x4 correspondente a dois tipos de inoculação (com e sem inoculante), quatro doses de nitrogênio em cobertura em quatro repetições. As sementes foram divididas em dois lotes, sendo um tratado com o inoculante comercial Azototal, a base da bactéria *Azospirillum brasilense* estirpe Ab-V5 e Ab-V6, na dose de 100 mL para 60.000 sementes. A adubação nitrogenada de cobertura foi realizada no estágio V<sub>6</sub>, com aplicação de 0, 50, 100 e 150 kg ha<sup>-1</sup> de N, utilizando-se como fonte à uréia, para todos os tratamentos. Foram avaliadas as seguintes características: altura de planta (ALTP), altura de espiga (ALTE) e capacidade de expansão (CE). As análises foram realizadas com auxílio do programa Genes. A característica ALTP mostrou-se significativa a nível de 1%, destacando a inoculação associada com a adubação de 150 kg ha<sup>-1</sup>. A interação inóculo/adubação da característica ALTE apresentou diferença significativa a 5%. No entanto, observa-se que resultados satisfatórios é obtido sem a presença do inóculo associado com a adubação de 150 kg ha<sup>-1</sup>. Quanto a CE a interferência do inóculo foi significativa a 5%, no entanto, sua interação com a adubação não apresentou diferença significativa; ou seja, essa interação se sobrepõe a inoculação isolada.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap e UFCA.

## Desempenho agrônômico de genótipo crioulo de milho pipoca associado a bactérias promotoras de crescimento e adubação nitrogenada

Martins, TG<sup>1</sup>; Belem, AB<sup>1</sup>; Freitas Júnior, SP<sup>1</sup>; Luz, LN<sup>1</sup>; Alencar, AAS<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE

*tainaravts@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Produção, crescimento, variedade.

O milho pipoca é pertencente à espécie *Zea mays L.*, quando é comparado ao milho comum apresenta em geral grãos menores, maior prolificidade, menor vigor e maior suscetibilidade a doenças. Bactérias promotoras de crescimento de plantas (BPCPs), como as do gênero *Azospirillum*, podem auxiliar por diversos mecanismos na nutrição nitrogenada em plantas de interesse econômico, estimulando seu crescimento, incluindo a síntese de fitohormônios. O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito da inoculação com a bactéria *Azospirillum brasilense* associada a adubação nitrogenada de cobertura no desempenho agrônômico do milho pipoca. O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Cariri no primeiro semestre de 2014, utilizando o genótipo de milho crioulo Iva. Foram avaliados 8 tratamentos com quatro repetições, utilizando-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, em esquema fatorial 2x4, correspondente a dois tipos de inoculação (com e sem inoculante), quatro doses de nitrogênio em cobertura em quatro repetições. As sementes foram divididas em dois lotes, sendo um tratado com o inoculante comercial Azototal, a base da bactéria *Azospirillum brasilense* estirpe Ab-V5 e Ab-V6, na dose de 100 mL para 60.000 sementes. A adubação nitrogenada de cobertura foi realizada no estágio V<sub>6</sub>, com aplicação de 0, 50, 100 e 150 kg ha<sup>-1</sup> de N, utilizando-se como fonte à ureia, para todos os tratamentos. Foram avaliadas as seguintes características: diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CES). As análises foram realizadas com auxílio do programa Genes e as médias dos caracteres foram avaliadas pelo teste Tukey a 5% de probabilidade. As duas características DE e CES apresentaram diferenças significativas a 1%, destacando-se a combinação do inóculo com a adubação de 100 kg ha<sup>-1</sup>. A inoculação associada com a adubação nitrogenada de 100 kg ha<sup>-1</sup> traz maiores desenvolvimento do diâmetro de espiga e comprimento de espiga, logo o aumento da produção.

Apoio financeiro: NEFIMP, CNPq, Funcap e UFCA.

## Adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar avaliada pelo método de Centróide

França, AED<sup>1</sup>; Ramos, RS<sup>1,2</sup>; Borges DHA<sup>1,2</sup>; Bastos, GQ<sup>1</sup>; Neto, DES<sup>1,2</sup>; Silva, EF<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina, EECAC/UFRPE, Carpina, PE

*alvarofranca@hotmail.com*

**Keywords:** Interação genótipos x ambientes, *Saccharum* spp., TCH, clones, RB

Este trabalho teve o objetivo de avaliar a adaptabilidade e estabilidade de clones de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) em relação à tonelada de cana por hectare (TCH). O experimento foi realizado em blocos casualizados com quatro repetições em três microrregiões do Estado de Pernambuco: região da mata centro na Usina Petribú, região da Mata Sul pertencente à Usina Cucaú e no Litoral Norte, representada pela Usina Santa Teresa. Foram utilizados 11 clones de cana-de-açúcar RB (República do Brasil) da série 2004 e mais três variedades comerciais, RB92579, RB863129 e RB867515, utilizadas como testemunhas. A fim de identificar a interação genótipos x ambientes, foi feita a análise de variância conjunta para o carácter (TCH). O método centróide é uma técnica multivariada de componentes principais que permite a obtenção de um número reduzido de variáveis abstratas e independentes visando a representar em ordem de estimação o máximo da variação total contida nas variáveis originais. O método procura classificar a partir de técnicas de agrupamento, baseado em distâncias euclidianas de cada genótipo aos centróides estabelecidos. De acordo com o método de centróide, nenhum os clones obtiveram uma variabilidade geral alta para os três ambientes. Contudo, considera-se os clones adaptados quando estes se encontram próximo ao ideótipo V, considerando-se medianamente adaptados aos três ambientes. Os clones G2, G6, G7, G9, G11, G12 e as variedades RB867515 e RB863129, foram consideradas medianamente adaptadas por apresentar os maiores valores de probabilidade ao centróide V (0,36; 0,44; 0,23; 0,35; 0,34; 0,26; 0,19 e 0,33), respectivamente aos clones e às variedades. Os clones G3 e G4 mostraram-se pouco adaptados aos três ambientes, sendo que seus maiores valores de probabilidade foram em relação ao centróide IV (0,23 e 0,55), respectivamente. Sob o presente trabalho, conclui-se que os clones G2, G6, G7, G9 e G12 mostraram-se em potencial para serem utilizadas em mais um ciclo de experimentação, por apresentarem os maiores valores probabilísticos para adaptabilidade e estabilidade. Os genótipos G3 e G4 mostraram-se pouco adaptados, podendo ser eliminado de novas tentativas de experimentação.

Financial Support: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal (CAPES) e Rede Interuniversitária para desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA)- Brasil

## Adaptabilidade e estabilidade em clones de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) no Estado de Pernambuco

Ramos, RS<sup>1,2</sup>; França, AED<sup>1</sup>; Borges DHA<sup>1,2</sup>; Bastos, GQ<sup>1</sup>; Neto, DES<sup>1,2</sup>; Silva, EF<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Estação Experimental de Cana-de-açúcar do Carpina, EECAC, Carpina, PE

rsroby@hotmail.com

**Keywords:** Adaptabilidade, Estabilidade, Cana-de-açúcar, Annicchiarico, Linn&Binns, TPH

Objetivando avaliar a adaptabilidade e estabilidade da cana-de-açúcar no Estado de Pernambuco foram aplicados o modelo estatístico de Annicchiarico (1992) e o de Linn e Binns (1988) em três microrregiões do Estado: região da mata centro na Usina Petribú, região da Mata Sul pertencente à Usina Cucaú e no Litoral Sul, a Usina Trapiche. Foram avaliados oito clones RB (Republica do Brasil) de cana-de-açúcar da série 2004 e mais quatro variedades comerciais, RB92579, RB863129, RB867515 e SP81-3250. Os experimentos foram instalados em delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, sendo analisada a variável tonelada de pol por hectare (TPH). O resultado obtido pelo método de Annicchiarico (1992) mostra que os genótipos G2 ( $W_i=113,58$ ), G4 ( $W_i=115,49$ ) e G6 ( $W_i=108,38$ ) apresentaram elevada adaptabilidade e estabilidade geral para variável citada, comportamento similar ao das variedades comerciais SP81-3250 ( $W_i=103,09$ ) e RB867515 ( $W_i=124,55$ ), esta última apresentando o melhor comportamento produtivo. Por sua vez, a metodologia de Linn e Binns (1988) mostrou que apenas as variedades comerciais RB867515 e SP81-3250 apresentaram resultados satisfatórios para TPH com  $P_i=0,12$  e  $P_i=6,06$ , respectivamente. As metodologias apresentaram resultados complementares revelando genótipos adaptados e estáveis, que podem ser selecionados para o próximo ciclo de experimentação confirmando a qualidade das variedades comerciais como testemunhas em estudos de adaptabilidade e estabilidade.

Financial Support: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal (CAPES) e Rede Interuniversitária para desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA)- Brasil

## Caracterização de proteína pertencente à superfamília HIT encontrada em biblioteca subtrativa de cDNA de cana-de-açúcar.

Sousa, IAL<sup>1</sup>; Silva, FL<sup>1</sup>; Almeida, RVM<sup>2</sup>; Scortecci, KC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Dep. de Biologia Celular e Genética, Centro de Biociências, UFRN, Natal, RN; <sup>2</sup>Dep. de Bioquímica, Centro de Biociências, UFRN, Natal, RN.

kacscort@yahoo.com.br

**Palavras-chave:** Floração, *HINT1*, bibliotecas subtrativas, Cromossomo Bacteriano Artificial, Interatoma

A floração é um passo importante no desenvolvimento vegetal, no entanto, em algumas espécies este estágio inviabiliza sua utilização comercial, como na cana-de-açúcar. Buscando compreender melhor o processo de florescimento em cana-de-açúcar, foram construídas bibliotecas subtrativas entre variedades com tempo de indução floral distintos. Dentre os genes identificados estava o homólogo à *HISTIDINE TRIAD NUCLEOTIDE BINDING PROTEIN*, identificado como membro da superfamília HIT, cujos integrantes são de hidrolases e transferases apresentam um domínio conservado formado por His-X-His-X-His-X-X, sendo X um resíduo hidrofóbico. Buscando caracterizar e entender a influência deste gene na floração foram realizadas caracterizações *in silico*. A partir de alinhamentos com *HINT1* e *HINT2* de vários organismos foi confirmada a maior identidade com *HINT1*, corroborando com isto, a sequência obtida das bibliotecas subtrativas possui maior identidade com *HINT1* do que com *HINT2* de *A. thaliana*; apesar da primeira ter marcações de sua atuação em membranas de organelas, enquanto a sequência encontrada na biblioteca subtrativa não possui marcações para manutenção em organelas ou exportação celular. Foi observado também, que o interatoma para *HINT1* em *A. thaliana* (At3g56490) possui uma interação com várias proteínas da família 14-3-3 – a proteína ligante GF14-PHI, os fatores de regulação GRF2, GRF5, GRF6, GRF7 –, a ciclina CDKE1 e o repressor de transcrição LUENIG (LUG), os fatores de transcrição APETALA 1 (AP1), APETALA2 (AP2), AGAMOUS (AG), SEPALLATA3 (SEP3); e o co-fator de transcrição SEUSS (SEU). Sendo que as proteínas da família 14-3-3 também foram identificadas nas bibliotecas subtrativas. Com o intuito de observar também a organização do gene *HINT1* em cana-de-açúcar foram analisados 2 Cromossomos Artificiais Bacterianos (BACs): shcrba\_011\_i19 e shcrba\_033\_B15. Nesta análise foi observado que o gene *HINT* possui uma identidade 92% com o BAC 011, correspondente com o seu alinhamento com a sequência do BAC de uma proteína descrita como “ligante de zinco com 14kDa” com presença do domínio HIT. Neste BAC foram encontrados outros 10 genes que também comuns à sorgo e arroz, dentre eles um com homologia a uma enzima responsável pela ativação de proteínas dependentes de lisina. A sequência da biblioteca subtrativa apresentou uma identidade de 100% com a sequência encontrada no BAC 033, identificada como “proteína contendo o domínio HIT”. Nesse mesmo BAC foram identificadas outras 4 sequências codantes comuns à sorgo e arroz. No entanto não foi vista sintonia entre as sequências das diversas proteínas encontradas nos BACs, indicando que estas pertenceriam à cromossomos vegetais diferentes. Portanto, a sequência encontrada na biblioteca subtrativa é homóloga à *HINT1*, e sua atuação provavelmente deva ser citoplasmática, devido à ausência de sequências que identifiquem sua manutenção em organelas ou exportação celular; sendo dada esta atuação pela ação enzimática no metabolismo da lisina, assim como interação proteica com fatores de transcrição.

Suporte financeiro: CNPq e CAPES

## Alterações morfológicas e fenotípicas em plantas de tomateiro contendo cassetes de superexpressão nas orientações senso e antissenso do cDNA homólogo a ARP (AUXIN REPRESSED PROTEIN)

Estevam, RKS<sup>1</sup>; Sousa, IAL<sup>1</sup>; Macena, NCR<sup>1</sup>; Azevedo, MS<sup>2</sup>; Peres, LEP<sup>2</sup>; Scortecci, KC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Biologia Molecular e Genômica, Departamento de Biologia Celular e Genética, UFRN; <sup>2</sup>Departamento de Ciências Biológicas, ESALQ/USP.

renata\_kaline@yahoo.com.br, kacscort@yahoo.com

**Palavras-chave:** Floração, cv. Micro-Tom, bibliotecas subtrativas, construção de cassetes de superexpressão, *ARP*.

O tomateiro é de grande importância para a economia do país, sendo seus frutos utilizados na alimentação da população mundial. Visto que o processo de floração é uma etapa vital para o desenvolvimento de uma planta e é marcado pela conversão do meristema apical vegetativo em reprodutivo, devido a interações entre diversos fatores, tanto internos quanto externos à planta, ainda se conhece muito pouco sobre o processo de floração e frutificação em tomateiro. Apesar de pouco dados sobre a ARP na literatura, há relatos que o gene ARP foi relacionado com a maturação do fruto em morango, dormência da planta em ervilha e maturação do pólen em tabaco e recentemente foi observado que este gene estava envolvido na interrupção do crescimento, possivelmente inibindo o alongamento celular ou a expansão celular, gerando uma redução no tamanho do nabo (*Brassica rapa*), mas ainda não está clara qual a função da proteína ARP. Com base nesses conhecimentos, experimentos anteriores realizados pelo nosso grupo de pesquisa permitiram a identificação de clones a partir de bibliotecas subtrativas utilizando ápices meristemáticos das espécies *Solanum lycopersicum* cv. Micro-Tom e *S. pimpinellifolium*. Assim, dos clones identificados, foi selecionado o cDNA homólogo a AUXIN REPRESSED PROTEIN (ARP). A partir disso, foram construídos os cassetes de superexpressão nas orientações senso (35S::ARP/S) e antissenso (MT 35S::ARP/AS) através do vetor binário pZP211 e transferido a cultivar Micro-Tom (MT) pelo método da infecção por *Agrobacterium tumefaciens* em discos cotiledonares. Portanto, o intuito deste trabalho foi compreender o papel da proteína ARP no processo de desenvolvimento vegetal através da perda e/ou o ganho de função deste cDNA em plantas de tomateiro. Dessa forma, foram observadas alterações fenotípicas e morfológicas nas plantas transgênicas, até o momento, nas gerações T1 e T2, como a floração precoce, na qual as flores das plantas MT 35S::ARP/AS surgiram 66-68 dias após o plantio, as flores das plantas MT 35S::ARP/S surgiram 70-72 dias após o plantio e as controles floriram 80 dias após o plantio; foi observado também um aparente desenvolvimento de gemas laterais diferenciadas nas plantas cv. MT 35S::ARP/AS, em que houve qualitativamente um maior número de gemas laterais desenvolvidas quando comparado as plantas MT 35S::ARP/S e controles, além das alterações estruturais nos pecíolos das plantas cv. MT 35S::ARP/AS, como a presença de uma epiderme lobada ou fissurada, substâncias ergásticas, uma aparente quantidade superior de elementos de vaso (xilema e floema), um aparente número maior de células colenquimáticas na região superior do pecíolo e células do parênquima com formato mais irregulares do que as plantas MT 35S::ARP/S e controles, além de outras características analisadas. Portanto, estes dados podem auxiliar na compreensão do papel da ARP no desenvolvimento do tomateiro.

Apoio financeiro: CNPq



## Desenvolvimento de novos marcadores microssatélites para *Mangifera indica* L.

Alves, EOS<sup>1</sup>; Albuquerque, HYG<sup>2</sup>; Lima Neto, FP<sup>2</sup>; Souza, AP<sup>3</sup>; Corrêa, RX<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Santa Cruz, UESC, Ilhéus, BA; <sup>2</sup>Embrapa Semiárido, CPTSA, Petrolina, PE; <sup>3</sup>Universidade Estadual de Campinas, UNICAMP, São Paulo, SP

elaini@ymail.com

**Palavras-chave:** SSR, Manga, melhoramento genético, heterozigiosidade, PCR

A manga é uma das frutas mais cultivadas em diversas partes do mundo, pois tem grande aceitação no mercado. Existe uma grande diversidade de variedades de manga devido às diferenças de preferências nas diversas regiões em que se cultiva. Enquanto isso, é papel dos programas de melhoramento genético identificar e/ou desenvolver novos cultivares que conquistem o mercado com novas vantagens. Os marcadores moleculares são potentes ferramentas para subsidiar o melhoramento genético, já que podem acessar a informação genética de forma direta. Esse trabalho visou o desenvolvimento de marcadores microssatélites como ferramenta adicional em estudos genéticos em manga. Uma biblioteca enriquecida com regiões microssatélites foi desenvolvida com base no DNA genômico da cultivar 'Tommy Atkins'. Este DNA foi digerido com a enzima de restrição *AfaI* e seus fragmentos foram ligados aos adaptadores *Rsa* 21 (5' CTCTTGCTTACGCGTGGACTA 3') e *Rsa* 25 (5' TAGTCCACGCGTAAGCAAGAGCACA 3') e, então, preamplificados usando primers complementares aos adaptadores. Os produtos de amplificação foram incubados com sondas biotiladas (CT)<sub>8</sub> e (GT)<sub>8</sub> por 10 minutos para hibridização. Em seguida, os fragmentos de DNA enriquecidos foram capturados por meio de esferas magnéticas cobertas com estreptavidina. Esses fragmentos selecionados foram amplificados por PCR, clonados em vetor pGEM-T e usados para transformar bactérias XL1-BLUE. Um total de 48 clones positivos foi selecionado para sequenciamento. Trinta e quatro locos microssatélites foram obtidos dos 48 clones positivos. Foi viável obter 32 pares de desenhos de primers com base nas sequências flanqueadoras dos locos microssatélites. Vinte acessos de *Mangifera indica* L. foram utilizados na validação destes primers. As Reações em Cadeia da Polimerase para amplificar DNA dos 20 acessos de manga com os novos primers continham um volume total de 10 µL incluindo 20 ng de DNA, 0,8µM de cada primer, 1 µL de tampão 10x, 4 mM de dNTP mix, 2 mM de MgCl<sub>2</sub>. O seguinte programa de PCR foi usado para todos os locos: 94 °C por 2 min, 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 54 ° por 45 s, 72 ° por 1 min e uma extensão final de 6 min a 72 °C. Os produtos de amplificação foram submetidos a eletroforese vertical em géis de poliacrilamida desnaturante (6%), os quais foram corados com nitrato de prata. O tamanho dos alelos foi estimado por comparação ao ladder de DNA de 10-pb. Dezesesseis primers amplificaram com eficiência considerável. O número médio de alelos por loco foi 4 (variando de 2 a 6). Os valores médios de níveis de heterozigiosidade observada (H<sub>o</sub>) e esperada (H<sub>e</sub>) foram 0,438 (0 a 1) e 0,625 (0,405 a 0,794), respectivamente. A média dos valores de Polymorphism Information Content (PIC) foi de 0,551, sugerindo que os locos microssatélites analisados são moderadamente informativos.

Apoio Financeiro: CAPES, UESC, UNICAMP e EMBRAPA

## Avaliação de famílias de meio-irmãos de duas populações de maxixe

Lima, IRD<sup>1</sup>; Dantas, JIA<sup>1</sup>; Nunes, GHS<sup>1</sup>; Dantas, ACA<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Arido, UFRSA, Mossoró, RN

*isabela\_duartelima@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Cucumis anguria* L., parâmetros genéticos, ganho genético.

O maxixe (*Cucumis anguria* L.) é uma espécie de origem africana, pertencente à família das cucurbitáceas, com planta rasteira ou trepadeira, anual, rústica e cultivada em pequena escala na Índia, América Central, Estados Unidos e Brasil, é uma cucurbitácea muito comum no norte-nordeste brasileiro, mas ainda subutilizada. Sua forma de consumo está associada à culinária tradicional do nordeste, onde o fruto maduro é cozido com outros ingredientes, originando o prato típico denominado “maxixada”. Considerando a necessidade de valorizar e utilizar o germoplasma de maxixe, o presente trabalho teve o objetivo de avaliar o potencial genético de duas populações de maxixe obtidas com germoplasma provenientes de pequenas propriedades. Foram avaliadas cem famílias de meio-irmãos das populações MCE-20 (frutos com espículos) e MSE-03 (frutos sem espículos) em delineamento em blocos casualizados com três repetições para os caracteres peso médio do fruto, número de frutos por planta, diâmetros longitudinal e transversal, índice de formato e sólidos solúveis. As populações MCE-20 e MSE-03 têm potencial para programas de melhoramento visando obter plantas com frutos grandes (> 90 g) e prolíficas. A seleção indireta com base na seleção de plantas com maior número de frutos por plantas é eficiente para a seleção de famílias com frutos grandes, compridos (IF > 1,3) e plantas prolíficas.

## Molecular genetic diversity of wild accessions of passion fruit (*Passiflora* spp.) based on ISSR markers

Gonçalves, ZS<sup>1,2</sup>; Portugal-Vieira, JG<sup>3</sup>; Jesus, ON<sup>2</sup>; Santos ESL<sup>4</sup> and Cerqueira-Silva, CBM<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA; <sup>2</sup>Centro Nacional de Pesquisa em Mandioca e Fruticultura, Embrapa, Cruz das Almas, BA; <sup>3</sup>Departamento de Genética e Evolução, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP; <sup>4</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA

*csilva@uesb.edu.br*

**Keywords:** *Wild passion fruit, Molecular Markers, Inter Single Sequence Repeats, Active Germplasm Bank, Genetic Improvement.*

The genus *Passiflora* stands out in Passifloraceae family by the highest number of species and for their potential application as ornamental plants and specially, as food (both to juice industries as well as fresh food item). Brazil is the largest producer of passion fruit. However, the incidence of barriers like pests, pathogens and droughts, in addition to the absence of molecular studies for most passifloras, have limited the best performance of this culture and use of wild species. Molecular markers are important tools to access the genetic diversity of populations, supporting the development of strategies for conservation and breeding. This study aimed to estimate the genetic diversity in wild accessions of *Passiflora cincinnata* Mast and *P. setacea* DC based on ISSR markers. Genomic DNA of 44 genotypes was isolated from fresh young leaves using the cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) method. The individuals of passion fruit were genotyped with 23 ISSR markers from reactions in PCR platform. The banding pattern of each accessions, for each species, was transformed into a binary matrix and used to construct matrices of genetic distance using the complement of Dice similarity coefficient. The projection in two-dimensional space was performed by unweighted pair-group method with arithmetic mean (UPGMA) clustering algorithm and its quality was assessed by the cophenetic correlation, distortion and stress. Estimate of the number of gene pools and the distribution of the accesses in each group were performed. The 23 ISSR markers generated a total of 418 (92.6% of polymorphism) and 261 (83.1% of polymorphism) bands for *P. cincinnata* and *P. setacea*, respectively, the majority of these polymorphic. The primers with trinucleotide motifs exhibited a greater number of bands, with average of 18.4 (93%) for *P. cincinnata* and 12.3% (89%) for *P. setacea*. The genotypes of *P. cincinnata* (32 individuals) showed high genetic diversity both inter-access and intra-access, and the accesses were distributed in at least two genes pools. On other hand, the genotypes of *P. setacea* presented low genetic diversity, which can be associated with the small sampling (12 individuals). The ISSR markers was useful to estimate genetic diversity in passion fruits.

Financial Supports: CNPQ, EMBRAPA, FAPESB and UESB

## Variabilidade genética em acessos silvestres de maracujazeiros (*Passiflora* spp.) mediante uso de marcadores análogos a genes de resistência (RGA)

Gonçalves, ZS<sup>1,2</sup>; Portugal Vieira, JG<sup>3</sup>; Jesus, ON<sup>2</sup>; Santos, ESL<sup>4</sup>; Cerqueira-Silva, CBM<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Programa de pós graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA; <sup>2</sup>Centro Nacional de Pesquisa em Mandioca e Fruticultura, Embrapa, Cruz das Almas, BA; <sup>3</sup>Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP; <sup>4</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA

csilva@uesb.edu.br

**Palavras-chave:** Germoplasma, maracujá do sono, maracujá do mato, diversidade genética, conservação.

O gênero *Passiflora* se destaca na família Passifloraceae por apresentar o maior número de espécies e está amplamente distribuído pelos trópicos, tendo o Brasil e a Colômbia como os principais centros de diversidade (aproximadamente 150 e 170 *Passiflora* spp., respectivamente). Todavia, para maioria das espécies de *Passiflora* inexistem estudos genético-moleculares. Diante deste contexto, objetivou-se estimar a diversidade genética intraespecífica entre acessos silvestres de *P. cincinnata* Mast e *P. setacea* DC, mediante uso de marcadores análogos a genes de resistência (RGAs). Para tanto foi extraído pelo método CTAB, a partir de folhas jovens, o DNA genômico de 12 acessos de *P. cincinnata* e de quatro acessos de *P. setacea*. Cada acesso foi representado por um número médio de três plantas. Os acessos foram genotipados com a combinação de 13 pares de *primer* RGAs (usando 23 iniciadores previamente descritos na literatura) a partir de reações em plataforma de PCR e eletroforese em géis de agarose 2%. Os padrões de amplificação observados para cada espécie foram transformados em matriz de dados binários (0 e 1, correspondendo à ausência e presença de bandas, respectivamente) e utilizados para construção de matrizes de distância genética mediante complemento do coeficiente de similaridade de Dice. A projeção no espaço bidimensional foi realizada pelo método da média aritmética não ponderada (UPGMA), sendo a qualidade dos agrupamentos avaliada pelos valores de correlação cofenética, distorção e estresse. Também foram realizadas estimativas de *pool* gênicos mediante análises Bayesianas com o programa Structure. Das treze combinações de primers RGAs utilizados, nove amplificaram regiões genômicas em *P. cincinnata* e sete amplificaram em *P. setacea*. Para *P. cincinnata*, foi observado um total de 80 *amplicons*, sendo 79 polimórficos. Por sua vez, foi observado um total de 78 *amplicons* para *P. setacea*, sendo 62 destes polimórficos. As distâncias genéticas variaram de 0 a 0,87 (*P. cincinnata*) e 0,13 a 0,44 (*P. setacea*). As análises de agrupamento pelo método UPGMA e por meio das estimativas Bayesianas indicaram a existência de dois *pools* gênicos para ambas as espécies avaliadas. Os marcadores RGAs mostraram-se adequados para análises de variabilidade genética nas espécies avaliadas e, em conjunto, os resultados obtidos contribuem para a caracterização do germoplasma mantido no Banco ativo da Embrapa mandioca e fruticultura, potencializando a identificação de acessos divergentes e convergentes para futuro emprego em programas de melhoramento genético do maracujazeiro.

Suporte financeiro: Capes, Embrapa e UESB

## Reação de acessos de meloeiro a *Macrophomina phaseolina* utilizando diferentes métodos de inoculação

Maia, AKS<sup>1</sup>; Medeiros, AC<sup>1</sup>; Nunes, GH<sup>1</sup>; Ambrosio, MMQ<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido, UFERSA, Mossoró, RN

*anakellyblz@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Cucumis melo*, Podridão radicular, Germoplasma

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é a cucurbitácea de maior importância mundial em termos econômicos, tendo grande relevância para o Brasil, mais precisamente para a região Nordeste. Com o cultivo intensivo e contínuo, muitos problemas ocorrem na lavoura meloeira, entre eles, a podridão de raízes e colos causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina*. A resistência genética é uma das alternativas de controle que, aliadas a outras práticas, podem reduzir o efeito dessa enfermidade. Para se obter cultivares com resistência, é preciso identificar as fontes de resistência no meloeiro a *M. phaseolina* utilizando dois métodos de inoculação. Foi avaliada a reação de 45 acessos a três isolados de *M. phaseolina* pelos métodos do palito de dente inserido na região do colo da planta e inoculação com substrato areno-orgânico no solo, ambos previamente colonizados pelo fungo, em um delineamento inteiramente casualizados com cinco repetições. O método do palito de dente é mais eficiente em discriminar os acessos resistentes e os suscetíveis. Os isolados diferem quanto à virulência, sendo o isolado I-248 mais virulento e apropriado para seleção de fontes de resistência no germoplasma de meloeiro avaliado. Há interação entre patógeno e hospedeiro no patossistema formado por *Cucumis melo* e *M. phaseolina*. Nenhum dos acessos avaliados apresentou resistência a todos os isolados utilizados nos diferentes métodos de inoculação.

Apoio financeiro: CNPq

## 2-DE profiling of duckweed (*Lemna sp.*) proteome exposed to light-emitting diode (LED)

Neto, AGB<sup>1,3</sup>; Morais, MB<sup>2,3,4</sup>; Calsa Jr., T<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Programa de Pós-graduação em Genética, UFPE, Recife, Brasil; <sup>2</sup>Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia, RENORBIO, UFPE, Recife, Brasil; <sup>3</sup>Laboratório de Genômica e Proteômica de Plantas, UFPE, Recife, Brasil; <sup>4</sup>Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, UFRPE, Recife, Brasil.

*nettobiologo@hotmail.com*

**Keywords:** in vitro culture, macrophytes, lighting system, phytoremediation, proteomics.

The floating macrophytes duckweeds are considered the smallest flowering plant in the world, and classified into five genera: *Spirodela* (bigger), *Lemna*, *Wolffia*, *Landoltia* and *Wolffiella*. Studies have reported its effectiveness in organic pollutants sequestering and transformation from wastewater. Associated with its ability to produce biomass rich in starch and protein makes it an important alternative source of biomass that doesn't compete for arable land. However, despite its scientific and technological relevance, there is relatively little available information on functional molecular larger scale studies, specially on proteomics. This work aimed to evaluate the proteomic profile of a duckweed isolate (*Lemna sp.*) exposed to light-emitting diode (LED) during in vitro culture. The isolate was grown in MS liquid medium at ½ ionic strength supplemented with 100 g.L<sup>-1</sup> sucrose, pH 5.8. The plants were kept in growth room at 25 °C and photoperiod of 16 hours and two different systems: while fluorescent lamps (3,000 lux) and LEDs LabPAR (LabLumens®) (4,000 lux). After 7 days, 0.4 g of biomass was frozen in liquid N<sub>2</sub>, grinded with mortar and pestle and then proteins were extracted by TCA/acetone method. The protein extract was quantified by Bradford method and integrity verified by SDS-PAGE. Two-dimensional electrophoresis (2-DE) was performed and gels stained using *Coomassie* blue G-250. The images were analyzed in ImageMaster 2D Platinum 7.05 software. The protocol was appropriate for 2-DE analysis, with extraction efficiency around 825 µg(proteins).g<sup>-1</sup>(plant tissue), 0,08%, while maintaining proteins integrity. Image analysis allowed the visualization of 270 spots under white light and 300 in LED, in average. Preliminary comparative analysis led to the visualization of 190 spots common to both light conditions, while 110 spots presented to be unique from LED condition. Correlation coefficient between technical replicates was higher than 0.95. Spots pI concentrated mostly (67%) in 5-7 range, and 28% within 7-10 range. Reduced number of spots in the acidic range was observed in LED condition when compared to fluorescent, clearly visualized in the gels. This study may contribute to the proper establishment of the in vitro cultivation of duckweeds, as well as to assist in understanding the molecular response of the plant to LED condition, since the light-emitting diode has been pointed out as a promising alternative to in vitro cultivation techniques, capable of inducing higher rate of explants multiplication.

Financial Support: UFPE, CAPES, INCT Bioetanol, FAPESP and CNPq.

## Varição cromossômica numérica em *Halodule wrightii* Ascherson: um caso incomum de citomixia

Silva, S. L.<sup>1</sup>; Santos, G. R.<sup>1</sup>; Galvão, V. M. L.<sup>1</sup>; Magalhães, K.M.<sup>2</sup>; Carvalho, R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética Vegetal, Departamento de Biologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Laboratório de Ecologia, Departamento de Biologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE

*silmar.luiz@yahoo.com.br*

**Palavras-chave:** variação cariotípica, número básico, angiosperma marinha, variação intrapopulacional, morfometria

*Halodule* é um gênero de plantas monocotiledôneas exclusivamente marinhas, representado por sete espécies. Contagens cromossômicas foram realizadas com o objetivo de identificar o exato número cromossômico diplóide, compreender o porquê das discrepâncias para os números cromossômicos relatados na literatura e entender qual fator influencia na variação cromossômica numérica em *Halodule wrightii*. Desta forma, pontas de raízes foram coletadas na praia de Suape, litoral sul de Pernambuco (8°21'24.91"S / 34°57'22.20"O), pré-tratadas com 8-HQ 2mM por 60 minutos a 8 °C, fixadas em Carnoy 3:1 etanol absoluto/ácido acético glacial (v/v) por 24h e estocadas em freezer a -20 °C. As lâminas foram confeccionadas usando a técnica de esmagamento e coloração convencional com Giemsa a 2%. As melhores células foram capturadas e utilizadas para análise dos dados através dos programas Adobe Photoshop CS3 e Micromesure versão 3.3. O número cromossômico entre os indivíduos coletados de *H. wrightii* variou de  $2n = 24$  a  $2n = 39$ , contudo o número mais frequente foi  $2n = 38$ . O conjunto cromossômico é representado pela fórmula  $6m+13sm$  e comprimento  $1,36\pm 0,37$  a  $10,18\pm 2,00\mu m$ . O cariótipo foi caracterizado como assimétrico e núcleo interfásico semi-reticulado com a presença de cromocentros de cromatina condensada. Foram observadas entre diferentes indivíduos "pontes" de DNA nuclear nas fases de interfase à prófase, as quais foram associadas a citomixia. O número cromossômico encontrado no presente trabalho foi diferente do registrado para a espécie e para as demais espécies do gênero como *H. wrightii* ( $2n = 44$ ), *H. pinifolia* ( $2n = 44$  e  $32$ ) e *H. uninervis* ( $2n = 32$  e  $16$ ). A citomixia consiste na transferência de material genético ou elementos citoplasmáticos de uma célula para outra adjacente, em geral durante a meiose, e normalmente decorre como resposta a diversos fatores como estresse ambiental, promovendo variações cariotípicas como a aneuploidia e poliploidia. *Halodule* é estenobionte e morfologicamente é influenciada pelos fatores ambientais e a citomixia observada pode estar relacionada direta e indiretamente à ação antrópica. Logo, é provável que este fenômeno esteja sendo intensificado na população estudada. Além disso, em plantas aquáticas a origem de novos citótipos oriundos de propagação vegetativa é considerada natural e de valor evolutivo para espécies que dificilmente se reproduzem sexuadamente como *Halodule*. Diante da variação numérica interpopulacional relatada na literatura e a variação intrapopulacional encontrada no presente estudo, a ocorrência de citomixia pode explicar a origem da variação cariológica relatada nos estudos citogenéticos do gênero. Porém, são necessários estudos que busquem investigar e compreender melhor os mecanismos relacionados às variações numéricas que ocorrem no gênero.

Suporte financeiro: CAPES, FACEPE

## Caracterização citogenética da angiosperma marinha *Halodule wrightii* Ascherson

Silva, S.L.<sup>1</sup>; Magalhães, K.M.<sup>2</sup>; Carvalho, R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Laboratório de ecologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE

*silmar.luz@yahoo.com.br*

**Palavras-chave:** Bandeamento cromossômico, CMA/DAPI, AgNO<sub>3</sub>-RON, variação cariotípica, heterocromatina

*Halodule wrightii* apresenta problemas no tratamento taxonômico, devido a dificuldade de da localização das estruturas reprodutivas. O objetivo deste trabalho foi caracterizar cariotipicamente *H. wrightii* como ferramenta em estudos filogenéticos e taxonômicos. Pontas de raízes foram coletadas em indivíduos de uma população da praia de Suape, litoral sul de Pernambuco (8°21'24.91"S / 34°57'22.20"O), e pré-tratadas com 8-HQ 2mM por 60 minutos a 8°C, fixadas em Carnoy 3:1 etanol absoluto/ácido acético glacial (v/v) por 24h e estocadas em freezer a -20°C. As lâminas foram confeccionadas utilizando-se a técnica de esmagamento seguidas das colorações: convencional com Giemsa a 2% e bandeamentos AgNO<sub>3</sub>-RON e CMA/DAPI. As imagens foram capturadas em microscópio de epifluorescência Leica DM 2500 equipado com câmera digital. Para edição das imagens, utilizou-se o Paint Shop Pro 5 e Adobe Photoshop CS3. Os cromossomos foram medidos no MicroMeasure 3.3 e os valores utilizados para identificar o índice centromérico e a razão entre os braços. O número cromossômico de *H. wrightii* variou entre  $2n=24$  e 39, sendo mais frequente  $2n=38$ . O cariótipo foi caracterizado como assimétrico, núcleo interfásico semi-reticulado e padrão de condensação uniforme. O bandeamento AgNO<sub>3</sub>-RON mostrou a presença de dois núcleos que indicam a presença de duas regiões organizadoras de nucléolos (RONs) ativas. A coloração CMA/DAPI apresentou bandas CMA+/DAPI em todos os cromossomos localizadas nas regiões proximais, intersticiais e/ou subterminais. Alguns pares de cromossomos apresentaram marcação CMA<sup>+</sup> dispersa ao longo dos braços. O número cromossômico encontrado no presente trabalho foi diferente do registrado para a espécie ( $2n=44$ ) e para as demais espécies do gênero ( $2n=44$  e 32 em *H. pinifolia* e  $2n=32$  e 16 em *H. uninervis*). Dentre as variações numéricas mais comuns nas plantas marinhas a mais importante são as relacionadas ao nível de ploidia, sendo  $2n=4x$  o mais comumente relatado. Contudo, aneuploidias também foram registradas e contribuem para a origem de citótipos. Estas variações são originadas principalmente pela propagação vegetativa, que é a principal forma de reprodução. O número de bandas observadas em *H. wrightii* foi maior que o registrado para outras espécies de plantas aquáticas. Regiões coradas por CMA+/DAPI indicam regiões ricas em bases C-G que, em geral são regiões heterocromáticas. A heterocromatina desempenha diversas funções, como estrutural, reguladora de expressão gênica, etc. A quantidade e distribuição da heterocromatina observada em *H. wrightii* pode estar relacionada a eventos de remodelação da cromatina que, porventura, pode vir a explicar a adaptação da espécie ao ambiente marinho. Contudo, diante da variação interpopulacional encontrada na literatura e a variedade intrapopulacional encontrada no presente estudo, são necessários maiores esforços para o entendimento de quais mecanismos estão relacionados às variações numéricas que ocorrem no gênero e investigar o valor evolutivo da grande quantidade de heterocromatina na espécie.

Suporte financeiro: CAPES, FACEPE



## Avaliação da Viabilidade Através de teste de Tetrazólio de Diferentes Genótipos de Feijão Caupi Coletados Na Região Do Cariri

Xavier, PBA<sup>1</sup>; Bezerra, MJM<sup>2</sup>; Freitas Junior, SP<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Ciências Agrárias e da Biodiversidade, Universidade Federal do Cariri, Crato, CE; <sup>2</sup> Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, UFC, Fortaleza, CE

*pedrobrunoxa@gmail.com*

**Palavras-chave:** Variedades, Crioulos, sementes

O teste de tetrazólio é um teste bioquímico baseado na atividade das enzimas desidrogenases que catalisam as reações respiratórias nas mitocôndrias, durante a glicólise e o ciclo de Krebs. Essas enzimas, particularmente a desidrogenase do ácido málico, reduzem o sal de tetrazólio (2,3,5, Trifenil Cloreto ou Brometo de Tetrazólio – TCT ou TBT) nos tecidos vivos. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biologia da UFCa Campus Crato. Foram utilizadas as cultivares Canapu Quitaius, Coruja, Coruja Vagem Roxa, Rosinha, Pingo de Ouro, Francisco de Assis, Comércio Crato, Beira Rio, Zé Matias, Sempre Verde, Costelão, G. Francisco de Assis, Clarinho, Canapu Ligeiro e Canapu Verdadeiro coletados na região do Cariri Cearense. O teste de tetrazólio foi realizado com 200 sementes de cada lote, sendo selecionadas manualmente as que não estavam danificadas. Inicialmente as sementes foram preparadas antes da coloração sendo submetidas a um pré-umedecimento em 300 ml de água destilada, foram colocadas dentro de um béquer, esse processo facilita a absorção da solução de tetrazólio tornando a coloração mais uniforme e diminuindo os danos mecânicos. Logo após foram cobertos com plásticos de polietileno transparente evitando a perda de umidade e colocadas no germinador tipo B.O.D sob temperatura de 25° C, durante 22 horas. Para a coloração das sementes foi separados quatro repetições de 50 sementes, colocadas para embeber em solução tetrazólio em copos descartáveis de 250 ml cobertos com papel alumínio em temperatura de 30°C no período de 24 horas. Na variedade Rosinha foram identificadas 60% de sementes totalmente coloridas, 19,5% dos tecidos essenciais menos da metade sem colorir, 13% deterioradas, 17,5% dos tecidos essenciais mais da metade sem colorir. Totalizando sementes viáveis 79,5%. No Pingo de Ouro foram observadas 12,5% das sementes deterioradas, sendo 6% com gorgulho, larva e ovos, 5,5% furadas e quebradas e 1% necrosada. Totalizando sementes viáveis 59,5%. Na variedade Costelão foram identificadas 56,5% das sementes totalmente coloridas, 17,5% metade dos tecidos essenciais sem colorir e 26,5% deterioradas e com presença de larvas e ovos. Totalizando 56,5% as sementes viáveis. Já na variedade Coruja foi constatada 1,5% das sementes deterioradas e 83,5% coloração total. Totalizando 85% de sementes viáveis. Tendo em vista os resultados analisados, tem-se que para os produtores de feijão caupi do Cariri cearense as variedades Coruja e Rosinha obtiveram maior porcentagem de sementes viáveis o que demonstra apresentarem uma boa capacidade de germinação.

Apoio financeiro: CNPq, Funcap, NEFIMP e UFCA.

## Estimativa de parâmetros genéticos da emergência de plântulas em linhagens de flor de seda via REML/BLUP

Lima, GS<sup>1</sup>; Neder, DG<sup>2</sup>; Almeida, IVB<sup>3</sup>; Bezerra, AS<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em agroecologia da UEPB, Lagoa Seca, PB; <sup>2</sup>Pós-graduando no mestrado em ciências agrárias, UEPB, Campina Grande, PB; <sup>3</sup>Professor Doutor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB

*dgneder@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Calotropis procera*, planta xerófila, germinação, componentes da variância

Nos últimos anos a flor de seda tem despertado atenção de pesquisadores em sua utilização como forrageira, devido, principalmente, sua resistência a seca. Essa planta necessita de trabalhos de melhoramento genético através da seleção e propagação de genótipos mais produtivos. Poucas pesquisas foram desenvolvidas com espécie, e inexistem trabalhos de melhoramento. Com isso, fica evidente a necessidade de conhecê-la melhor, principalmente para estimação de parâmetros genéticos. Sabendo da importância da planta para o semiárido brasileiro, objetivou-se estimar parâmetros genéticos da emergência de plântulas em linhagens de flor de seda. Realizaram-se coletas de frutos de acessos de flor de seda no mês de março de 2014, em áreas de ocorrência natural da espécie, as margens da BR 230, BR 104, BR 412, no trajeto entre os municípios de João Pessoa e Patos - PB. As sementes foram extraídas de forma manual e colocadas para secar a sombra e durante uma manhã no sol e foram armazenados em sacos de papel. O experimento foi conduzido no viveiro florestal da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), no município de Campina Grande – PB, em casa de vegetação, no mês de abril de 2014, cultivado em tubetes com capacidade de 280 cm<sup>3</sup> preenchidos com substrato proveniente de um vertissolo. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 89 genótipos e três repetições, com 8 plantas por parcela. Foram semeadas cinco sementes por tubete e avaliou-se a emergência de plântulas (EP). As plantas foram irrigadas diariamente, pela manhã, com água do sistema local de abastecimento, aplicando-se uma quantidade suficiente para ocorrer a drenagem. As avaliações da EP foram realizadas do sexto ao décimo dia após a semeadura, no mesmo horário, utilizando-se como critério a contagem diária do nº de plântulas emergidas. A EP final foi obtida pela relação entre o número de plântulas emergidas e o número total de sementes x 100. Os resultados foram expressos em porcentagem de plântulas normais. Através do modelo misto (REML/BLUP) obtiveram-se os seguintes parâmetros genéticos: média geral de 80.56%; herdabilidade (0.65 ± 0.14); herdabilidade média (0.85); variância genética (277.8); variância ambiental (144.4); variância fenotípica (422.1); acurácia de 0,92; Cv genético (20.68%); CV ambiental (14.91%); CV relativo (1.38). As herdabilidades foram classificadas como altas e a acurácia muito alta. Sementes com maiores EP são de interesse para exploração agrícola, pois podem propiciar ganho genético durante a seleção em programas de melhoramento da espécie, pois é uma variável de grande importância para avaliação da propagação sexual, característica primordial para sucesso na implantação de uma lavoura, sobretudo com espécies silvestres como a flor de seda.

## Estimativa de parâmetros genéticos da área foliar em linhagens de flor de seda via REML/BLUP

Lima, GS<sup>1</sup>; Neder, DG<sup>2</sup>; Almeida, IVB<sup>3</sup>; Bezerra, AS<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em agroecologia da UEPB, Lagoa Seca, PB; <sup>2</sup>Pós-graduando no mestrado em ciências agrárias, UEPB, Campina Grande, PB; <sup>3</sup>Professor Doutor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB

*dgneder@hotmail.com*

Nos últimos anos a flor de seda tem despertado atenção de pesquisadores em sua utilização como forrageira, devido, principalmente, sua resistência a seca. Essa planta necessita de trabalhos de melhoramento genético através da seleção e propagação de genótipos mais produtivos. Poucas pesquisas foram desenvolvidas com espécie, e inexistem trabalhos de melhoramento. Com isso, fica evidente a necessidade de conhecê-la melhor, principalmente para estimação de parâmetros genéticos. Sabendo da importância da planta para o semiárido brasileiro, objetivou-se estimar parâmetros genéticos da área foliar de linhagens de flor de seda. Realizaram-se coletas de frutos de acessos de flor de seda no mês de março de 2014, em áreas de ocorrência natural da espécie, as margens da BR 230, BR 104, BR 412, no trajeto entre os municípios de João Pessoa e Patos - PB. As sementes foram extraídas de forma manual e colocadas para secar a sombra e durante uma manhã no sol e foram armazenados em sacos de papel. O experimento foi conduzido no viveiro florestal da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), no município de Campina Grande – PB, em casa de vegetação, no período de abril a julho de 2014, cultivado em tubetes com capacidade de 280 cm<sup>3</sup> preenchidos com substrato proveniente de um vertissolo. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 89 genótipos e três repetições, com 8 plantas por parcela. As plantas foram irrigadas diariamente, pela manhã, com água do sistema local de abastecimento, aplicando-se uma quantidade suficiente para ocorrer a drenagem. Realizaram-se mensurações de comprimento e largura das folhas dos acessos aos 90 dias após o plantio. A área foliar das linhagens foi obtida a partir do modelo  $AF = L \times C \times 0,75$ . Obteve-se a área foliar total (AFT), expressa em cm<sup>2</sup>, somando-se a área foliar de cada folha. Com isso, obtiveram-se os seguintes parâmetros genéticos, via modelos mistos do tipo REML/BLUP: média geral de 75,72cm<sup>2</sup>; herdabilidade (0.43 ± 0.11); herdabilidade média (0.69); variância genética (370.22); variância ambiental (496.37); variância fenotípica (866.59); acurácia de 0.83; CV genético (25.41%); CV ambiental (29.42%); CV relativo (0.86). As herdabilidades e acurácia foram classificadas como altas. Essa característica é essencial para seleção de linhagens para produção de forragem, pois plantas com maior AFT, possuem folhas mais desenvolvidas com maior rendimento de matéria seca.

## Citogenética de espécies do gênero *Croton* L. (Euphorbiaceae Juss.) do Parque Estadual do Pico do Jabre, Maturéia, Paraíba, Brasil

D, Oliveira<sup>1,4</sup>; Lucena, MFA<sup>3,5</sup>; Sousa, JM<sup>2,5</sup>.

1Mestrando em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas; 2Professor Assistente (Orientador); 3Professora Adjunta I; 4Programa de Pós-graduação em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Bairro Dois Irmãos - CEP: 52171-900 - Recife/PE; 5Unidade Acadêmica de Ciências Biológicas, Centro de Saúde e Tecnologia Rural, Universidade Federal de Campina grande – Av. Universitária, S/N, Bairro Santa Cecília, CEP:58700-970, Patos, PB.

davidbiodm@gmail.com

**Palavras-chave:** Evolução, Citotaxonomia, *grewioides*, *laceratogladulosus*, *urticifolius*

É através da seleção natural, que a evolução apresenta-se como o princípio básico da ocorrência da vida e, compreender os mecanismos evolutivos que possibilitaram o surgimento das mais diversas espécies existentes atualmente é um dos maiores desafios da Genética. Sendo um dos maiores representantes da família Euphorbiaceae Juss., o gênero *Croton* L. está amplamente distribuído no Nordeste brasileiro representado por diversas espécies, muitas delas endêmicas. Há ainda, uma grande divergência quanto à classificação taxonômica deste gênero, devido à falta de estudos aprofundados relacionados aos processos evolutivos ocorridos neste grupo. Como uma forte aliada na compreensão destes processos, a Citotaxonomia, que por meio de uma análise detalhada da morfologia e variação numérica dos cromossomos auxilia na elucidação de entraves na classificação taxonômica. No presente trabalho foram coletadas plantas jovens ou adultas de cinco espécies do gênero *Croton* ocorrentes no Parque Estadual do Pico do Jabre, com o objetivo de determinar o número cromossômico das mesmas. Para a contagem cromossômica, foram preparadas lâminas de todas as espécies coletadas a partir das pontas de raízes jovens sendo registrada a contagem do número de cromossomos para três delas, identificadas como *Croton grewioides* Baill. ( $2n=20$ ) dado este, inédito para a Secção *Decarininum* Müll.Arg., *Croton* cf. *laceratogladulosus* Caruzo & Cordeiro ( $2n=20$ ), dado também inédito para esta espécie recentemente identificada e *C. urticifolius* Lam. ( $2n=20$ ). Após verificar-se a inexistência de muitas informações referentes às espécies estudadas neste trabalho, conclui-se que os resultados aqui obtidos podem contribuir substancialmente para os estudos de Citotaxonomia além de fornecerem dados importantes para a compreensão dos fenômenos evolutivos ocorridos no gênero *Croton*, tendo ainda grande importância ecológica para as pesquisas realizadas na área de estudo, por ser o Pico do Jabre uma importante Unidade de Conservação no estado da Paraíba.

## Amplificação cruzada de locos microssatélites entre espécies silvestres e comerciais de maracujazeiro (*Passiflora* spp.)

Cerqueira-Silva, CBM<sup>1,2</sup>; Santos, ESL<sup>1,2</sup>; Vieira, JGPV<sup>2</sup>; Jesus, ON<sup>3</sup>; Mori, GM<sup>2</sup>; Corrêa, RX<sup>4</sup>; Souza, AP<sup>2,5</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA; <sup>2</sup>Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP; <sup>3</sup>Centro Nacional de Pesquisa em Mandioca e Fruticultura, Embrapa, Cruz das Almas, BA; <sup>4</sup>Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, BA; <sup>5</sup>Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP

csilva@uesb.edu.br

**Palavras-chave:** Banco Ativo de Germoplasma, maracujá, marcadores moleculares, SSR, variabilidade genética

Os maracujazeiros, como são popularmente conhecidas as espécies do gênero *Passiflora*, encontram-se amplamente distribuídas na América Latina, destacando-se como principais centros de diversidade do gênero o Brasil e a Colômbia (com aproximadamente 150 e 170 espécies, respectivamente). Apesar da diversidade de espécies e do potencial uso dos maracujazeiros para fins ornamentais, fitoterápicos e principalmente consumo dos frutos frescos e seus derivados, caracterizações genéticas são recentes, ou inexistentes, para a grande maioria dos maracujazeiros (*Passiflora* spp.). A escassez de informações é ainda mais acentuada para caracterizações genéticas associadas ao uso de marcadores moleculares, visto que os estudos estão concentrados em poucas espécies de interesse comercial. Neste contexto, objetivando potencializar o uso de marcadores moleculares co-dominantes em estudos genéticos do gênero *Passiflora*, foram avaliados os padrões de amplificação cruzada de 109 locos microssatélites entre 14 espécies silvestres e comerciais de maracujazeiro (a saber: *P. alata*, *P. cincinnata*, *P. edulis*, *P. foetida*, *P. galbana*, *P. gibertii*, *P. laurifolia*, *P. malacophylla*, *P. morifolia*, *P. rubra*, *P. setacea*, *P. suberosa*, *P. tenuifila*, *P. watsoniana*). Para realização dos ensaios laboratoriais foram coletadas folhas jovens de três plantas representativas dos acessos das espécies avaliadas e mantidas no banco ativo de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizado na cidade de Cruz das Almas, Bahia. Os pares de primers microssatélites utilizados foram desenvolvidos para *P. cincinnata*, *P. edulis* e *P. setacea* e previamente publicados por diferentes grupos de pesquisa. As reações de amplificação foram realizadas como descrito nos artigos de desenvolvimento e caracterização dos locos microssatélites e a visualização dos resultados foi realizada em sistema de eletroforese horizontal (géis de agarose 3%, submersos em tampão TBE 0.5X) para verificação da amplificação e vertical (géis de poliacrilamida 6%, submersos em tampão TBE 1X) para caracterização do tamanho dos *amplicons*. Os resultados da genotipagem foram tabulados em matriz de dados binários (sendo 0 = ausência de *amplicons* e 1 = presença de *amplicons*). A partir da matriz de dados binários foram avaliados os percentuais de amplificação cruzada, estimada a distância com base no complemento da coincidência simples e construído dendrograma pelo método da média aritmética não ponderada (UPGMA). A estratégia de amplificação cruzada mostrou-se eficiente para obtenção de locos microssatélites em espécies de *Passiflora*, com uma média de amplificação cruzada de aproximadamente 60% (variando de 46% para *P. laurifolia* até 91% para *P. malacophylla*). A distância entre as espécies avaliadas variou de 0.07 (entre *P. alata* e *P. morifolia*; *P. alata* e *P. watsoniana*) até 0.42 (*P. laurifolia* e *P. setacea*; *P. laurifolia* e *P. edulis*). Os resultados apresentados ampliam o número de espécies de maracujazeiro com locos microssatélites avaliados e somam-se às ações do grupo de pesquisa 'BioGen' UESB/CNPQ no intuito de subsidiar estudos genéticos no gênero *Passiflora*.

Suporte Financeiro: Capes, CNPQ, FAPESB, FAPESP e UESB

## Estrutura e diversidade genética entre acessos de maracujazeiro “amarelo” e “roxo” (*Passiflora edulis* Sims) com base em marcadores microssatélites

Cerqueira-Silva, CBM<sup>1,2</sup>; Santos, ESL<sup>1,2</sup>; Jesus, ON<sup>3</sup>; Vieira, JGP<sup>2</sup>; Mori, GM<sup>2</sup>; Corrêa, RX<sup>4</sup>; Souza AP<sup>2,5</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA; <sup>2</sup>Centro de Biologia Molecular e Engenharia genética, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP; <sup>3</sup>Centro Nacional de Pesquisa em Mandioca e Fruticultura, Embrapa, Cruz das Almas, BA; <sup>4</sup>Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, BA; <sup>5</sup>Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP

csilva@uesb.edu.br

**Palavras-chave:** Banco Ativo de Germoplasma, maracujá, marcadores moleculares, SSR, variabilidade genética

O gênero *Passiflora* (Passifloraceae) possui aproximadamente 520 espécies, sendo que aproximadamente 70 espécies possuem potencial uso comercial para consumo humano. Entretanto, essa diversidade de espécies não é visualizada no cultivo do maracujazeiro, visto que aproximadamente 95% das áreas agrícolas destinadas a cultura do maracujazeiro estão ocupadas com o maracujazeiro “amarelo” e “roxo” (*P. edulis* Sims). A produção brasileira de maracujá tem crescido nas últimas décadas e o Brasil destaca-se como maior produtor mundial. Apesar da importância desta cultura para a agricultura brasileira, programas de melhoramento são ainda reduzidos e seus poucos resultados recentes. Além disso, inexistem dados de diversidade genética e de caracterizações agrônomicas para grande parte dos acessos mantidos em bancos ativos de germoplasma (BAG) e coleções de germoplasma de maracujá. Objetivando contribuir para o conhecimento da diversidade genética do gênero *Passiflora* e gerar informações para os programas de pré-melhoramento do maracujazeiro, foram realizadas estimativas de diversidade e estrutura genética. Para tanto foram caracterizados 85 acessos de *P. edulis* pertencentes ao BAG da Embrapa Mandioca e Fruticultura, sendo utilizadas em média três plantas por acesso (totalizando 247 plantas). A extração do DNA foi realizada a partir de folhas jovens pelo método CTAB e a avaliação do polimorfismo genético realizada com base nos padrões de amplificação de 23 locos microssatélites. As reações de amplificação foram conduzidas como descrito nos artigos de desenvolvimento dos *primers* e caracterização dos locos. A visualização das amplificações foi feita com auxílio de sistema de eletroforese vertical com géis de acrilamida 6% (em tampão TBE 1X), corados com nitrato de prata. Após tabulação dos dados, foi calculada a distância de Rogers (modificada por Wright), construído dendrograma (método neighbor-joining) e gráficos de coordenadas principais (PCoA). O agrupamento dos acessos foi também avaliado por análises Bayesianas, estimativas de variabilidade com base em Análise Molecular de Variância (AMOVA) e estimativas de endogamia ( $G_{st}$ ). Como resultados foram observados uma média de seis alelos por loco (totalizando 141 alelos) e a distância genética variou de 0.21 a 0.67 (média de 0.41). A análise Bayesiana indicou maior probabilidade (Delta K = 13) para existência de cinco pool gênicos, sendo observado pela AMOVA que 10% da variação identificada é decorrente de diferenças existentes entre grupos. Foi observado um  $G_{st} = 0,15$ , indicando moderado nível de estruturação genética. Os dados obtidos neste trabalho e as informações agrônomicas disponíveis para os acessos permitem a proposição de cruzamentos preferenciais a serem realizados para potencializar ganhos de produção e a manutenção da variabilidade. Em conjunto os dados de diversidade apresentados neste estudo representam parte do esforço do grupo de pesquisa “BioGen” UESB/CNPQ em contribuir para ações de melhoramento e conservação do maracujazeiro.

Apoio financeiro: CAPES, FAPESB, FAPESP, UESB

## Genetic diversity and structure of cacao populations established for 260 years in Bahia, Brazil

Santos, ESL<sup>1,2</sup>; Cerqueira-Silva, CBM<sup>1,2</sup>; Mello, DLN<sup>3</sup>; Corrêa, RX<sup>4</sup>; Ahnert, D<sup>4</sup>; Souza, AP<sup>2,5</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, Bahia, Brazil;

<sup>2</sup>Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil;

<sup>3</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano, Uruçuca, Bahia, Brazil; <sup>4</sup>Centro de Biotecnologia e Genética, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia, Brazil; <sup>5</sup>Departamento de Biologia Vegetal, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo, Brazil

*elialisboa@yahoo.com.br*

**Keywords:** Molecular markers, microsatellite, agronomic evaluations, genetic breeding, SSR

*Theobroma cacao* ( $2n = 20$ ) is a neotropical perene and allogamous tree that is cultivated in approximately 60 countries around the world. Brazil is the most important cacao-producing country in the Americas and 62% of the Brazilian cacao-production is developed in Southern Bahia region. The first introduction of cacao in Bahia occurred in 1746, when seeds of Comum variety were imported. Around one-century latter additional introductions were made and the varieties Maranhão and Pará were also planted. Comum, Pará and Maranhão are called as Bahian cacao varieties or Bahian local cultivars. Over the course of two centuries descendants of these introductions founded nearly all Bahian cacao plantations. With the identification of witches' broom disease in Bahia in 1989 Bahian cacao varieties started to be replaced in many farms by resistant clonal cultivars. Even though these cultivars are no resistant to witches' broom disease, they are very much appreciated by farmers because of their elevated productivity and quality features. This study aimed to characterize the genetic variability of the local cacao cultivars. A sample of 176 plants taken in four municipalities (Canavieiras, Uruçuca, Camacan and Gandu) were characterized with 29 microsatellite markers and nine agronomic traits of fruits (weight, length, diameter and shell thickness) and seeds (total number and weight per fruit, weight of 10 seeds and length and width). The molecular evaluations allowed for the identification of 119 alleles, and Bayesian statistics indicated the presence of three genetic groups. One group was formed by six genotypes and was not considered representative of Bahian cacao local cultivars. The remaining two groups were composed of 71 and 75 individuals and were termed as Bahian cacao I (allele richness = 1.31, observed ( $H_O$ ) and expected ( $H_E$ ) heterozygosities of 0.054 and 0.106, respectively) and Bahian cacao II (allele richness = 1.41,  $H_O = 0.067$  and  $H_E = 0.149$ ), respectively. Phenotypic evaluations indicated significant differences between genotypes ( $p < 0.01$ ) for each of the nine traits. Mahalanobis distance measurements indicated a relatively small genetic distance between genotypes. These results indicate that although the genetic variability of Bahian cacao is restricted, these plants have potential for use in breeding programs because they typically have good production rates and are flavorful.

Financial Support: FAPESP, CAPES, UESB, CNPq

## Molecular diversity and genetic structure of cacao from the Bahia, Brazil

Santos, ESL<sup>1,2</sup>; Cerqueira-Silva, CBM<sup>1,2</sup>; Mori, GM<sup>3</sup>; Corrêa, RX<sup>4</sup>; Pires, JL<sup>5</sup>; Ahnert, D<sup>4</sup>; Souza, AP<sup>2,6</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, Bahia; <sup>2</sup>Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo; <sup>3</sup> Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Piracicaba, São Paulo; <sup>4</sup>Centro de Biotecnologia e Genética, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz, Ilhéus, Bahia; <sup>5</sup>Centro de Pesquisas do Cacao, Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira, Itabuna, Bahia; <sup>6</sup>Departamento de Biologia Vegetal, Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, São Paulo

*elialisboa@yahoo.com.br*

**Keywords:** *Theobroma cacao*, microsatellite, germplasm, genetic breeding, SSR

Bahia is the most important cacao-producing state in Brazil, where cultivation was initiated in the eighteenth century when the first seeds were introduced from the Lower Amazon region and planted in this southern state. The plants that were obtained from this and another introduction (occurred in the nineteenth century) formed Bahian cacao varieties, which is still cultivated in Bahia. In the 1930s and 1940s, clones representatives of Bahian cacao varieties were selected in farmers' fields by Bahian Cacao Institute and Agronomic Institute of East (these clones designated as SIC and SIAL, respectively), and is part of cacao germplasm collections around the world. Clones of SIC and SIAL were also characterized as quite productive and therefore used in the production of hybrids and as parents in recurrent selection programs. Despite the economic and cultural importance of SIC and SIAL clones to the Bahia, no studies of codominant markers specific for the clones have been reported. With the aim of characterizing the genetic diversity and identifying the population substructure, we genotyped the 51 SIC and SIAL clones along with 52 reference clones using 30 simple sequence repeat (SSR) markers. The results confirmed the low genetic diversity of the Bahian clones (mean alleles per locus = 2.60, observed ( $H_O$ ) and expected ( $H_E$ ) heterozygosities of 0.116 and 0.218, respectively) compared to the reference clones (mean alleles per locus = 6.67,  $H_O$  = 0.502 and  $H_E$  = 0.603). In addition, high positive fixation index values ( $F = 0.38$ ) for the SIC and SIAL clones were observed, indicating inbreeding, which reflect the founder effect of introduced plants and is typical for these self-compatible clones. Bayesian approach separated the 103 evaluated clones into three groups, being a group formed especially by the 51 SIC and SIAL clones. Analyses were conducted to obtain substructures and a run only for SIC and SIAL clones revealed a tendency to separate these clones each other (SIC of the SIAL clones). Additional substructures were observed for SIC group, being these separated into three clusters, one of which was formed only by the SIC clones that were selected from a mutant of the common cacao and is known as Catongo. A deeper level of substructure could be revealed in Bahian cacao clones by careful analysis of informative loci. Despite the low genetic diversity, these clones remain important sources of alleles both for conservation and for use in genetic breeding programs.

Financial Support: FAPESP, CAPES, UESB, CNPq



## Identificação e validação de transcritos SuperSAGE de cana-de-açúcar diferencialmente expressos sob déficit hídrico

Silva, MD<sup>1</sup>; Silva, RLO<sup>1</sup>; Ferreira Neto, JRC<sup>1</sup>; Kido, EA<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pernambuco, UFPE/CCB/Genética, Pernambuco, PE

*manassesdaniel@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Saccharum*; seca; transcriptômica; RT-qPCR; expressão gênica

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é uma cultura de extrema importância industrial, amplamente cultivada em países tropicais e subtropicais. O Brasil é o maior produtor mundial dessa cultura, com o processamento anual de mais de 580 milhões de toneladas, resultando em um faturamento bruto de aproximadamente R\$ 56 bilhões e gerando milhares de empregos diretos e indiretos. Dentre todos os fatores bióticos e abióticos, a seca é o que mais frequentemente influencia de forma negativa a produtividade da cana-de-açúcar. A questão é crucial principalmente no Nordeste brasileiro, que possui baixa precipitação e alto déficit hídrico. Portanto, o desenvolvimento de genótipos de cana-de-açúcar tolerantes à seca está estritamente relacionado à sustentabilidade e à viabilidade econômica da cultura. Desde que milhões de *tags* (sequências de cDNA com 26 pb) são sequenciados em um mesmo experimento SuperSAGE (*Super Serial Analysis of Gene Expression*), um compreensivo padrão do transcriptoma é gerado. O presente trabalho pretende contribuir para um maior entendimento dos processos envolvidos na resposta da cana-de-açúcar à seca através da identificação e validação de alvos moleculares diferencialmente expressos na condição de estresse em relação ao controle sem estresse, visando o desenvolvimento de marcadores moleculares funcionais para uso em seleção assistida ou para transformação de plantas. Para tanto, foram feitas análises *in silico* em quatro bibliotecas (geradas de RNAs totais de raízes de um *bulk* de genótipos sensíveis e outro tolerantes a seca, após supressão de rega por 24h) que evidenciaram transcritos diferencialmente expressos ( $p\text{-value} < 0,05$  em teste Audic-Claverie), sendo 12,179 *unitags* consideradas induzidas e 12,482 reprimidas nos genótipos tolerantes, de um total de 205.975 *unitags*. Paralelamente, o mapeamento das *unitags* no genoma de *Sorghum bicolor* (L.) Moench, diplóide taxonomicamente mais próximo da cana-de-açúcar, da base de dados Phytozome, resultou em 16.372 alinhamentos perfeitos, envolvendo 13.772 *unitags* e 10.124 transcritos de sorgo em 9.040 locos de um total de 36.338 previstos. Por fim, foram testados 35 pares de iniciadores específicos de potenciais alvos selecionados para análises de quantificação relativa, dos transcritos identificados na SuperSAGE, via PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR). Em quantificação absoluta, 18 pares amplificaram, sendo 12 destes eficientes em 5 pontos de diluição (sem diluição, 1:10, 1:100, 1:1.000 e 1:10.000). As próximas etapas visarão a validação dos dados de expressão, a partir da quantificação relativa via RT-qPCR desses iniciadores eficientes em relação a genes de referência já testados.

Apoio Financeiro: CAPES, CNPq, FINEP

## Validação de genes diferencialmente expressos em cana-de-açúcar em condições de déficit hídrico através da técnica de SuperSAGE

Silva, RLO<sup>1</sup>; Silva, MD<sup>1</sup>; Benko-Iseppon, AM<sup>1</sup>; Kido, EA<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pernambuco, UFPE/CCB/Genética, Pernambuco, PE

lane.roberta@gmail.com

**Palavras-chave:** *Saccharum*; Estresse abiótico; Perfil transcricional; RT-qPCR; Expressão gênica.

A cana-de-açúcar é uma cultura de alto valor para a indústria, sendo cultivada em regiões tropicais e subtropicais. Como ocorre com outras culturas agronomicamente importantes, o cultivo da cana-de-açúcar enfrenta perdas significativas devido a condições edafoclimáticas inadequadas ou desfavoráveis. Neste cenário, a seca figura como um dos mais importantes estresses abióticos, sendo sua ocorrência considerada de extrema relevância quando se trata de perdas na produtividade. O presente trabalho teve como objetivo validar a expressão diferencial de genes candidatos via PCR quantitativa em tempo real (RT-qPCR) em genótipos de cana-de-açúcar tolerantes e sensíveis ao déficit hídrico, utilizando a técnica de SuperSAGE (*Super Serial Analysis of Gene Expression*). Para tanto, genótipos selecionados a partir do programa de melhoramento do Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), com performances contrastantes sob déficit hídrico foram submetidos à supressão de rega por 24 horas e constituíram o material vegetal avaliado, comparativamente ao controle não estressado. Análises *in silico* em quatro bibliotecas SuperSAGE (geradas de RNAs totais de raízes de um *bulk* de genótipos sensíveis e outro de tolerantes a seca) permitiram a identificação de transcritos diferencialmente expressos ( $p\text{-value} < 0,05$  em teste Audic-Claverie). Para a análise de quantificação relativa, foram selecionados dez candidatos (ACC deaminase, Aspartic proteinase, Thioredoxin, Na<sup>+</sup> dependent neutral amino acid transporter, 6-phosphofructo-2-kinase, Beta-expansin 8 precursor, Acetil CoA carboxylase, TIP2-3, PIP2-1 e *Unknown*) que apresentaram respostas diferencialmente significativas e divergentes entre os bulks de genótipos tolerantes e sensíveis quando comparadas as condições de estresse e controle, os quais foram normalizados com os genes de referência 25S rRNA e GAPDH. Dentre os alvos testados, oito (ACC deaminase, Aspartic proteinase, Thioredoxin, Na<sup>+</sup> dependent neutral amino acid transporter, 6-phosphofructo-2-kinase, Beta-expansin 8 precursor, Acetil CoA carboxylase e *Unknown*) foram validados e confirmaram os dados de SuperSAGE, apresentando expressão induzida em quase todos os genótipos tolerantes e não significativa na maioria dos genótipos sensíveis. Para TIP2-3 e PIP2-1 não foi verificada resposta diferencial em nenhum dos genótipos avaliados. A partir do exposto, observa-se que a técnica de SuperSAGE apresenta-se como uma ferramenta eficiente na identificação de candidatos potenciais na resposta de defesa à seca da cana-de-açúcar, e poderá auxiliar na identificação de genes candidatos valiosos para uso em programas de melhoramento genético da cultura.

Apoio Financeiro: FINER, FACEPE e CNPq.

## Nova sequência de DNA ribossômico em *Manihot carthaginensis* subsp. *glaziovii* da ilha de Fernando de Noronha: Um caso de especiação?

Galvão, VML<sup>1</sup>; Santos, GR<sup>1</sup>; Felix, LP<sup>2</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética Vegetal, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Laboratório de citogenética, departamento de Agronomia, UFPB, Areia

*vivianemoreira.galvao@gmail.com.br*

**Palavras-chave:** *Manihot*, cromossomos, FISH, DNAr 5S, especiação.

O gênero *Manihot* Miller é nativo do continente americano e atualmente compreende cerca de 100 espécies. *Manihot carthaginensis* (Jacq.) Müell.Arg. subsp. *glaziovii* (Müell.Arg.) Allem ocorre naturalmente no Nordeste Brasileiro, mas tem sido registrada também para o arquipélago de Fernando de Noronha a cerca de 500km do estado de Pernambuco. Nesse trabalho o cariótipo dos espécimes de *M. carthaginensis* subsp. *glaziovii* ocorrentes no estado de Pernambuco e *M. carthaginensis* subsp. *glaziovii* de Fernando de Noronha foram analisados de forma comparativa por meio das técnicas de bandeamento cromossômico com fluorocromos CMA e DAPI e hibridização *in situ* fluorescente (FISH) com sondas de DNAr 5S e 45S e da imunocoloração com anticorpos contra H4K5ac e H3S10f. De acordo com os resultados obtidos, foram observadas seis bandas terminais de CMA<sub>3</sub><sup>+</sup> para ambos espécimes do continente e do arquipélago, com quatro coincidindo com as constrições secundárias. Para as plantas do arquipélago, uma das regiões de CMA<sub>3</sub><sup>+</sup> foi menos brilhante em relação aos demais. Na FISH as sondas detectaram seis sítio de DNAr 45S nas regiões terminais cromossômicas para ambos os indivíduos, correspondendo aos sítios de CMA<sub>3</sub><sup>+</sup> um deles apresentando menor brilho. As regiões de DNAr 5S apresentaram diferenças cariotípicas. Dois sinais subterminais em um dos menores pares cromossômicos foram revelados nos espécimes coletados no continente (quantidade e localização padrão para espécies do gênero *Manihot*), enquanto que três sítios de DNAr 5S foram visualizados nos espécimes do arquipélago, sendo dois subterminais e um novo sítios de repeats em tandem de DNAr 5S foi observado na região pericentromérica de um terceiro cromossomo. No caso do material proveniente do arquipélago, mudanças cromossômicas como o aumento no número de sítios de DNAr com nova localização podem está relacionado ao surgimento *de novo* da sequência de DNA, devido aos slippages durante a troca entre cromátides homólogas na meiose ou ainda podem ocorrer por translocações associadas, muitas vezes, aos elementos transponíveis, contribuindo no processo de especiação. A pressão seletiva a qual espécimes de Fernando de Noronha estão submetidos pelo isolamento geográfico, também pode agir como uma força evolucionária atuante na fixação e na especiação do genoma dos indivíduos do arquipélago. A imunocoloração revelou o mesmo padrão de marcas em ambos materiais, ou seja, intensa marcação nos núcleos interfásicos para H4K5ac e forte marcação apenas nos terminais cromossômicos em cromossomos metafásicos. Para H3S10f observou-se forte marcação na região centromérica em todos os cromossomos. A detecção de polimorfismos cariotípicos são importantes para o entendimento dos eventos citoevolutivos e dos mecanismos de especiação cromossômica.

Financiamento: CNPq, FACEPE

## Avaliação da reação de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro à *r. solani*

Nascimento, EC<sup>1</sup>; Nunes, GHS<sup>2</sup>; Melo, DRM<sup>3</sup>; Queiróz, MA<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Graduanda em Agronomia pela UFERSA; <sup>2</sup>Professor adjunto na UFERSA; <sup>3</sup>Professora substituta na UFPB.

*erika\_agro1@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Cucumis melo*, patógenos habitantes do solo, resistência

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das mais importantes culturas para o Brasil, principalmente para a região nordeste. A área cultivada com essa hortaliça expande-se a cada ano em razão dos altos preços do produto no mercado externo. Com o cultivo sucessivo do meloeiro muitos problemas fitossanitários relacionados a patógenos habitantes do solo têm se intensificado nos últimos anos, ocasionando sérios danos econômicos. Dentre eles, a rizoctoniose do meloeiro, causada por *Rhizoctonia solani*. A utilização de cultivares resistentes constitui uma medida estratégica no manejo integrado de doenças. O objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro à *R. solani*. Foram avaliados 42 acessos de meloeiro e três híbridos simples de melão ('Vereda', 'Mabel' e 'Olimpic') em delineamento inteiramente ao acaso com cinco repetições. A unidade experimental foi constituída por um vaso com uma planta. O método de inoculação utilizado foi o palito de dente. Utilizou-se três isolados de *R. solani*, identificados como Me-242, Me-243 e Me-244. Considerando a reação aos três isolados, identificou-se os acessos C-AC-03 e 'Olimpic' como medianamente resistentes. Sendo os demais acessos (95,55%) suscetíveis a pelo menos um dos isolados. O híbrido 'Olimpic' é a fonte de resistência a *R. solani* mais promissora por possuir frutos com qualidade comercial desejável.

Apoio financeiro: CNPq

## Efeitos de bactérias endofíticas promotoras de crescimento no sorgo sacarino sob estresse salino

Vidal, AH<sup>1</sup>; Nascimento, CVC<sup>2</sup>; Nascimento, MMA<sup>2,4</sup>; Antunes, JEL<sup>3</sup>; Tabosa, JN<sup>4</sup>; Figueiredo, MVB<sup>4</sup>; Martinez, CR<sup>5</sup>.

<sup>1</sup>Graduanda em Ciências Biológicas pela UFPB, João Pessoa, PB; <sup>2</sup>Doutorando em Biotecnologia pela Rede Nordeste de Biotecnologia, UFPB, João Pessoa, PB; <sup>3</sup>Doutorando em Agronomia (Ciências do Solo) pela UFRPE, Recife, PE; <sup>4</sup>Pesquisadores do Instituto Agrônomo de Pernambuco, Recife, PE <sup>5</sup>Professor do Departamento de Química, UFPB, João Pessoa, PB

andrezactg@hotmail.com; cosme2000@gmail.com

**Palavras-chave:** Sorgo sacarino, Bactérias promotoras de crescimento em plantas, Estresse salino

O sorgo sacarino apresenta-se como alternativa para a produção de etanol e biomassa em áreas atingidas pela salinidade, devido sua adaptabilidade a condições edafoclimáticas adversas. Bactérias promotoras de crescimento em plantas (BPCPs) têm sido utilizadas para remediar os efeitos deletérios dos estresses ambientais sobre esta cultura. Sabe-se que interações planta-BPCPs podem acontecer em diferentes níveis, influenciados por interações genótipo-planta x genótipo-bactéria x ambiente, sendo essencial considerar este fator. Este trabalho visa avaliar o efeito de BPCPs endofíticas no crescimento do sorgo sacarino com e sem estresse salino. Foram testados os isolados IPACC8, IPACC9 e IPACC11, obtidos de cana-de-açúcar na zona-da-mata paraibana (banco de microrganismos do Instituto Agrônomo de Pernambuco-IPA), estirpes de referência da Embrapa Agrobiologia (CNPAB) BR11175 (*Herbaspirillum seropedicae*) e BR11192 (*H. rubrisubalbicans*). Sementes de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) variedade sacarina Wray, obtidas do IPA, foram selecionadas e esterilizadas superficialmente. Procedeu-se cultivo hidropônico, utilizando vasos plásticos com 780 g de areia lavada, homogeneizada (10-30 Mesh) e autoclavada, contendo solução nutritiva (SN) de Hoagland livre de N (pH 6,5; autoclavada), sendo o cultivo em câmara de crescimento com condições físicas e microbiológicas controladas até a coleta do experimento (31 dias). Realizou-se renovação da SN (mantendo-se 65-70 % da capacidade máxima de retenção da areia com reposição gravimétrica da água evapotranspirada) e aplicação de N ( $\text{NO}_3:\text{NH}_4^+$ ; 2:1) semanal. O experimento seguiu delineamento inteiramente casualizado (fatorial 2x7), onde os aspectos estudados foram: a) salinidade (8 e 75 mM-NaCl) e b) 5 isolados bacterianos com 4 mM-N mais dois tratamentos controle N-inorgânico N4 e N16 (4 e 16 mM-N). Realizaram-se análises de variâncias com o auxílio do programa Statistica 8.0. Efeitos dos fatores foram avaliados pelo Teste F e médias comparadas pelo Teste HSD de Tukey ( $P \leq 0,05$ ). Houve efeito negativo da salinidade na altura, diâmetro do colmo, biomassa e matéria seca da parte aérea (BPA e MSPA) e raiz (BR e MSR) do sorgo. Tratamentos inoculados não diferiram do controle N4 quanto à produção de BPA, entretanto, IPACC8 e BR11175 proporcionaram incrementos na BR de 54,4 e 42,7 %, respectivamente. Os isolados proporcionaram redução nos teores de clorofila *a* e incrementos nos teores de clorofila *b* em relação ao controle N4. Os maiores teores de clorofila *b* foram observados no isolado IPACC8, podendo estar relacionado com uma maior disponibilidade de N para as plantas a partir da fixação biológica do N. Neste estudo não foram observados efeitos significativos dos isolados na dependência da salinidade imposta. O isolado IPACC8 apresentou o maior potencial de promoção de crescimento do sorgo sacarino variedade Wray. Estudos posteriores associados a ferramentas da biologia molecular poderão avaliar o desempenho dos isolados com outros cultivares de sorgo visando uma melhor compreensão das interações planta-bactéria-ambiente.

Suporte Financeiro: CNPq, IPA e UFPB

## Radiossensibilidade de três cultivares de *Sorghum bicolor*

Nascimento, CVC<sup>1</sup>; Albuquerque, AJR<sup>1</sup>; Marques, AT<sup>2</sup>; Barbosa, ENA<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Doutorando em Biotecnologia pela Rede Nordeste de Biotecnologia (Renorbio), UFPB, João Pessoa, PB; <sup>2</sup>Professor das Faculdades Integradas de Patos (FIP), Patos, PB; <sup>3</sup>Técnica de Laboratório no Departamento de Sistemática e Ecologia, UFPB, João Pessoa, PB

*carlos.vcn13@yahoo.com.br*

**Palavras-chave:** Sorgo, Radiação Gama, Radiossensibilidade

O sorgo destaca-se por ser uma cultura com elevado potencial para a produção de biomassa e etanol, alta eficiência fotossintética, baixos custos de produção, além de apresentar adaptabilidade a solos de baixa fertilidade e condições climáticas desfavoráveis. Por outro lado, radiações ionizantes são uma ferramenta adicional para a indução de novas variedades agrônômicas. Etapas iniciais no melhoramento por radioindução incluem a definição de doses de radiação apropriadas para ações subsequentes em larga escala. Desta forma, este trabalho busca avaliar os efeitos da radiação gama (<sup>60</sup>Co) no crescimento inicial e teor de clorofila foliar de três cultivares de sorgo. Sementes das cultivares IPA8602502 (granífero-sacarino), IPA467-4-2 e Rio (forrageiros-sacarinos) obtidas do Instituto Agrônomo de Pernambuco foram irradiadas com radiação gama no Departamento de Energia Nuclear da Universidade Federal de Pernambuco. Foram utilizadas 5 doses (50, 100, 150, 250 e 400 Gy) e controle não irradiado. As sementes foram germinadas em potes plásticos (500 mL; 6 sementes/pote) contendo areia (lavada e homogeneizada: 10-30 Mesh) com solução nutritiva (SN) de Hoagland (pH 6,0; 8 mM-NaCl e 20 mM-N), sendo mantida 65 ± 3% da capacidade de campo com reposição gravimétrica da água evapotranspirada. Os potes foram incubados em câmara de crescimento com luminosidade uniforme, temperatura (29,0 ± 0,5 °C), umidade relativa (60 ± 3%) e fotoperíodo (12 h/12 h) controlados até a coleta do experimento (25 dias). Foi realizado desbaste para duas plantas/pote e renovação da SN aos 14 dias após a semeadura. Avaliou-se a porcentagem de germinação, taxa de crescimento (TC), teor de clorofila foliar (TCF) e biomassa total (BT). O experimento seguiu delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, onde a unidade experimental foi um pote com duas plantas. Os procedimentos estatísticos incluíram ANOVA, HSD de Tukey (p<0,05) e análises de regressão. As doses de radiação gama utilizadas não foram suficientes para provocar reduções significativas nas porcentagens de germinação e TCs de nenhuma das cultivares avaliadas. Houve efeito da dose na dependência da cultivar para o parâmetro TCF. As doses suficientes para provocar reduções significativas no TCF em relação aos controles não irradiados foram 150 e 250 Gy para as cultivares IPA8602502 e IPA467-4-2, respectivamente. A cultivar Rio não teve TCFs afetados pelas doses utilizadas. As doses estimadas para uma redução de 30 e 50% da BT foram de 371 e 428 Gy para IPA 467-4-2, 363 e 390 Gy para IPA8602502, 514 e 548 Gy para Rio. Os resultados evidenciam sensibilidade diferencial à radiação gama entre as cultivares avaliadas. Diferentes doses podem ser selecionadas para estudos posteriores de acordo com o propósito do melhoramento e o produto que se deseja, visando a obtenção de mutantes de valor econômico.

Suporte Financeiro: Capes

## Variabilidade genotípica do sistema radicular de linhagens de flor de seda

Silva, RC<sup>1</sup>; Almeida, IVB<sup>1</sup>; Neder, DG<sup>2</sup>; Bezerra, AS<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Pós-graduando no mestrado em ciências agrárias, UEPB, Campina Grande, PB <sup>2</sup>Professor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB <sup>3</sup>Graduando em agroecologia da UEPB, Lagoa Seca, PB

*dgneder@hotmail.com.br*

**Palavras-chave:** Calotropis procera, planta xerófila, forragem, semiárido, modelos mistos

Nos últimos anos a flor de seda tem despertado atenção de pesquisadores em sua utilização como forrageira, devido, principalmente, sua resistência a seca. Essa planta necessita de trabalhos de melhoramento genético através da seleção e propagação de genótipos mais produtivos. Poucas pesquisas foram desenvolvidas com espécie, e inexistem trabalhos de melhoramento. Com isso, fica evidente a necessidade de conhecê-la melhor, principalmente para estimar valores genotípicos. Sabendo da importância da planta para o semiárido brasileiro, objetivou-se estimar valores genotípicos do sistema radicular de linhagens de flor de seda. Realizaram-se coletas de frutos de acessos de flor de seda no mês de março de 2014, em áreas de ocorrência natural da espécie, as margens da BR 230, BR 104, BR 412, no trajeto entre os municípios de João Pessoa e Patos - PB. As sementes foram extraídas de forma manual e colocadas para secar a sombra e durante uma manhã no sol e foram armazenados em sacos de papel. O experimento foi conduzido no viveiro florestal da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), no município de Campina Grande – PB, em casa de vegetação, no período de abril a julho de 2014, cultivado em tubetes com capacidade de 280 cm<sup>3</sup> preenchidos com substrato proveniente de um vertissolo. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 89 genótipos e três repetições, com 8 plantas por parcela. O comprimento da raiz – CR (medido do coleto até a extremidade) foi obtido aos 30 dias após o plantio e a massa verde de raiz (MVR) aos 90 dias, com pesagem, no laboratório de ecofisiologia de plantas cultivadas (ECOLAB), na UEPB, utilizando balança analítica com precisão de 0,001g e matéria seca de raiz (MSR) após a secagem em estufa regulada a 65 °C até atingir massa constante (48 horas). Obtiveram-se os valores genotípicos pelo procedimento (REML/BLUP), onde para CR variaram 21,98 a 17,09 cm, com média geral de 19,04 cm; da MVR variaram de 1,84 a 0,72 g, com média geral de 1,2 g. Na MSR houve variação de 0,21 a 0,11g, com média geral de 0,16g. As linhagens com maior CR, MVR e MSR são indicadas para cultivo em regiões de sequeiro no semiárido, pois plantas com raízes desenvolvidas possuem maior capacidade de sobrevivência e de resistir a déficits hídricos, sendo, portanto, linhagens de interesse em programas de melhoramento da espécie.

## Correlação genotípica, fenotípica e ambiental entre área foliar e matéria seca em linhagens de flor de seda

Silva, RC<sup>1</sup>; Almeida, IVB<sup>1</sup>; Neder, DG<sup>2</sup>; Bezerra, AS<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Pós-graduando no mestrado em ciências agrárias, UEPB, Campina Grande, PB <sup>2</sup>Professor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB <sup>3</sup>Graduando em agroecologia da UEPB, Lagoa Seca, PB

*dgneder@hotmail.com.br*

**Palavras-chave:** Calotropis procera, planta xerófila, forragem, semiárido, modelos mistos

Nos últimos anos a flor de seda tem despertado atenção de pesquisadores em sua utilização como forrageira, devido, principalmente, sua resistência a seca. Essa planta necessita de trabalhos de melhoramento genético através da seleção e propagação de genótipos mais produtivos. Poucas pesquisas foram desenvolvidas com espécie, e inexistem trabalhos de melhoramento. Com isso, fica evidente a necessidade de conhecê-la melhor, principalmente para verificar as relações entre os caracteres para facilitar a seleção. Sabendo da importância da planta para o semiárido brasileiro, objetivou-se determinar a correlação genotípica, fenotípica e ambiental, entre área foliar total e matéria seca da parte aérea em linhagens de flor de seda. Realizaram-se coletas de frutos de acessos de flor de seda no mês de março de 2014, em áreas de ocorrência natural da espécie, as margens da BR 230, BR 104, BR 412, no trajeto entre os municípios de João Pessoa e Patos - PB. As sementes foram extraídas de forma manual e colocadas para secar a sombra e durante uma manhã no sol e foram armazenados em sacos de papel. O experimento foi conduzido no viveiro florestal da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), no município de Campina Grande - PB, em casa de vegetação, no período de abril a julho de 2014, cultivado em tubetes com capacidade de 280 cm<sup>3</sup> preenchidos com substrato proveniente de um vertissolo. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 89 genótipos e três repetições, com 8 plantas por parcela. Realizaram-se mensurações de comprimento e largura das folhas dos acessos aos 90 dias após o plantio. A área foliar das linhagens foi obtida a partir do modelo  $AF = L \times C \times 0,75$ . Obteve-se a área foliar total (AFT), expressa em cm<sup>2</sup>, somando-se a área foliar de cada folha. A matéria seca de caule (MSC) e de folhas (MSF) foram obtidos aos 90 dias após o plantio, com pesagem, no laboratório de ecofisiologia de plantas cultivadas (ECOLAB), na UEPB, utilizando balança analítica com precisão de 0,001g após a secagem em estufa regulada a 65 °C até atingir massa constante (48 horas). As correlações mais altas foram as genotípicas, seguidas pelas fenotípicas e ambientais. Houve correlação genotípica positiva e elevada entre AFT, MSC e MSF. Em programas de melhoramento da flor de seda, o melhorista poderá fazer seleção indireta para MSC e MSF através da AFT, de tal forma que qualquer aumento ou redução na AFT acarreta o mesmo efeito nessas duas variáveis. Assim, ao aplicar a seleção para o aumento de uma dessas características, espera-se resposta correlacionada às outras.



## Identificação de proteínas de parede celular e processos biológicos envolvidos na cana-de-açúcar submetida a estresse de radiação ultravioleta B e seca

Souza, AER de<sup>1</sup>; Martins, PGS<sup>1</sup>; Souza, JM<sup>1</sup>; Barbosa Neto, AGB<sup>1</sup>; Calsa Junior, T<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Genética, Centro Ciências Biológicas (CCB), UFPE, Recife, PE

*amandarocha228@gmail.com*

**Palavras-chave:** parede celular, proteômica, UVB, cana-de-açúcar, estresse hídrico

O desenvolvimento de novos processos economicamente viáveis a partir do material ligno-celulósico oriundo da biomassa da cana-de-açúcar têm sido alvos de diversos estudos. A massa da parede celular é composta de aproximadamente 95% de polissacarídeos, e cerca de 5% de proteínas. A análise proteômica da parede celular vegetal é dificultada principalmente por suas características estruturais, bem como por parâmetros das proteínas de parede celular, cuja maioria tem pI básico e pode ser fortemente glicosilada. Neste trabalho, a variedade de cana-de-açúcar RB867515, geralmente considerada tolerante à seca e rica em fibras, foi exposta ao estresse por alta ou baixa intensidade da radiação ultravioleta-B (UVB) associado à seca durante 7 dias. Extratos de proteína enriquecidos de parede celular foram obtidos utilizando tampões contendo  $\text{CaCl}_2$  e  $\text{LiCl}$ , e submetidos à 2D-PAGE. Perfis 2D digitais obtidos foram analisados nos programas LabScan e Imagem Master 2D Platinum v.7.05 (GE Life Sciences), onde os spots de proteínas diferencialmente expressos (DEPs) foram selecionados com base na análise de variância e significativa relação de frequência normalizada. DEPs foram excisados do gel, digeridos com tripsina e analisados em espectrômetro de massa AUTOFLEX III MALDI-TOF/TOF (BrukerDaltonics) em. Entre os 14 DEPs selecionados, cerca de 21% foram associados putativamente à matriz extracelular e/ou funcionalmente envolvidos com ela. Além disso, apenas quatro DEPs puderam ser identificados como presentes em ambas as condições, mas significativamente variáveis no nível de acumulação entre eles; todas essas DEPs comuns apresentaram acumulação reduzida sob maior estresse UVB. Enquanto isso, três DEPs tiveram sua expressão reduzida no tratamento de menor intensidade UVB, e oito DEPs tiveram sua expressão aumentada no tratamento de maior intensidade de UVB. A classificação funcional dividiu as proteínas em diferentes grupos, incluindo Transporte de íons (28%), Fotossíntese (11%), Fotorespiração (11%), Ciclo de Calvin (11%), Fixação de  $\text{CO}_2$  (11%), Biossíntese de Lignina (6%), ATP sintase (6%), Resposta à estresse (6%), Glicólise (5%), Biossíntese de Flavonóides (5%). As proteínas identificadas foram supostamente atribuídas à sinalização, transporte de membrana e enzimas da parede celular associados à biossíntese de glicanos, e começam a apontar uma visão inicial sobre a dinâmica do proteoma da parede celular da cana em resposta ao estresse por radiação UVB.

Apoio Financeiro: Capes e CNPq.

## USO DE FLUOROCROMOS NA ANÁLISE COMPARATIVA DE DUAS ESPÉCIES DE *Griffinia* KER GAWL (AMARYLLIDACEAE)

Santos, ECXR<sup>1</sup>; Batista, KMS<sup>1</sup>; Felix, LP<sup>2</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética Vegetal, Departamento de Biologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Laboratório de Citogenética Vegetal, Departamento de Agronomia, Universidade Federal da Paraíba, Areia, PB  
[karla\\_batista17@hotmail.com](mailto:karla_batista17@hotmail.com)

**Palavras-chave:** autopoliploidia, cromomicina, evolução, RONS, triploide

*Griffinia* Ker Gawl. é um gênero monofilético, e apresenta 21 espécies endêmicas do Brasil, com grande importância ornamental. Suas espécies possuem número básico cromossômico  $x = 10$  e o número diploide mais frequente  $2n = 20$ , podendo haver indivíduos poliplóides. Contudo, estudos envolvendo a composição da cromatina e sua variabilidade dentro do gênero, ainda são escassos na literatura o que limita a compreensão dos mecanismos carioevolutivos envolvidos na diversificação do grupo. Assim, este trabalho teve por objetivo analisar a distribuição da heterocromatina como parte componente da cromatina de *Griffinia*, por meio da dupla coloração CMA/DAPI e inferir sobre os possíveis mecanismos de carioevolutivos em *Griffinia*. As preparações cromossômicas foram obtidas a partir de meristemas radiculares pré-tratados com colchicina a 0,02% durante 24 horas a 4°C, fixadas em Carnoy por 2-24 horas a temperatura ambiente e estocadas a -20°C. O material foi digerido com uma solução enzimática de 2% de celulase "Onozuka R-10" (Serva) e 20% de pectinase (Sigma) por 60 min a 37°C, esmagado em uma gota de ácido acético 45% e as lâminulas retiradas após o congelamento em nitrogênio líquido. As lâminulas foram envelhecidas por 3 dias e coradas diretamente com 10µl de CMA (0,5 mg/ml) por 1h e 10µl de DAPI (2 µg/ml) por 30 min e montadas em tampão glicerol/Mcllvaine (pH 7,0) 1:1, contendo MgCl<sub>2</sub> 2,5 mM). Os números cromossômicos variaram de  $2n = 20$  em *G. gardneriana* (Herb.) Ravenna a  $2n = 30$  em *Griffinia* aff. *rochae* Morel. Foram observadas em *G. gardneriana* duas bandas heterocromáticas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> associadas às RONS, localizadas nas regiões terminais do braço curto de um par submetacêntrico. Para *Griffinia* aff. *rochae* foram observadas quatro bandas heterocromáticas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> também associadas às RONS e localizadas em dois pares de submetacêntricos, na mesma posição que na primeira espécie. Dessa forma, foi possível observar uma diferenciação cariotípica entre espécies do gênero *Griffinia* através da localização de bandas heterocromáticas. A ocorrência de quatro bandas CMA<sup>+</sup> terminais em *G. aff. rochae* sugere uma possível origem autopoliploide para o citótipo triploide. Contudo, esses dados são passíveis de maiores investigações utilizando outras marcas cromossômicas mais específicas, bem como análises do comportamento meiótico, que associadas permitem auxiliar na compreensão da evolução do grupo.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq FACEPE

## Correlações entre caracteres morfo-agronômicos de melancia

Santos, DEPS<sup>1</sup>; Souza, FF<sup>2</sup>; Dias, RCS<sup>2</sup>; Brito, ETS<sup>1</sup>; Nascimento, TL<sup>1</sup>; Sousa, II<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Graduando em Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, UPE, Petrolina, PE; <sup>2</sup>Eng. Agrônomo, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE.

dayanaevelin123@hotmail.com

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*, melhoramento genético, cucurbitáceas, análise de trilha, índice de seleção,

O presente trabalho teve como objetivo avaliar as correlações entre características morfo-agronômicas avaliadas em diferentes cultivares de melancia. Vinte genótipos (Cpatsa34.1175, Cpatsa34.1022, Cpatsa34.3137, 'Casca Amarela', 'Orange', Cpatsa34.3187, Cpatsa35.1065, CpatsaF1.1101, CpatsaF1.1105, CpatsaF1.0111, CpatsaF1.0311, CpatsaF1.0511, CpatsaF1.0112, CpatsaF1.0412, CpatsaF1.0512, CpatsaF1.0109, CpatsaF1.0609, CpatsaF1.0902, CpatsaF1.0903, 'Top Gun') foram avaliados em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, parcelas de cinco plantas e espaçamento 3,0 m x 1,0m. Avaliaram-se os seguintes caracteres: produção (PRD); peso médio (PMF); teor de sólidos solúveis (TSS); diâmetro lateral (DLF) e transversal (DTF) do fruto; relação DL/DT; espessura da casca na cicatriz floral (ECF); espessura da casca no pedúnculo (ECP); número de sementes por fruto (NSF); peso de 100 sementes (PCS); largura (LDS) e comprimento (CDS) de sementes; diâmetro da corola (DCF); comprimento (COV) e diâmetro (DOV) do ovário; comprimento de rama principal (CRP); número de frutos por planta (NFP); número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina (DAF) e masculina (DAM); comprimento (CFL) e largura (LFL) da folha; relação CFL/LFM. Os dados foram submetidos à análise de variância e as correlações ( $r$ ) foram calculadas utilizando o método de Pearson. Foram observadas correlações altas ( $r > 0,80$ ) e positivas entre os caracteres relacionados com o tamanho da semente [CDSxPCS ( $r=0,94$ ), CDSxLDS ( $r=0,88$ ), LDSxPCS ( $r=0,91$ )] e com o formato do fruto [DLFxDL/DT ( $r=0,90$ )]. Observou-se também alta correlação entre os caracteres DLFxLFL ( $r=0,83$ ) e COVxLFL ( $r=0,81$ ) indicando que, no germoplasma avaliado os genótipos de frutos mais compridos apresentaram folhas mais largas. Dentre os potenciais componentes da produção, o carácter mais associado à produtividade foi a massa dos frutos (PRDxPMF,  $r=0,75$ ). A prolificidade também correlacionou-se positivamente com a produção, embora tenha apresentado um coeficiente moderado (NFPxPRD,  $r=0,54$ ). As correlações estimadas no presente trabalho possibilitaram conhecer as associações entre os caracteres, fornecendo informações importantes para subsidiar estratégias de melhoramento da espécie com base no germoplasma avaliado.

## Correlações entre caracteres morfo-agronômicos de genótipos de café canéfora avaliados no Semiárido

BRITO, ETS<sup>1</sup>; SOUZA, FF<sup>2</sup>; NASCIMENTO, TL<sup>1</sup>; SANTOS, DEPS<sup>1</sup>; SOUSA II<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Graduandos em Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Petrolina-PE; <sup>2</sup>Eng. Agrônomo, pesquisador da Embrapa Semiárido.

*Elyeta\_tamires@hotmail.com.*

**Palavras-chave:** *Coffea canephora* Pierre ex Froehner, seleção clonal, Seleção Precoce, Análise de Trilha, Índice de Seleção .

Este trabalho objetivou analisar as correlações entre caracteres morfo-agronômicos de genótipos de café canéfora (*Coffea canephora* Pierre ex Froehner) cultivados no Semiárido brasileiro. O ensaio foi instalado no campo experimental da Embrapa Semiárido, em Petrolina-PE, em outubro de 2012. Foram avaliados 23 clones oriundos do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural. Utilizou-se delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições e espaçamento 3,5 m x 1,0 m. Aos 21 meses após o plantio, avaliaram-se: altura de planta (ALT); diâmetro de copa (DCP); número de ramos ortotrópicos por planta (NRO); comprimento, número de nós e número de nós em floração nos ramos plagiotrópicos localizados nas posições Norte (CRPN, NNON, NNPN), Sul (CRPS, NNOS, NNPS), Leste (CRPL, NNOL, NNPL) e Oeste (CRPO, NNOO, NNPO) do dossel. Após análise de variância, as médias foram utilizadas para estimação das correlações entre as variáveis. Observaram-se diferenças significativas entre os tratamentos para todos os caracteres, com exceção de CRPL, o que confirma a existência de variabilidade fenotípica no germoplasma avaliado. Correlações significativas e positivas foram observadas entre a maioria dos caracteres, com exceção do NRO, que correlacionou-se negativamente com os demais caracteres. Esse fato sugere que apenas o número de ramos ortotrópicos mantém uma relação inversa com os caracteres que compõem o porte e o vigor da planta. Ou seja, no germoplasma avaliado, as plantas com maior número de caules ortotrópicos tendem a apresentar menor porte e ramos plagiotrópicos mais curtos, com menor número de nós. Além disso, elevados valores de correlação (>0,90) foram observados entre NNPN, NNPS, NNPO e NNPL, indicando que a produção de flores distribuiu-se uniformemente na planta. Na prática, esse resultado pode ser um indicativo de que, para fins de amostragem da floração, os ramos podem ser escolhidos em qualquer posição da copa (norte, sul, leste ou oeste). A estimação das correlações entre os caracteres estudados forneceram uma ideia geral das associações entre eles, o que pode subsidiar o planejamento de futuras estratégias de seleção para o melhoramento genético do café canéfora no Semiárido.

## Diversidade genética entre acessos de maracujazeiro (*Passiflora edulis* Sims) mediante uso de marcadores análogos a genes de resistência (RGA)

Scaldeferri, MM<sup>1</sup>; Gonçalves, ZS<sup>2,3</sup>; Portugal Vieira, JG<sup>4</sup>; Jesus, ON<sup>3</sup>; Santos, ESL<sup>1</sup>; Cerqueira-Silva, CBM<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas e Naturais, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, BA; <sup>2</sup>Programa de pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, BA; <sup>3</sup>Centro Nacional de Pesquisa em Mandioca e Fruticultura, Embrapa, Cruz das Almas, BA; <sup>4</sup>Centro de Biologia Molecular e Engenharia Genética, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP

csilva@uesb.edu.br

**Palavras-chave:** *Passicultura*, marcadores moleculares, melhoramento genético

O gênero *Passiflora*, cujas espécies são comumente conhecidas como maracujazeiro, se destaca na família *Passifloraceae* pela diversidade de espécies, e pelo interesse ecológico, fitoterápico, ornamental e, sobretudo alimentício. Devido ao valor agregado à comercialização de seus frutos e derivados, a espécie *Passiflora edulis* Sims., é a mais cultivada entre as passifloras. Contudo, como ocorre para a maioria das passifloras, estudos genéticos e moleculares são ainda limitados e recentes. Dentre os marcadores moleculares que podem contribuir para estimativas genéticas, estão os análogos a genes de resistência (RGAs), que acessam regiões conservadas no genoma de espécies vegetais, caracterizadas pela resistência à pragas e patógenos. Neste sentido, objetivou-se estimar a diversidade genética de *P. edulis*, mediante uso de marcadores RGAs. Para tanto, foram extraídos pelo método CTAB o DNA genômico de 22 acessos de *P. edulis* oriundos de cinco estados brasileiros (Bahia, São Paulo, Santa Catarina, Pará e Mato Grosso), Venezuela e Portugal, todos mantidos na Embrapa mandioca e fruticultura. Em média foram utilizados dois genótipos por acesso. Os acessos foram genotipados com a combinação de 13 pares de *primer* RGAs (usando 23 iniciadores previamente descritos na literatura) a partir de reações em plataforma de PCR e eletroforese em géis de agarose 2%. Foram construídas matrizes de dados binários, onde: 0 (zero) representava ausência e 1 (um) presença de *amplicons* (bandas) nos géis de agarose avaliados. As matrizes de distância genética foram obtidas a partir do complemento de similaridade de Dice e os agrupamentos realizados pelo método da média aritmética não ponderada (UPGMA), sendo a qualidade dos agrupamentos avaliada pelos valores de correlação cofenética, distorção e estresse. Também foram realizadas estimativas de *pool* gênicos mediante análises Bayesianas com o programa Structure. Todos os 13 pares de iniciadores utilizados amplificaram regiões genômicas em *P. edulis*, gerando um total de 84 marcas, perfazendo uma média de 12 *amplicons* por par de *primer*. Aproximadamente 95% dos *amplicons* foram polimórficos. A distância genética entre os acessos foi em média de 0,45, variando de 0 a 0,70. A partir das estimativas Bayesianas foi observado uma maior probabilidade de agrupamento dos acessos em três ou quatro *pool*s gênicos distintos. Os resultados de agrupamento Bayesianos foram parcialmente corroborados pelo dendrograma construído pelo método UPGMA. A variabilidade genética observada podem ser decorrentes da origem geográfica dos acessos e possível fluxo gênico. Os marcadores RGAs foram eficientes para identificação de *amplicons* polimórficos nos acessos de *P. edulis* avaliados neste trabalho, sendo possível utilizar destas informações para estabelecer níveis de similaridade genética entre os acessos. A variabilidade genética observada para esta espécie evidencia potencial uso em programas de conservação e melhoramento genético.

Suporte Financeiro: Capes, Embrapa e UESB

## Caracterização bioquímica de inibidores de tripsina em diferentes genótipos de amendoim

Martins, PL<sup>1</sup>; Rocha, GMG<sup>2</sup>; Lucena, VS<sup>3</sup>; Santos, RC<sup>4</sup>; Lima, LM<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Mestre em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>2</sup>Mestranda em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>3</sup>Doutoranda em Biotecnologia, RENORBIO; <sup>4</sup>Pesquisadora da Embrapa Algodão.

valeskasl@hotmail.com

**Palavras-chave:** Serino protease, *Arachis hypogaeae*, Oleaginosas, Pragas, Grãos armazenados.

O Amendoim é uma das mais importantes oleaginosas do mundo, em função da sua exploração pelo setor olerícola e pelas indústrias de confeitaria. Dentre os problemas enfrentados na produção de amendoim, destacam-se as pragas que atacam os grãos ainda no processo de armazenamento. Contudo, tem sido identificado, em várias espécies oleaginosas, incluindo *Arachis hypogaeae*, inibidores de proteases (IPs), que atuam inibindo o desenvolvimento de insetos praga. Objetivou-se neste trabalho investigar e caracterizar inibidores de tripsina (IT) em onze genótipos de amendoim por meio de ensaios bioquímicos. Para isto, sementes de amendoim foram maceradas em tampão Tris-HCl e quantificadas pelo método de Bradford para a obtenção dos extratos proteicos brutos (EB). Em seguida, procedeu-se a precipitação com sulfato de amônia de cinco genótipos selecionados (Havana, Florunner, 175AM, 176AM e BRS 151 L7) e foram obtidas as frações: F1 (0-30%), F2 (30-60%) e F3 (60-90%). As atividades inibitórias dos EB e das frações foram avaliadas sobre tripsina pancreática bovina (TPB), quanto a estabilidade térmica (40 °C a 100 °C) e quanto a estabilidade em diferentes pHs (6,5 a 10,5). Os resultados evidenciaram a presença de ITs nos onze genótipos analisados, com percentuais de inibição variando de 70% a 94%. A análise da estabilidade térmica feita com as F3 dos cinco genótipos selecionados demonstrou percentual de inibição acima de 60%, para todos os genótipos, excetuando-se o 175AM que obteve um percentual acima de 80% em todas as temperaturas avaliadas. Estes inibidores ainda apresentaram estabilidade hidrogeniônica nos pHs variando de 6,5 a 9,5 com percentual de inibição em torno de 70%. A estabilidade dos inibidores observada sob diferentes temperaturas e pHs, sugere que os ITs de amendoim podem afetar uma variedade de insetos praga, especialmente coleópteras e lepidópteras, os quais possuem o pH do lúmen intestinal variando de ácido a neutro ou de ácido a alcalino, de acordo com a espécie. Esses resultados abrem uma perspectiva de uso desses genótipos como potentes candidatos para o programa de melhoramento da espécie com finalidade de tolerância a pragas de grãos armazenados.

Suporte financeiro: EMBRAPA/Rede REPENSA/CAPES/CNPq

## Produtividade e teor de óleo em acessos de amendoim na fase de pré-melhoramento

Ramos, JPC<sup>1,2</sup>; Sizenando, CIT<sup>1,2</sup>; Freire, RMM<sup>2</sup>; Cavalcanti, JJV<sup>2</sup>; Lima, LM<sup>2</sup>; Santos, RC<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB; <sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA Algodão, Campina Grande, PB

Jean.jp31@gmail.com

**Palavras-chave:** *Arachis hypogaea* L., variabilidade, melhoramento, produção, biocombustível

O amendoim é uma oleaginosa de alto valor industrial nos segmentos de alimento e óleo. Dependendo da demanda, as cultivares desenvolvidas pelas empresas de pesquisa são destinadas a mercados específicos onde os teores de óleo e proteína são ajustados de modo que elas possam atender a tais segmentos. Os programas de melhoramento do amendoim voltados para produção de óleo se baseiam na elevação da produção uma vez que essas características são diretamente correlacionadas. Para que se tenha perspectiva de sucesso, é necessário que novos acessos sejam periodicamente introduzidos e avaliados para que sejam, posteriormente, integrados na fase de melhoramento efetivo do programa, caso sejam selecionados. Nesse trabalho procedeu-se uma pré-seleção em 89 acessos da coleção de amendoim do tipo Valencia, focalizando na produtividade de vagens e no teor de óleo das sementes. Os acessos foram plantados em fileiras de 3 m no espaçamento de 0,70 m x 0,20 m, deixando-se duas plantas por cova, na área experimental da Embrapa Algodão, em Campina Grande, PB. O delineamento foi em blocos ao acaso com 5 repetições. Após beneficiamento das sementes, estimou-se o teor de óleo por Ressonância Magnética Nuclear (RMN). Após obtenção dos dados, as medias foram plotadas e realizada um crivo de seleção dos acessos, considerando-se como promissores os acessos com produtividade superior a 1500 Kg.ha<sup>-1</sup> e teor de óleo acima de 45%. A produção média de vagem dos acessos variou entre 690 a 4500 Kg.ha<sup>-1</sup>, estando a maioria (80%) com média em torno de 1500 Kg.ha<sup>-1</sup>. Preliminarmente, este resultado denota que esses acessos tem condições para serem inseridos no melhoramento efetivo da cultura. Para o teor de óleo os valores variaram de 38,9% a 51%, onde a média se situou em 43%. Do total de acessos, 79% apresentaram teor de óleo inferior a 45%, podendo ser segmentados para o mercado in natura. Dos 19 acessos que apresentaram teor de óleo superior a 45%, 14 apresentam produtividade de vagem superior a 1500 Kg.ha<sup>-1</sup>, sendo, portanto, os mais indicados para avanço nos trabalhos de melhoramento, destacando-se os acessos BRA 01517201, 273 AM, 315 AM, BRA 01013801 e BRA 00830301.

Suporte Financeiro: Capes e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA)

## Diversidade genética em acessos precoces e tardios de amendoim do tipo Valencia

Ramos, JPC<sup>1,2</sup>; Sizenando, CIT<sup>1,2</sup>; Cavalcanti, JJV<sup>2</sup>; Lima, LM<sup>2</sup>; Santos, RC<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB; <sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, EMBRAPA Algodão, Campina Grande, PB

Jean.jp31@gmail.com

**Palavras-chave:** *Arachis hypogaea* L., Banco ativo de germoplasma, Melhoramento genético, potencial genético, similaridade

A identificação de genótipos que acumulem variações resultantes do processo de evolução e consequente diversidade genética é de grande importância nos programas de melhoramento do amendoim, visto que o cruzamento entre tais materiais pode resultar em progênies de elevada variabilidade, aumentando assim a probabilidade da obtenção de genótipos superiores nos processos de seleção. Várias metodologias disponíveis na literatura podem ser adotadas para estimar a diversidade genética entre acessos ou populações. As que envolvem as técnicas multivariadas têm sido de grande utilidade uma vez que oferecem contribuições efetivas na discriminação e indicação da diversidade entre os genótipos utilizados em programas de melhoramento. Este trabalho objetivou estimar a diversidade genética em acessos de amendoim do tipo Valencia, pertencente à coleção de germoplasma da Embrapa Algodão, com fins de posterior uso ou indicação de materiais nos trabalhos de melhoramento da cultura. Setenta e seis acessos foram cultivados na área experimental da Embrapa Algodão em Campina Grande-PB, no espaçamento de 0,70 m x 0,20 m, sob o delineamento de blocos ao acaso com 3 repetições. Foram avaliados 15 descritores, sendo 6 morfológicos, 6 agrônomicos e 3 fisiológicos. Após a colheita, os dados foram analisados estatisticamente utilizando-se o programa GENES versão 2013.5.1. A diversidade genética foi estimada por meio de técnica multivariada de variáveis multicategóricas. Para o agrupamento dos acessos adotou-se o método aglomerativo UPGMA. A partir de um crivo de seleção de 65% do índice de dissimilaridade entre os acessos, nove grupos foram formados, sendo quatro representados por acessos isolados, de maior distância genética do restante dos acessos. Os grupos de maior aglomerado foram A, com 14 acessos, incluindo a precoce BR 1, da Embrapa e a tradicional Tatu; C, por 9 acessos, todos eles compostos por linhagens africanas tolerantes ao ambiente semiárido; D, composto por 22 acessos, entre eles a cultivar BRS Havana, que tem um perfil do tipo Spanish mas é um Valencia com sementes de cor bege; e E, por 21 acessos, entre eles a Senegal 55437, uma das mais precoces do tipo Spanish. Considerando-se a peculiaridade dos acessos que compõe cada grupo, acredita-se que o cruzamento entre representantes mais distantes, em especial, as cultivares, podem gerar uma maior variabilidade e, conseqüentemente, ganhos genéticos expressivos.

Suporte Financeiro: Capes e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA)



## POTENCIAL INIBITÓRIO DO AMENDOIM SOBRE ENZIMAS DIGESTIVAS DE PRAGAS DE GRÃOS ARMAZENADOS

Martins, PL<sup>1</sup>; Lucena, VS<sup>2</sup>; Santos, RC<sup>3</sup>; Lima, LM<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Mestre em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>2</sup>Doutoranda em Biotecnologia, RENORBIO; <sup>3</sup>Pesquisadora da Embrapa Algodão.  
*liziane.lima@embrapa.br*

**Palavras-chave:** *Arachis hypogaeae*, Melhoramento genético, Inibidor de tripsina, Coleópteros, Lepidópteros.

O Amendoim é uma cultura de grande importância para o agronegócio Brasileiro adotada tanto por agricultores familiares, especialmente na região Nordeste, como em grandes propriedades rurais, sobretudo nas regiões Sudeste e Centro-Oeste. Entretanto, na maioria das vezes, as condições de armazenamento propiciam o desenvolvimento de diversas pragas. Uma alternativa para o controle de pragas é o uso de cultivares naturalmente resistentes. Objetivou-se com este trabalho investigar as propriedades inseticidas de inibidores de proteases presentes em cinco genótipos de amendoim. Para isto, sementes de amendoim (175AM, Florunner, 176AM, BRS havana e BRS 151 L7) foram maceradas em tampão Tris-HCl para a obtenção dos extratos proteicos brutos (EB). Em seguida, procedeu-se a precipitação com sulfato de amônia dos cinco genótipos e obtiveram-se as frações: F1 (0-30%), F2 (30-60%) e F3 (60-90%), as quais foram quantificadas pelo método de Bradford. Os extratos proteicos contendo inibidores foram testados in vitro com tripsina pancreática bovina (TPB) e posteriormente com homogenato intestinal de *Tribolium castaneum*, *Tenebrio molitor*, *Spodoptera frugiperda* e *Alphitobiuns diaperinus*. As análises estatísticas foram feitas usando o programa SisVar a 5% de significância. Os genótipos 175 AM, Florunner, 176AM e BRS Havana demonstraram um percentual médio de inibição com TPB em torno de 92% e BRS 151 L7 em torno de 70%. Ao avaliar as atividades inibitórias dos extratos proteicos com homogenato intestinal dos coleópteros *T. castaneum*, *T. molitor* e *A. diaperinus*, observou-se inibição das proteases intestinais variando de 70% a 81%, 35% a 83% e 8% a 19%, respectivamente. Enquanto que com *S. frugiperda* a inibição variou em torno de 47%. O genótipo BRS Havana apresentou a maior taxa de inibição, acima de 80%, para as pragas *T. castaneum* e *T. molitor*, abrindo perspectivas para o uso desse genótipo como progenitor em programas de melhoramento da espécie com finalidade de tolerância a pragas de grãos armazenados, e isolamento desses inibidores para uso em transgenia de outras espécies de plantas.

Suporte financeiro: EMBRAPA/Rede REPENSA/CAPES/CNPq

## Descritores nutricionais para o melhoramento genético do amendoim

Freire, RMM<sup>1</sup>; Lima, LM<sup>1</sup> de; Cavalcanti, JJV<sup>1</sup>; Saraiva, JP<sup>1</sup>; Santos, RC dos<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Algodão, Campina Grande, PB

roseane.santos@embrapa.br

**Palavras-chave:** *Arachis hypogaea* L., óleo, proteína, minerais, cinza.

Os componentes nutricionais do amendoim, em especial, o óleo e a proteína das sementes, são um dos principais fatores que fazem dessa oleaginosa um alimento de grande valor nutricional, sendo aproveitado não apenas para indústria alimentar mas também para a oleoquímica. Nos atuais programas de melhoramento conduzidos pelas instituições brasileiras, o enfoque nutricional tem sido alvo de várias pesquisas onde o melhoramento genético tem sido uma das áreas mais demandadas devido às perspectivas de gerar novas cultivares melhoradas para este aspecto. Assim, a definição de descritores responsivos que possam contribuir nos processos de seleção são ferramentas de grande utilidade para os melhoristas porque contribuem de forma mais direta na definição de acessos superiores. Neste trabalho, foram estimados os parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais de oito descritores nutricionais de amendoim, objetivando identificar a natureza genética e potencial de contribuição do caráter em trabalhos de seleção. Sementes de oito genótipos de amendoim, recentemente colhidas e com taxa de umidade entre 8% a 10% foram processadas para análise de óleo, proteína, cinza e minerais, conduzidas por métodos padrões adotados no Laboratório de Solos e Nutrição de Plantas-LSNP, da Embrapa Algodão. As análises de óleo foram conduzidas por Ressonância Magnética Nuclear; a proteína bruta (PB) foi determinada indiretamente, multiplicando-se o teor de nitrogênio (N) por 6,25 e o N obtido por espectrometria UV-visível; o fósforo, por espectrometria do azul de molibdênio; o potássio, por fotometria de chama, e as cinzas, pela queima a 600 °C. Os teores de cálcio e magnésio foram obtidos por titulação com EDTA e o de enxofre, por colorimetria. Todas as análises foram feitas em duplicadas, com três repetições. Após a tabulação dos dados, procedeu-se a análise de variância utilizando-se o Programa GENES. As médias foram comparadas pelo teste de Tukey ( $p < 0,05$ ). Os componentes genéticos foram estimados com base em um modelo fixo. Os Coeficientes de Determinação Genético (CDg) foram todos superiores a 96%, indicando alta variabilidade genética na população em estudo. Verificou-se que LViPE-06, BRS Pérola Branca e L46 destacaram-se entre os demais para teor de óleo, com média de 52,38%, enquanto que Senegal 55437, BR 1, LMoita e L20, foram superiores para teor de proteína, com média de 34,35%. Para os teores de cinzas e minerais, destacaram-se Senegal 55437, LViPe-06 e BR1. Todos esses genótipos demonstraram ser de grande valor para os trabalhos de melhoramento visando melhoria da qualidade alimentar, baseando-se na relação CVg/CVa, que indica a possibilidade de ganhos de seleção, onde ficou evidenciada a superioridade dos genótipos, especialmente para os teores de óleo, proteína e potássio.

Suporte financeiro: REPENSA(MCT/CNPq/MEC/CAPES/CT-AGRO/CT-IDRO/FAPS/EMBRPA)

## Contribuição relativa de características para a divergência genética de acessos de fava produzidos na Paraíba

Almeida, LS<sup>1</sup>; Arriel, NHC<sup>2</sup>; Marini, FS<sup>3</sup>; Almeida, FRS<sup>4</sup>.

<sup>1,3</sup>Universidade Federal da Paraíba, UFPB, Bananeiras, PB; <sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Algodão, Campina Grande, PB; <sup>4</sup>Universidade Federal da Paraíba, UFPB, Areia, PB

annalmeida.s@gmail.com

**Palavras-chave:** Diversidade genética, *Phaseolus lunatus* L., Germoplasma, Morfoagronômicos, Leguminosa.

A caracterização morfoagronômica é um procedimento importante para definir caracteres desejáveis no comportamento produtivo de variedades, cujo objetivo é registrar o maior número de características para que se possa reconhecer e aproveitar com eficiência o germoplasma disponível, compondo informações imprescindíveis para técnicos e produtores. Nesse sentido o conhecimento da contribuição de cada caractere é de fundamental na determinação da diversidade das populações. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar caracteres de identificação de variedades de fava na fase vegetativa até a floração, para determinar a divergência genética e a contribuição relativa dos caracteres morfoagronômicos na caracterização de diferentes acessos de feijão-fava produzidos na Paraíba. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com dez tratamentos e três repetições. Os tratamentos consistiram de dez variedades de fava: Moita, Branca (Feira), Branca (LATES), Orelha de vó, Boca de moça, Lavandeira, Chita, Bacurau, Fava de rama e Comum. Para o cultivo foram semeadas três sementes por vaso, deixando-se uma planta após o desbaste. As variáveis avaliadas foram: Forma do folíolo; Pilosidade da folha; Padrão de crescimento; Ramificação; Pigmentação do caule; Número de dias até a floração; Cor das asas das flores. Os dados foram avaliados pelo programa GENES através de análise multivariada pelos métodos hierárquico (UPGMA), de otimização (Tocher) e dispersão gráfica. Para obtenção da matriz de dissimilaridade foi usada a distância euclidiana média. A representação gráfica simplificada das distâncias foi feita através de um dendrograma obtido pelo critério UPGMA, e ilustrada em gráfico de dispersão e a contribuição relativa dos caracteres por SINGH (1981). A partir dos critérios de agrupamento constatou-se baixa diversidade entre os genótipos em função das características avaliadas, e em todos os procedimentos UPGMA, Tocher e Gráfico de dispersão o resultado do agrupamento dos acessos foi semelhante, onde as variedades de fava moita e bacurau foram as mais divergentes em função das características avaliadas. A característica de maior contribuição para divergência genética das variedades foi o número de dias até a floração (98,36%).

## Uso de técnicas multivariadas na seleção de genitores potenciais para desenvolvimento de populações de melancia de sementes pequenas.

NASCIMENTO, TL<sup>1</sup>; SOUZA, FF<sup>2</sup>; DIAS, RCS<sup>2</sup>; BRITO, ETS<sup>1</sup>; SANTOS, DEPS<sup>1</sup>; SOUSA, II<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Petrolina, PE; <sup>2</sup>Eng. Agrônomo, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE

*flavio.franca@embrapa.br, tiago\_lim.a@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*; análise multivariada, seleção, descritores, melhoramento genético.

A quantidade e o tamanho das sementes em melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai] têm sido objeto de programas de melhoramento da espécie, haja vista que os consumidores têm preferência por frutas com sementes pequenas, pouco numerosas ou ausentes. Portanto, conhecer as características do germoplasma quanto aos descritores de sementes e a divergência entre os acessos disponíveis pode auxiliar na escolha dos genitores e na condução das populações segregantes. Desse modo, o presente trabalho objetivou avaliar a divergência fenotípica de acessos de melancia do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido, utilizando descritores quantitativos de sementes. Avaliaram-se os seguintes acessos: T01='BRS Soleil', T02='Casca Amarela', T03='Omaru Yamato', T04='Sugar Baby', T05='BRS Opara', T06='Jenny', T07='Kodama', T08=LDRO, T09='Orange', T10='Peacock', T11='Charleston Tetra' e T12='Charleston Gray'. Empregou-se delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições de 10 sementes. Os descritores empregados foram: comprimento (CS) e largura da semente (LS); relação CS/LS; espessura da semente (ES) e massa da semente (MS). Os dados foram submetidos à análise de variância e a distância entre os acessos foi estimada utilizando-se o método de Mahalanobis ( $D^2$ ). Para representação da diversidade do germoplasma utilizou-se a técnica de agrupamento hierárquico de pareamento não ponderado dos acessos com base na média aritmética de  $D^2$  (UPGMA). Verificaram-se diferenças altamente significativas entre os acessos para todos os descritores e as seguintes amplitudes foram observadas: CS [3,98 mm (T06) – 11,45 mm (T09)], MS [0,06 g (T06) – 0,75 g (T09)], LS [2,60 mm (T06) – 7,28 mm (T09)], ES [1,53 mm (T06) – 2,25 mm (T04)] e CS/LS [1,45 (T11) – 1,59 (T01)]. Esses resultados indicam que o acesso 'Jenny' é o genitor mais promissor para uso em cruzamentos que visem à obtenção de populações para frutos com sementes pequenas. A contribuição relativa dos descritores CS, LS, MS e CS/LS para a divergência genética foi de, respectivamente: 43,48%, 28,38%, 24,82%, 2,87% e 0,43%, indicando que CS/LS apresentou baixo poder discriminatório e, portanto, não é um descritor eficiente para caracterização de acessos de melancia. Três grupos foram formados: o primeiro foi composto por 'Orange' e 'Charleston Gray'; o segundo por 'Jenny' e 'Kodama'; e o terceiro pelos demais acessos. Os acessos mais similares foram 'Omaru Yamato' e 'BRS Opara', enquanto os mais dissimilares foram 'Jenny' e 'Charleston Gray'. Deste último par de acessos espera-se obter o cruzamento mais divergente, com relação às características de sementes.

## Estimação de parâmetros genéticos e avaliação de genótipos de melancia

NASCIMENTO, TL<sup>1</sup>; SOUZA, FF<sup>2</sup>; DIAS, RCS<sup>2</sup>; BRITO, ETS<sup>1</sup>; SANTOS, DEPS<sup>1</sup>; SOUSA, II<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em Ciências Biológicas, Universidade de Pernambuco, Petrolina, PE; <sup>2</sup>Eng. Agrônomo, pesquisador da Embrapa Semiárido, Petrolina, PE

tiago\_lim.a@hotmail.com. , flavio.franca@embrapa.br.

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*; herdabilidade, variância genética, seleção, melhoramento genético.

O presente trabalho teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e avaliar genótipos do programa de melhoramento de melancia conduzido pela Embrapa Semiárido. Vinte genótipos (Cpatsa34.1175, Cpatsa34.1022, Cpatsa34.3137, 'Casca Amarela', 'Orange', Cpatsa34.3187, Cpatsa35.1065, CpatsaF1.1101, CpatsaF1.1105, CpatsaF1.0111, CpatsaF1.0311, CpatsaF1.0511, CpatsaF1.0112, CpatsaF1.0412, CpatsaF1.0512, CpatsaF1.0109, CpatsaF1.0609, CpatsaF1.0902, CpatsaF1.0903, 'Top Gun') foram avaliados em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, parcelas de cinco plantas e espaçamento 3,0 m x 1,0 m. Avaliaram-se os seguintes caracteres: produção (PRD); peso médio (PMF); teor de sólidos solúveis (TSS); diâmetro lateral (DLF) e transversal (DTF) do fruto; relação DL/DT; espessura da casca na cicatriz floral (ECF); espessura da casca no pedúnculo (ECP); número de sementes por fruto (NSF); peso de 100 sementes (PCS); largura (LDS) e comprimento (CDS) de sementes; diâmetro da corola (DCF); comprimento (COV) e diâmetro (DOV) do ovário; comprimento de rama principal (CRP); número de frutos por planta (NFP); número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina (DAF) e masculina (DAM); comprimento (CFL) e largura (LFL) da folha; relação CFL/LFM. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas por meio do teste de Scott & Knott. Observou-se diferenças significativas entre os tratamentos para a maioria dos caracteres, com exceção de ECF, NSF, CRP, NFP e CFL/LFM, o que demonstra a existência de ampla variabilidade no germoplasma testado. Verificaram-se alta herdabilidade e alta acurácia seletiva para os caracteres: PCS [96,3%; 98,1%], DL/TL [92,2%; 96,0%], CDS [90,4%; 95,1%], LDS [90,2%; 95,0%], TSS [87,21%], DLF [86,52%], PRD [80,94%], DTF [80,41%], COV [79,06%], LFL [69,94%], PMF [69,40%], DAM [66,92%], DOV [62,49%] e DCF [62,39%]. Esses resultados sugerem que a variação observada nesses caracteres é predominantemente devida ao efeito do genótipo e que o controle ambiental foi eficiente, assegurando boa precisão experimental. O genótipo mais promissor foi CpatsaF1.0412, que produziu 56,8,0 t/ha, apresentou maior PMF (8,95 kg) e alto TSS (11,0 %) e maior prolificidade (3,30 frutos/planta). O CpatsaF1.0412 também se destacou, apresentando PRD de 54,9 t/ha; PMF de 10,18 kg, TSS de 11,9% e NFP de 2,40 frutos/planta. Nas mesmas condições o híbrido comercial 'Top Gun' produziu 43,7 t/ha e apresentou PMF de 9,94 kg, TSS de 11,2 % e NFP de 1,87 frutos/planta. Os resultados obtidos indicam que os níveis de herdabilidade dos caracteres e a precisão do ensaio foram bastante satisfatórios, o que facilita a obtenção de ganhos genéticos com a seleção. Além disso, constatou-se que os genótipos avaliados possuem elevado potencial para originar futuras cultivares de melancia.

## SELEÇÃO DE OLEOS ESSENCIAIS DE GERMOPLASMA ARBUSTIVOS COM POTENCIAL PARA CONTROLE DE ERVAS DANINHAS;

Alves, GMR<sup>1</sup>; Vasconcelos, FMT<sup>2</sup>; Melo-Filho<sup>4</sup>; Santos, RC<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Bolsista DTI/CNPq, Embrapa Algodão, Campina Grande, PB; <sup>2</sup>Mestre em Melhoramento Genético de Plantas/UFRPE, Recife, PE; <sup>3</sup>Pesquisadora da Embrapa Algodão, Embrapa Algodão, Campina Grande, PB; <sup>4</sup>Professor Associado UFRPE, Recife, PE

*jackson.uepb@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Alelopatia, Germinação, inibição de crescimento, óleos, ervas daninhas.

Pragas de lavoura provocam severos prejuízos na produção de várias culturas. Dentre elas, as ervas daninhas provocam sérios danos fisiológicos devido ao forte efeito de competitividade, especialmente no período que precede a floração. O controle mais efetivo de ervas daninhas é procedido por meio de herbicidas sintéticos embora onerem os custos de produção e provoquem sérios problemas ao homem e meio ambiente. Uma forma alternativa de controle é por meio de bioherbicidas derivados de espécies vegetais com potencial alelopático. Para recomendação desses bioprodutos é necessário uma análise detalhada *in vitro* e *in vivo*, iniciando pela prospecção como forma de identificar potenciais candidatos, e posteriormente uma validação em meio real para atestar o potencial de controle da erva alvo. Os bioherbicidas podem ser obtidos de extratos ou óleos vegetais. A grande vantagem é a possibilidade de conduzir lavouras de forma mais econômica e agroecológica, minimizando os malefícios causados ao meio ambiente devido aos excessivos resíduos de agrotóxicos. Considerando-se a larga biodiversidade brasileira, acredita-se que o potencial de estudo da flora para defesa de plantas ainda é muito pequeno, menos de 5% e deve ser mais estimulado. No presente trabalho avaliou-se o efeito de três óleos essenciais, oriundos de *Cymbopogon nardus* (acesso 1), *Eucalyptus citriodora* (acesso 2) e *Cymbopogon martini* (acesso 3) sobre a germinação de alface (*Lactuca sativa* L.). Os três óleos foram emulsionados com tween 20 (1:1) e testados nas concentrações de 7,5%, 5% e 2,5%. As sementes foram depositadas sobre papel de filtro autoclavado, em placas de Petri (9 mm), contendo 25 aquênios. Em cada placa foi colocado 3 ml da solução de cada óleo nas concentrações acima descritas. As placas foram incubadas em câmara B.O.D. a 25°C e fotoperíodo 12:12 h, durante sete dias, com registro diário da germinação. O delineamento foi inteiramente casualizado com 5 repetições. A partir dos dados obtidos, calculou-se o potencial de inibição de germinação. Verificou-se os óleos dos três acessos inibiram a germinação do alface em 100%, sendo o de melhor resposta do acesso 3 que inibiu completamente a germinação em baixa concentração (2,5%). Segundo a literatura, essa espécie detém um potente bioativo que atua também em baixas doses no controle de fungos e alguns insetos-pragas. Por se tratar de um estudo prospectivo, torna-se necessário ensaios posteriores para atestar a potencialidade desse óleo, inclusive em menores concentrações e com espécies invasoras, no controle de ervas daninhas.

Apoio: Rede REPENSA/Embrapa/CNPq/CAPES/UFRPE

## Eficiência de *Gluconacetobacter diazotrophicus* no aumento da expressão de P5CR em arroz vermelho sob deficiência hídrica

Filgueiras, LMB<sup>1</sup>; Bezerra, MC<sup>2</sup>; Silva, BRS<sup>2</sup>; Azevedo, TAO<sup>1</sup>; Fernandes, PD<sup>1,2</sup>; Melo, AS<sup>1</sup>; Vidal, MS<sup>3</sup>; Baldani, JI<sup>3</sup>; Meneses, CHSG<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande – PB, Brasil;

<sup>2</sup>Departamento de Agroecologia e Agropecuária – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande – PB, Brasil;

<sup>3</sup>Laboratório de Genética e Bioquímica, Embrapa Agrobiologia, Seropédica - RJ, Brasil.

*carlos@ccaa.uepb.edu.br*

**Palavras-chave:** *Oryza sativa* L.; Prolina; Osmoprotetor; Tolerância a seca; PCR em tempo real.

Devido aos impactos ambientais decorrentes de secas prolongadas, da escassez e má utilização da água de boa qualidade, a humanidade tem voltado a sua atenção para formas de otimização do seu uso pelas plantas e para o desenvolvimento de práticas que resultem em menor exigência hídrica dos cultivos. Neste contexto, bactérias endofíticas, como *Gluconacetobacter diazotrophicus*, promotoras de crescimento, podem influenciar a tolerância ao estresse hídrico, afetando diretamente o metabolismo das plantas por fornecerem substâncias que normalmente estariam pouco disponíveis e ou desencadeando um fenômeno conhecido como tolerância sistêmica induzida. Pela importância econômica e social do arroz vermelho (*Oryza sativa* L.), cultivado em várias áreas do Semiárido brasileiro, principalmente na agricultura familiar, é necessário se estudar a possibilidade de incremento na tolerância ao estresse hídrico e maior eficiência nutricional das plantas, através da interação com *G. diazotrophicus*. Diante do exposto o presente trabalho teve como objetivo avaliar os padrões de expressão para o gene  $\Delta^1$ -pirroline-5-redutase de carboxilato (P5CR) de plantas de arroz vermelho em interação com *G. diazotrophicus*. Neste trabalho, plantas de arroz vermelho (genótipo 405 Embrapa Meio Norte), inoculadas e não com *G. diazotrophicus*, foram submetidas a quatro condições de umidade do solo: 30%, 50%, 70% e 100% da capacidade de campo do solo. Após 15 dias do estabelecimento dos níveis de estresse, foram realizadas análises do perfil de expressão gênica de P5CR, utilizando-se a técnica da reação em cadeia da polimerase em tempo real (qRT-PCR). O gene P5CR foi induzido em todas as condições de umidade do solo, tendo os perfis de expressão sido bastante variados em relação ao tratamento. Os maiores níveis de expressão do gene P5CR ocorreram em plantas crescidas em 50% de disponibilidade hídrica, inoculadas com a bactéria *G. diazotrophicus*. Com base na expressão relativa do gene P5CR, a tolerância ao estresse hídrico em arroz vermelho é incrementada quando as plantas estão inoculadas com *G. diazotrophicus*.

Orgão Financiador: CNPq Universal – MCTI/CNPq N° 14/2013 e UEPB

## Expressão gênica do gene para catalase de gergelim, induzido por estresse salino

Azevedo, TAO<sup>1</sup>; Filgueiras, LMB<sup>1</sup>; Bezerra, MC<sup>2</sup>; Silva, BRS<sup>2</sup>; Fernandes, PD<sup>1,2</sup>; Vidal, MS<sup>3</sup>; Meneses, CHSG<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande – PB, Brasil;

<sup>2</sup>Departamento de Agroecologia e Agropecuária – Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande – PB, Brasil;

<sup>3</sup>Laboratório de Genética e Bioquímica, Embrapa Agrobiologia, Seropédica - RJ, Brasil.

*carlos@ccea.uepb.edu.br*

**Palavras-chave:** *Sesamum indicum*, salinidade, PCR em tempo real, gene CAT, proteção oxidativa.

O gergelim (*Sesamum indicum*) é uma das mais antigas oleaginosas utilizadas pela humanidade, adaptando-se a ambientes áridos e salinos, uma opção, portanto, para cultivo no semiárido brasileiro. Pela relevância de se identificar genótipos mais tolerantes ao estresse salino, fator este presente em águas do interior do Nordeste, foi realizado este trabalho, objetivando-se avaliar a expressão do gene para catalase (*CAT*), de quatro genótipos de gergelim submetidos a estresse salino, na fase vegetativa do ciclo das plantas. Foram utilizadas neste experimento, sementes de duas origens diferentes (plantas irrigadas com água de boa qualidade e outra de plantas que foram irrigadas com água salina). Os fatores em estudo foram quatro genótipos (BRS Seda; Branquinha; Pretinha; CNPA G4) dois níveis de salinidade da água de irrigação, testemunha (águas do abastecimento local, baixa condutividade  $0,6 \text{ dS.m}^{-1}$ ) e alta condutividade elétrica ( $5,0 \text{ dS.m}^{-1}$ ). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados no fatorial  $4 \times 2$ , com quatro repetições e três plantas por parcela, contendo cada lisímetro seis plantas. Para a análise do perfil de expressão gênica, utilizou-se a técnica da reação em cadeia da polimerase em tempo real (qRT-PCR). O gene *CAT* foi induzido em todos os genótipos de gergelim no tratamento com água salina, tendo os perfis de expressão sido bastante variados em relação ao tratamento. Os maiores níveis de expressão do gene *CAT* ocorreram em plantas da linhagem pretinha, originada de solo salino, em solo tratado com água contendo alta condutividade elétrica. Com base na expressão relativa do gene *CAT*, a linhagem Pretinha foi tolerante à salinidade.

Orgão Financiador: CNPq Universal – MCTI/CNPq N° 14/2013 e UEPB



## DNA *barcoding* e filogenia em espécies neotropicais do gênero *Spondias*

Silva, JN<sup>1</sup>, Almeida, C<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal de Alagoas, UFAL, Arapiraca, AL

cicerocarlos@hotmail.com

Palavras chave: *Spondias*, evolução, identificação molecular, filogenia, *Anacardiaceae*

O gênero *Spondias* pertence à família *Anacardiaceae*, apresenta importância econômica e social e algumas espécies são utilizadas na agroindústria, no entanto, problemas são encontrados na identificação e nas relações filogenéticas entre as espécies. A utilização de DNA *barcoding* possui importância para o grupo, permitindo a identificação das espécies em nível molecular e a determinar as relações filogenéticas no grupo. O objetivo do trabalho é obter DNA *barcoding* e determinar as relações filogenéticas entre as espécies. Para isto, DNA de seis espécies do gênero foram extraídos e amplificados por PCR usando sequências dos genes *rbcL* e *matK* e o espaçador gênico *trnH-psbA*, sendo posteriormente sequenciados usando o método de Sanger. As sequências foram editadas usando MEGA 5.2, alinhadas usando CLUSTAL W implementado no MEGA 5.2 e a identificação foi realizada usando "Automatic Barcode Gap Discovery software". Uma de máxima verossimilhança foi obtida para cada marcador separadamente e para sequências concatenadas, demonstrando o agrupamento das espécies conforme sua filogenia. Os resultados mostram que os genes *matK* e *rbcL* não podem ser utilizados como *barcoding*, pois seu nível discriminatório entre as espécies é baixo. Por outro lado, o *trnH-psbA* apresenta um bom nível de discriminação podendo ser utilizado como *barcoding* para identificação de algumas espécies. Apesar dos genes *matK* e *rbcL* não serem considerados adequados para *barcoding*, quando associado *trnH-psbA* aumentam a confiabilidade dos dados na identificação em nível de espécie. Entretanto, apesar dessa associação apresentar um bom nível discriminatório, não é possível separar *S. mombim* e *S. tuberosa*. A análise filogenética mostra que *S. mombim* e *S. tuberosa* estão em um único clado e umbu cajá se encontra em um clado próximo. As demais espécies *S. cytherea* Sonner, *S. venulosae* S. *purpurea* encontram-se distintamente separadas, indicando maior separação em relação às espécies *S. mombim* e *S. tuberosas*.

Suporte Financeiro: CNPq e FAPEAL

## Toxicidade e imunodeteção de eventos de algodão-*cry1Ia* resistentes ao bicudo do algodoeiro e a lagarta militar

Silva, CRC<sup>1</sup>; Monnerat, R<sup>2</sup>; Martins, ES<sup>1</sup>; Lima, LM<sup>3</sup>; Melo Filho, PA<sup>1</sup>; Santos, RC<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife-PE, Brasil; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Algodão, Campina Grande-PB, Brasil.

carliane.rebeca@gmail.com

**Palavras-chave:** *Gossypium hirsutum*, microinjeção; controle de pragas, transformação, Resistência a insetos.

Os insetos-praga provocam sérios prejuízos as lavouras comerciais. Dependendo da incidência, os prejuízos são consideráveis, incorrendo em perdas expressivas na produção. O controle mais efetivo é por meio de inseticidas químicos que oneram o custo de produção além de prejudicar o homem e o meio ambiente. A aquisição de resistência via melhoramento genético é limitada em função da falta de recursos genéticos resistentes. A transgenia representa uma alternativa segura, efetiva e econômica para minimizar este problema. A equipe de biotecnologia da Embrapa Algodão tem emvidado esforços nesse segmento de pesquisa e, por meio de microinjeção, inseriu o gene *cry1Ia* de *Bacillus thuringiensis* (Bt) em uma cultivar de algodão (BRS 293) de modo a obter transgenes resistentes a lagarta militar (*Spodoptera frugiperda*) e ao bicudo (*Anthonomus grandis*). A toxicidade e a expressão temporal da proteína Cry1Ia foram avaliadas nos transgenes por meio de bioensaios de toxicidade contra *S. frugiperda* e por imunodeteção via *ELISA*. Folhas jovens coletadas em 48 transgenes (T0) foram utilizadas para ambos ensaios. Para o ensaio de *ELISA*, um anticorpo policlonal específico, cedido pela equipe de Controle Biológico da Embrapa Cenargen, foi utilizado para ligação com a proteína alvo. A proteína foi expressa em µg/g de peso fresco em leitor *ELISA Reader*, a 405 nm. Para o ensaio com o bicudo, larvas de segundo instar foram alimentadas com dieta artificial contendo botões florais liofilizados dos putativos transgenes, e, após 48 hs, os intestinos foram dissecados, fixados em Tampão glutaraldeído (2.5%) e Cacodilato (0.1%, pH 7.3) e após lavagens, *embedded* em parafina para reação de conjugação do anti-corpo anti Cry1Ia com a proteína alvo. Seções (10 µm) foram cortadas em micrótomo automático. As amostras foram marcadas utilizando-se Cry1Ia-biotinilado (30 nM) e posteriormente incubadas em avidina-conjugada com horseradish peroxidase para visualização em microscopia de luz. Verificou-se que entre os eventos analisados no bioensaio de *Spodoptera*, apenas cinco apresentaram taxa de mortalidade acima de 60%, destacando-se T0-34 com taxa de 89%. Este mesmo evento apresentou alta concentração da proteína Cry1Ia, com valores similares a da Bollgard I (Monsanto), nas três fases fenológicas analisadas pelo teste de *ELISA*. Com relação ao ensaio de imunodeteção com larvas do bicudo, foi possível confirmar a ligação de Cry1Ia aos receptores intestinais das larvas do inseto, a partir do evento T0-34, que foi o único que demonstrou ter toxicidade suficiente para provocar letalidade as larvas do bicudo. Esse foi o evento mais promissor porque demonstrou habilidade para controlar duas pragas danosas a lavoura algodoeira. O avanço das pesquisas com esse evento pode contribuir na identificação de linhagens de elites para posterior uso no controle de pragas ou como genitor nos trabalhos de melhoramento genético do algodão.

Suporte Financeiro: Banco do Nordeste, FINER, CNPq, Capes.

## Inserção e expressão de um cassete linear mínimo contendo o gene *cryIIa* em algodoeiro via microinjeção

Silva, CRC<sup>1</sup>; Monnerat, R<sup>2</sup>; Lima, LM<sup>3</sup>; Martins, ES<sup>2</sup>; Pinheiro, MPN<sup>1</sup>; Melo Filho, PA<sup>1</sup>; Santos, RC<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife-PE, Brasil; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, Brasil; <sup>3</sup>Embrapa Algodão, Campina Grande-PB, Brasil.

*carliane.rebeca@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Gossypium hirsutum*, microinjeção; construção de genes, resistência a insetos, Expressão proteica.

Várias instituições de ensino e pesquisa, em todo o mundo têm devotado esforços na descoberta de novas proteínas inseticidas e dos respectivos genes para o controle de pragas agrícolas. Trabalhos têm evidenciado o potencial de algumas moléculas no controle de insetos como as toxinas Bt do *Bacillus thuringiensis*, inibidores de proteases e de alfa-amilases e lectinas. Genes codificantes para essas proteínas têm sido estavelmente integrados ao genoma de plantas transgênicas conferindo-lhes resistência a pragas, como é o caso das culturas de tabaco, tomate, batata, milho e algodão Bt com resistência a lepidópteros que já são amplamente comercializadas mundialmente. Alguns estudos comprovam a economia e o benefício ecológico dessas cultivares no agronegócio internacional. Vários métodos de transformação têm sido empregados com sucesso para o desenvolvimento de plantas transgênicas em diversas culturas. Em espécies recalcitrantes, como o algodão, a taxa de sucesso é muito variável, dependendo do genótipo, dos procedimentos de regeneração e até mesmo do tamanho da construção gênica. Nesse trabalho, três cultivares de algodão foram submetidas a transformação via microinjeção usando duas construções de tamanhos diferentes, um cassete linear mínimo (clm, 3,0 Kb) e uma construção circular completa, ccc (~15 Kb), ambas contendo o gene *cryIIa*, de *Bacillus thuringiensis*, previamente isolado pela equipe de Controle Biológico da Embrapa Recursos genéticos e Biotecnologia. A integração do gene e a expressão da proteína foram analisadas por PCR, RT-PCR semiquantitativo, *Southern blot* e enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). Mais de 1800 putativos transgenes foram testados. A completa integração do gene (1 cópia), detectada por *Southern blot*, foi encontrada em apenas uma planta, denominada T0-34, no tratamento clm. A expressão da proteína CryIIa, estimada por ELISA, foi semelhante a da comercial Bollgard I (Monsanto, EUA). A transferência do transgene para as progênes T1 foi demonstrada por análise de PCR. Nenhum efeito pleiotrópico foi verificado nessas plantas que foram fenotipicamente normal, com flores férteis e produção de sementes abundantes. A técnica de transformação por microinjeção é um método direto de fácil manuseio e custo acessível. Para o algodão, que é recalcitrante para os procedimentos de cultura de tecidos, a microinjeção é mais uma oportunidade para evitar problemas recorrentes de regeneração de plantas. Neste estudo, verificou-se uma tendência de genótipo-dependência na frequência de transformação de cultivares de algodão e também que construções mínimas contribuem para a integração do transgene. Considerando a complexidade que envolve a introdução de um transgene em nível nuclear, a utilização de um cassete mínimo parece ser uma estratégia razoável para auxiliar na integração do transgene através do método adotado.

Suporte Financeiro: Banco do Nordeste do Brasil, FINEP, Capes.

## Análise de sequências repetitivas a partir de sequenciamento de última geração em *Eleutherine bulbosa* Miller (Iridaceae) revela a presença de sequências satélites e acúmulo de retrotransposons LTR Ty3/gypsy e sequências plastidiais

Báez, M<sup>1</sup>, Vaio, M<sup>2</sup>, Houben, A<sup>3</sup>, Pedrosa-Harand, A<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Citogenética e Evolução Vegetal, Departamento de Botânica, Centro de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Brasil; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; <sup>3</sup>Department of Cytogenetics, Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Corrensstrasse 3, Gatersleben, Germany

marian\_iaris@hotmail.com

**Palavras-chave:** DNA satélite, elementos transponíveis, DNA de cloroplasto, recombinação meiótica, cariótipo bimodal

*Eleutherine bulbosa*, Iridaceae, é uma planta bulbosa de folhas lanceoladas, distribuída na América do Sul. Apresenta cariótipo bimodal, com  $2n = 12$ , sendo o par cromossômico I de 3 a 4 vezes maior que os demais pares. O par I se apresenta em heterozigose permanente devido a uma inversão pericêntrica assimétrica que inclui 70% do cromossomo, resultando em um cromossomo acrocêntrico e outro metacêntrico, com recombinação meiótica suprimida na região invertida. Assim, visando investigar a existência de acúmulo de sequências repetitivas no genoma desta espécie que possam estar relacionadas com a supressão da recombinação meiótica, o DNA genômico foi extraído e submetido a sequenciamento do tipo Illumina 1.8, gerando sequências de 100 pb. Análises das sequências foram realizadas por meio do programa Galaxy/RepeatExplorer, o qual agrupa as sequências com base em similaridade, gerando *clusters* para diferentes famílias de DNA repetitivo. Essas famílias foram classificadas através de buscas em várias bases de dados e dos layouts dos gráficos dos *clusters* gerados. Foram obtidas 4 milhões de sequências, num total de 400 Mpb. Considerando o tamanho do genoma da espécie de 2,63 pg (2500 Mpb), obtivemos uma cobertura do genoma de 0,16x. As sequências foram agrupadas em 118.468 *clusters* contendo de 2 a 90.876 sequências. Os *clusters* incluíram 49,7% de todas as sequências obtidas, com 50% das sequências sendo atribuídas aos 257 maiores *clusters* representando os mais abundantes elementos repetitivos no genoma. As análises permitiram classificar a maioria dos *clusters*, revelando a presença de quatro famílias de DNA satélites, 11 de elementos transponíveis, várias sequências de DNA plastidial, sete microssatélites, sequências LINE e RNA ribossomal. Os dois maiores *clusters* foram identificados como DNA satélite. O mais abundante (CL1) representou 4,57% do genoma e foi constituído por uma sequência rica em A/T. Entre os elementos transponíveis, os mais abundantes foram do tipo LTR, que constituíram 28,3% do genoma. Os elementos Ty3/gypsy excederam em 2,46 vezes os elementos Ty1/copia em proporção no genoma, sendo os dois mais abundantes foram das linhagens Tat e Chromovirus. Oito linhagens de elementos Ty1/copia também foram identificadas, sendo Maximus e Tork os mais abundantes. Interessantemente, foram encontrados vários *clusters* com alta similaridade com DNA plastidial, constituindo 8,36% do genoma. Este acúmulo de elementos repetitivos e sequências plastidiais pode estar relacionado à supressão da recombinação meiótica nos cromossomos do par I de *Eleutherine bulbosa*, como foi observado em espécies com cromossomos sexuais que não recombinam como, *Silene latifolia* e *Carica papaya*.

Suporte financeiro: CAPES e FACEPE.

## Estimativa da expressão do gene *Eugenol Synthase I (EGS I)* em acessos de *Ocimum*, por meio semiquantitativo e em tempo real

Martins, MIG<sup>1</sup>; Veiga, KPS<sup>1</sup>; Melo Filho, PA<sup>2</sup>; Carvalho, R<sup>3</sup>; Santos, RC<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutoranda em Biotecnologia, Renorbio/UFRPE, Recife – PE; <sup>2</sup>Professor do departamento de agronomia, UFRPE, Recife - PE; <sup>3</sup>Professor do departamento de biologia, UFRPE, Recife – PE; <sup>4</sup>Pesquisadora da Embrapa Algodão, CNPA, Campina Grande – PB.

belgomes@gmail.com

**Palavras-chave:** plantas aromáticas, RT-PCR, Eugenol.

Espécies aromáticas vegetais são importantes recursos para defesa de plantas contra pragas de lavouras devido conterem em seus extratos ou óleos essenciais potentes bioativos com atividade tóxica, repelente e até mesmo inibidora do crescimento ou reprodução de fungos e insetos. O eugenol é um fenilpropeno que está presente no óleo essencial de diversas espécies vegetais, como o cravo da Índia (*Syzygium aromaticum* L.), noz moscada (*Myristica fragrans*) e algumas espécies de Manjerição (*Ocimum* sp.), entre outros. Essas moléculas são sintetizadas nos tecidos das plantas, a partir do aminoácido fenilalanina e tem a enzima eugenol *synthase I* (EGS I) como precursora. A expressão dessa enzima em várias espécies é genótipo-dependente. Para maior efetividade de seu uso na defesa de plantas, é necessário estimar os níveis de expressão de modo a selecionar as mais promissoras que possam contribuir mais efetivamente no controle de pragas de lavouras. Este trabalho teve como objetivo identificar o nível de expressão do gene *EGS I* entre acessos de *Ocimum* coletados em vários estados brasileiros. Inicialmente, onze acessos foram previamente testados quanto a similaridade genética, por meio de 10 primers ISSR, cujos padrões de banda foram codificados em uma matriz de dados binários, utilizando-se o coeficiente de Jaccard. A partir da matriz de similaridade genética foi feita a análise de agrupamento, via dendrograma com o auxílio do programa NTSYS-PC 2.10, utilizando, como critério de agrupamento, o método baseado na distância média (UPGMA). A partir do dendrograma gerado, quatro grupos foram formados e um acesso representantes de cada grupo foi selecionado para os estudos de expressão. Para análise semiquantitativa, o cDNA obtido do RNA de cada acesso (OVRS, ORRS, OCG e OSP) foi utilizado nas reações de RT-PCR, utilizando-se um par de primers do gene *EGS I* e da  $\beta$ -actin, como gene de referência. Os amplicons gerados foram analisados em gel de agarose (0,8%), onde se verificou que os quatro acessos expressaram *EGS I* em níveis variados, sendo mais elevada no acesso OVRS. Para análise em tempo real (qPCR), as análises foram conduzidas em termociclador Eco™ Real-Time PCR System (Illumina), utilizando-se o kit Fast Evagreen® qPCR Master Mix (Biotium). As análises foram conduzidas em triplicada. O padrão de expressão foi avaliado pela quantificação relativa. Os gráficos,  $\Delta C_q$  e curva de Melt foram gerados com base no método de normalização com um gene de referência ( $\beta$ -actin). Verificou-se que, tal como visto no semiquantitativo, o acesso OVRS expressou o gene *EGS I* 174,47 vezes a mais do que o gene de referência, sendo, portanto o acesso mais recomendado para posterior uso em ensaios de validação contra insetos sensíveis a ação do eugenol.

Suporte Financeiro: Rede REPENSA/Embrapa/CNPq e CAPES

## Efeito inibitório de genótipos de gergelim sobre o desenvolvimento de *plodia interpunctella*

Gomes, GLB<sup>1</sup>; Martins, PL<sup>1</sup>; Araújo, ES<sup>2</sup>; Lucena, VS<sup>3</sup>; Albuquerque, FA<sup>4</sup>; Arriel, NHC<sup>4</sup>; Santos, RC<sup>4</sup>; Lima, LM<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Mestre em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>2</sup>Mestranda em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>3</sup>Doutoranda em Biotecnologia, RENORBIO; <sup>4</sup>Pesquisadores da Embrapa Algodão.

*gessicapop@ig.com.br*

**Palavras-chave:** Proteinase serínica, Tripsina, BAG, *Sesamum indicum*, Pragas de grãos armazenados.

A produção brasileira de grãos tem crescido a cada ano, levando o Brasil a um dos principais produtores de cereais e oleaginosas. No entanto, mais de 20% da produção é perdida por problemas de pós-colheita, especialmente na fase de armazenamento, em função da ocorrência de pragas de grãos armazenados do tipo coleópteros e lepidópteros. Objetivou-se com este trabalho detectar inibidores de tripsina em genótipos de gergelim com potencial uso na aplicação biotecnológica e no programa de melhoramento da espécie, visando seleção de genótipos tolerantes a pragas de grãos armazenados. Assim, procedeu-se o estudo de inibidores de tripsina (ITs) em 10 genótipos de gergelim, pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa. Os extratos proteicos totais dos acessos foram extraídos de sementes de gergelim e testados *in vitro* visando detecção de atividade inibitória para tripsina pancreática bovina (TPB) e enzimas digestivas de larvas de *P. interpunctella*. Adicionalmente, foram realizados ensaios *in vivo*, para avaliar o efeito dos ITs sobre a mortalidade de larvas. Os dados foram analisados pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os resultados obtidos mostraram a presença de inibidores de tripsina nos extratos proteicos totais dos 10 genótipos de gergelim, com variação de 51% a 90% de inibição, dentre os quais, o BRS-SEDA, CNPA G3 e CNPA G4 se destacaram com maior percentual de inibição. Nesses genótipos também foram evidenciadas a atividade inibitória para o homogenato intestinal de larvas de *P. interpunctella*, com inibição entre 60% e 76%. No ensaio biológico, as larvas de *P. interpunctella* mostraram-se suscetíveis aos extratos proteicos dos três genótipos de gergelim, contudo, o BRS Seda revelou taxa de mortalidade em torno de 83% com uma dose de 0,3% de extrato inibitório. Neste aspecto, o genótipo BRS-SEDA possui inibidores proteicos mais potentes, capazes de impedir o desenvolvimento de *P. interpunctella* com uma dose menor, o que sugere ser um forte candidato para uso no programa de melhoramento da espécie visando tolerância a pragas de grãos armazenados.

Suporte financeiro: EMBRAPA/Rede REPENSA/CAPES/CNPq

## Marcadores moleculares associados ao melhoramento genético do gergelim

Araújo, ES<sup>1</sup>; Rocha, GMG<sup>1</sup>; Lima, LM<sup>2</sup>; Arriel, NHC<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Mestranda em Ciências Agrárias, UEPB; <sup>2</sup>Pesquisadora da Embrapa Algodão.

*ive\_sousa@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Sesamum indicum*, Indeiscência, Oleaginosa, Diversidade, Seleção assistida por marcadores.

O gergelim (*Sesamum indicum* L.) possui alto potencial devido as suas características de adaptação a condições edafoclimáticas. Diante da multiplicidade e diversas aplicabilidades dos seus produtos possui grande potencial econômico, além de ser um alimento de elevado valor nutricional recomendado por médicos e nutricionistas, com isto, há um mercado crescente para exploração de seus grãos e óleo, que podem ser usados nas indústrias oleoquímica, alimentar, farmacêutica, cosmética e até para o segmento de biodiesel. Neste contexto, estudos de caracterização da diversidade genética podem promover a obtenção de genótipos desejáveis por suas características, sendo os marcadores moleculares, importantes ferramentas que auxiliam no andamento de pesquisas em programas de melhoramento genético em todo mundo. Objetivou-se, com este trabalho elaborar um *review* para elucidar a importância do uso de marcadores moleculares em programas de melhoramento de gergelim, uma vez que esta cultura ainda necessita de estudos esclarecedores sobre sua divergência e características importantes para o mercado, no entanto, a identificação de marcadores moleculares que possam ser usados para acelerar o melhoramento dessa espécie se faz necessário. Sendo assim, avaliou-se os marcadores moleculares mais utilizados, suas vantagens e desvantagens e os avanços alcançados por meio dessas ferramentas. A elaboração desta pesquisa teve como ferramenta embasadora, material já publicado disponível nos bancos de dados: Google Acadêmico, SciELO e NCBI, onde foram abordados aspectos gerais sobre o gergelim. A partir deste trabalho foi possível identificar a importância do uso da técnica com marcadores moleculares em programas de melhoramento do gergelim, entre os marcadores mais utilizados se destacam os RAPD e Microssatélites, em alguns estudos foi constatando tanto a obtenção do sucesso, quanto obstáculos e até mesmo a falha da técnica. No entanto, por meio da utilização dos marcadores moleculares foram alcançados avanços expressivos no melhoramento do gergelim entre eles a identificação de genótipos que possuem frutos indeiscentes que é uma importante característica, uma vez que, evita extraviar as sementes durante o processo de colheita proporcionando a colheita mecanizada e a diminuição de perdas na produção, este fator é um dos grandes problemas enfrentados pelos agricultores.

Suporte financeiro: EMBRAPA/CNPq/CAPES

## Análise da expressão da *geraniol-shyntase (GES)* em espécies aromáticas via RT-PCR blotting

Veiga, KPS<sup>1</sup>; Martins, MIG<sup>1</sup>; Melo-Filho<sup>2</sup>, PA; Santos, RC<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Doutoranda em biotecnologia RENORBIO/UFRPE, Recife –PE; <sup>2</sup>Professor do departamento de Agronomia, UFRPE, Recife –PE; <sup>3</sup>Pesquisadora da Embrapa algodão CNPA, Campina Grande –PB

*kalinyveiga@hotmail.com*

**Palavras-chave:** Análise molecular, biopesticidas, terpenos, bioativo, controle de pragas

O uso de defensivos químicos, apesar de ser bastante efetivo no controle de fitopatógenos, tem causado inúmeros problemas ambientais como a contaminação do meio ambiente e do homem. Substâncias de origem natural, com propriedades que permitam o controle de pragas e doenças, vem sendo o foco de vários estudos que visam o desenvolvimento de biopesticidas como alternativa para o uso destes defensivos químicos. Quimicamente, tais substâncias são classificadas como compostos nitrogenados, fenólicos e terpenóides. Os terpenos constituem o maior grupo de compostos secundários, dentre estes, destacam-se os sesquiterpenos e monoterpênicos com atividades inseticida e antifúngica. O geraniol (C<sub>10</sub>H<sub>18</sub>O) é um monoterpênico relatado como um dos principais componentes de óleos com propriedade fungicida. Acredita-se que há larga variabilidade desse bioativo em várias espécies de plantas, o que pode ser constatado por meios cromatográficos ou moleculares. O alto nível de expressão tem relação direta com a maior efetividade para o controle de algumas pragas agrícolas. Nesse trabalho procedeu-se uma estimativa da expressão de *GES*, enzima precursora do geraniol, em espécies aromáticas, por meio de RT-PCR blotting. Onze espécies foram selecionadas para análise de expressão, pertencentes as famílias Lamiaceae (*Ocimum sp.*, *Rosmarinus sp.*, *Plectranthus sp.*, *Origanum sp.*, *Mentha sp.*), Monimiaceae (*Peumus sp.*), Rutaceae (*Ruta sp.*), Oleaceae (*Jasminum sp.*) e Poaceae (*Cymbopogon sp.*). Para as reações de RT-PCR foi utilizado o cDNA (Kit M-MLV, Life Technologies), obtido do RNA (kit illustra™ RNAspin Mini RNA Isolation) extraído das plantas selecionadas e primers específicos para *GES* desenhado a partir de sequências depositadas no *Genbank* (NCBI). Posteriormente a reação foi analisada em gel de agarose 0,8 %, o qual foi transferido para membrana de Nylon (Hybond plus, Amersham) para hibridização com sonda fria (Kit AlkPhos, Amersham). A análise de RT-PCR blotting revelou a presença do gene em 10 das 11 espécies analisadas. Na análise de expressão semiquantitativa verificou-se que as dez amostras expressaram o gene da *GES* em níveis superiores ao referencial constitutivo (Beta actina). Esses resultados denotam que os acessos estudados possuem grande potencial para serem utilizados como candidatos em estudos de defesa de plantas contra pragas. Vários trabalhos na literatura ressaltam a eficiência do geraniol para controle de *Rhizoctonia solani*, *Sclerotium rolfsii*, *Phytophthora sp.* e *Alternaria alternata*, em soja, milho, arroz e feijão, ressaltando a possibilidade de uso desse óleo em manejos agroecológicos, em especial para produtores de base familiar.

Suporte financeiro: Rede REPENSA/Embrapa/CNPq e CAPES.



## Estudo de diversidade biológica do maracujazeiro “do sono” (*Passiflora setacea* DC) baseado em morfometria geométrica foliar.

Meira-Souza, A<sup>1</sup>; Porto, ACM<sup>1</sup>; Lemos Filho, DS<sup>1</sup>; Santos Silva, EAJ<sup>1</sup>; Santos, ML<sup>1</sup>; Santos, PS<sup>1</sup>; Lima, RPM<sup>1</sup>; Menini Neto, L<sup>2</sup>; Viccini, LF<sup>3</sup>; Oliveira, AC<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Departamento de Ciências Naturais, Laboratório de Genética de Plantas, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), Vitória da Conquista, Bahia, Brasil; <sup>2</sup>Centro de Ensino Superior de Juiz de Fora (CES/JF), Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil; <sup>3</sup>Instituto de Ciências Biológicas, Departamento de Biologia, Laboratório de Genética, Universidade Federal de Juiz de Fora (UFJF), Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil.

*lalyonline@gmail.com*

**Palavras-chave:** *P. setacea*, biodiversidade, ZANE.

O gênero *Passiflora* L. é de grande importância socioeconômica na fruticultura brasileira. A espécie do gênero conhecida como maracujazeiro “do-sono” (*Passiflora setacea* DC) tem ocorrência espontânea nas áreas de cerrado e caatinga e possui frutos doces e saborosos. Vem sendo empregado em fruticultura extrativista, em maior e menor escala, por diversas comunidades nas áreas em que se distribui. No Sudoeste da Bahia a fruta é comercializada em feiras populares e consumida *in natura* ou processada. A espécie apresenta ampla faixa de ocorrência com espécimens de folhas, flores e frutos levemente distintos, sugerindo existir diversidade biológica entre as plantas. O estudo desta biodiversidade é útil para propósitos conservacionistas ou ligados a seleção de genótipos de maracujazeiros “do-sono”. O objetivo do presente trabalho foi o de analisar a diversidade biológica da espécie do maracujazeiro “do-sono” quanto a morfometria geométrica foliar baseada em EFA (Elliptic Fourier Analysis) a partir de 14 populações detectadas na região do Sudoeste da Bahia, distribuídos em cinco zonas agroecológicas do Nordeste (ZANE - estabelecidos pelos Centro Nacional de Pesquisa de Solos e Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Semi Árido da EMBRAPA) em que as mesmas se dispunham. Observou-se um par (E1 e C7) dentro das dez combinações inter-zoneamento em que as morfometrias geométricas foliares foram estatisticamente diferentes entre si (NPMANOVA, *p value* de 0,022). Esses resultados podem ser atribuídos a existência de variação genética intra-populacional de maracujazeiro ‘do-sono’ quanto ao formato de folhas. Adicionalmente, o conjunto diferenciado de características edafoclimáticas empregadas pelo ZANE na descrição das zonas em questão podem, a seu modo, influenciar ambientalmente na forma das folhas das plantas nas regiões onde as populações se dispõem. Esse estudo resultou no estabelecimento de zonas de transição inter ZANEs preferenciais para a realização de novas caracterizações de biodiversidade no que tange a morfometria geométrica foliar de maracujazeiro ‘do-sono’.

Suporte financeiro: UESB.

## Mapeamento físico do DNA ribossômico 45S e 5S em dois genótipos do gênero *Agave* L.

Lamonier Chaves Ramos<sup>1</sup>; Reginaldo de Carvalho<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE

lamonier@terra.com.br

**Palavras-chave:** FISH, Sondas, Sítios de DNAr, Cariótipo, Sisal

O gênero *Agave* representa uma cultura extensivamente cultivada por apresentar utilidades em diversos setores da economia. A espécie *Agave sisalana* Perrine e o híbrido 11648 são os genótipos de maior importância econômica no Brasil, que é o maior produtor e exportador da fibra extraída de suas folhas, conhecida como sisal. Citologicamente, pesquisas têm revelado que o gênero possui um número cromossômico básico  $n = 30$ , sendo o híbrido 11648 um diplóide e a *Agave sisalana* um pentaplóide. No entanto, os estudos de seus cariótipos têm sido limitados, até então, às técnicas de coloração convencional, que têm se mostrado insuficientes devido ao pequeno tamanho e similaridade dos seus cromossomos, havendo assim a necessidade de análises mais detalhadas. A hibridização *in situ* fluorescente (FISH) permite localizar sequências específicas de DNA ao longo dos cromossomos por meio de sondas (segmentos de ácido nucléico marcados com corantes fluorescentes), sendo as sequências de DNA ribossômico (DNAr) 45s e 5s as mais utilizadas. Neste trabalho, foi analisado o cariótipo da espécie *Agave sisalana* e do híbrido 11648, através do emprego da técnica de FISH com o intuito de identificar a variação do número e da localização das regiões de DNAr 45S e 5S entre os dois genótipos. Para a montagem das lâminas, pontas de raízes jovens foram pré-tratadas com 8-hidroxiquinoleína 2mM por 4 horas a 18°C, fixadas em Carnoy 3:1 (etanol: ácido acético) por 24 horas, à temperatura ambiente e, posteriormente, digeridas em solução enzimática, contendo 2% de celulase e 20% de pectinase, por 2 horas. Em seguida, foram lavadas em água destilada e esmagadas, em ácido acético à 45%, sob as lamínulas. Estas foram removidas por congelamento em nitrogênio líquido. O procedimento para a FISH foi realizado como descrito por Pedrosa *et al.* (2002) com pequenas modificações. As metáfases foram fotografadas em microscópio de epifluorescência Leica DM 2500 equipado com câmera digital DFC 345FX, utilizando-se para processamento das imagens o software CW 4000. A FISH revelou que o híbrido 11648 e a *Agave sisalana* compartilham posições similares para os sítios de DNAr 45s e 5S, havendo variação apenas no número, estando este, relacionado ao nível de ploidia. A sonda de DNAr 45S revelou dois sítios no híbrido 11648, e cinco na *Agave sisalana*, localizados na região intersticial dos braços longos de cromossomos acrocêntricos grandes. A sonda de DNAr 5S revelou dois sítios, no híbrido 11648, e cinco na *Agave sisalana*, localizados em cromossomos pequenos. Os resultados apresentados podem ser úteis para fins de caracterização e conservação de acessos em bancos de germoplasma bem como para a construção de um mapa físico para o gênero *Agave* o qual poderá ser útil em programas de melhoramento genético do sisal.

## Distribuição da heterocromatina constitutiva em dois genótipos do gênero *Agave* L.

Lamonier Chaves Ramos<sup>1</sup>; Reginaldo de Carvalho<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE

lamonier@terra.com.br

**Palavras-chave:** CMA, DAPI, Bandeamento cromossômico, Fluorocromos, RONS

A heterocromatina constitutiva (HC) é um componente cromossômico fortemente condensado em quase todas as fases do ciclo celular, formado por sequências de DNA altamente repetitivas e, geralmente, sem atividade gênica. O uso de técnicas de bandeamento cromossômico com fluorocromos permite identificar a distribuição, a quantidade e o tipo de HC, possibilitando sua visualização em blocos de coloração diferencial, o qual pode ser utilizado para identificar cromossomos homólogos ou auxiliar na análise da evolução cromossômica comparada. Os fluorocromos mais utilizados são a Cromomicina A3 (CMA) e o 4,6-diamidino-2-fenilindol (DAPI) que se ligam, respectivamente, a regiões ricas em guanina e citosina (GC) e adenina e timina (AT). Neste trabalho foi analisado o padrão de distribuição das regiões heterocromáticas da espécie *Agave sisalana* Perrine e do híbrido 11648 por meio da dupla coloração CMA/DAPI com a finalidade de observar a variação dessas bandas e de fornecer informações que possam ser úteis em programas de melhoramento. Estudos citogenéticos têm revelado que o gênero *Agave* possui um número cromossômico básico  $n = 30$  e que a *Agave sisalana* é uma espécie pentaploide e o híbrido 11648 é um diplóide. Para a montagem das lâminas, pontas de raízes jovens foram pré-tratadas com 8-hidroxiquinoleína 2mM por 4 horas a 18°C, fixadas em Carnoy 3:1 (etanol: ácido acético) por 24 horas, à temperatura ambiente e, posteriormente, digeridas em solução enzimática, contendo 2% de celulase e 20% de pectinase, por 2 horas. Em seguida, foram lavadas em água destilada e esmagadas, em ácido acético à 45%, sob as lamínulas. Estas foram removidas por congelamento em nitrogênio líquido. Depois de envelhecidas por três dias, à temperatura ambiente, as lâminas foram coradas com CMA a 0,5 mg/mL, por 60 minutos, posteriormente, coradas com DAPI 2 g/ml por 30 minutos e, finalmente, montadas em tampão McIlvaine-glicerol 1:1. As metáfases foram fotografadas em microscópio de epifluorescência Leica DM 2500 equipado com câmera digital DFC 345FX, utilizando-se para processamento das imagens o software CW 4000. O bandeamento com os fluorocromos CMA/DAPI revelou, no híbrido 11648, a presença de duas bandas CMA<sup>+</sup>, relacionadas às regiões organizadoras de nucléolo (RONS), situadas na região intersticial do braço longo de um par de cromossomos grandes, enquanto que, na *Agave sisalana*, estas bandas evidenciaram cinco RONS em cromossomos homeólogos. Foram também observadas, no híbrido, outras duas bandas CMA<sup>+</sup> em um par de cromossomos pequenos, no entanto, na *A. sisalana*, apenas três cromossomos homeólogos apresentaram estas bandas. Nenhuma banda DAPI heterocromática positiva foi visualizada. O padrão de banda CMA<sup>+</sup> observado revelou que há presença de heterocromatina constitutiva rica em CG. O presente estudo traz novas contribuições sobre o cariótipo do agave que podem ser úteis para fins de caracterização para uso em programas de melhoramento genético.

## LOCALIZAÇÃO CROMOSSÔMICA DOS SÍTIOS DE DNAr E DE HETEROCROMATINA EM CROMOSSOMOS METAFÁSICOS DO GÊNERO *Crinum* L. (AMARYLLIDACEAE)

Santos, ECXR<sup>1</sup>; Oliveira, VRS<sup>1</sup>; Felix, LP<sup>2</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Universidade Federal da Paraíba, Areia, PB  
*valesca.ravanny@hotmail.com*

**Palavras-chave:** cromomicina, especiação, FISH, fluorocromos, RONS

As famílias multigênicas de RNA ribossomal 5S e 45S são altamente conservadas, e suas sequências em *tandem* são as mais utilizadas para o mapeamento físico citomolecular em plantas. O gênero *Crinum* L. (tribo Amaryllideae, subfamília Amaryllidoideae), com número básico cromossômico  $x = 11$  e espécies diploides com  $2n = 22$ , apresenta, em geral espécies cariomorfológicamente similares. Contudo, o uso de fluorocromos base-específicos CMA<sub>3</sub> (cromomicina A<sub>3</sub>) e DAPI (4',6-diamidino-2-fenilindol) tem possibilitado distinguir cariótipos de algumas espécies de *Crinum*, bem como a hibridização *in situ* (FISH), que fornece marcadores citogenéticos ainda mais precisos no reconhecimento de cariótipos e na identificação de cromossomos. Com o objetivo de contribuir para a compreensão da diversificação cromossômica e organização genômica do gênero *Crinum*, este trabalho visou analisar as espécies *C. americanum* L. e *C. asiaticum* L., através da distribuição dos padrões de bandas heterocromáticas por dupla coloração com CMA e DAPI e distribuição de sítios de DNAr 5S e 45S por FISH. As preparações cromossômicas foram obtidas a partir de meristemas radiculares pré-tratados com colchicina a 0,02% durante 24 horas a 4°C, fixadas em Carnoy por 2-24 horas a temperatura ambiente e estocadas a -20°C. O material foi digerido com uma solução enzimática de 2% de celulase "Onozuka R-10" (Serva) e 20% de pectinase (Sigma) por 60 min a 37°C, esmagado em uma gota de ácido acético 45%, as lamínulas retiradas após o congelamento em nitrogênio líquido. As lâminas foram envelhecidas por 3 dias e coradas diretamente com 10µl de CMA (0,5 mg/ml) por 1h e 10µl de DAPI (2 µg/ml) por 30 min e montadas em tampão glicerol/McIlvaine (pH 7,0) 1:1, contendo MgCl<sub>2</sub> 2,5 mM). Para a FISH foram utilizadas as sondas ribossomais provenientes da espécie *Lotus japonicus* L. As espécies apresentaram duas bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>+</sup> intersticiais no braço longo de um par submetacêntrico, colocalizadas com sítios de DNAr 45S, frequentemente associadas às RONS, enquanto dois pares de sítios de DNAr 5S foram detectados, um par na região pericentromérica de um par metacêntrico (sítio maior) e um par na região intersticial do braço longo de um par submetacêntrico (sítio menor). Geralmente são relatadas bandas DAPI<sup>+</sup> para o gênero *Crinum*, entretanto no presente estudo foram visualizadas pequenas bandas intersticiais e subterminais no braço curto e longo de um par metacêntrico e de outro um par submetacêntrico, apenas em *C. asiaticum*, após a FISH. Em geral, estas características são semelhantes ao que é encontrado na maioria das espécies de *Crinum* e de alguns gêneros de outras tribos da subfamília Amaryllidoideae, o que indica que alterações cariotípicas sutis estão atuando ativamente nos processos evolutivo do gênero.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, FACEPE

## IMUNOCITOGENÉTICA, DISTRIBUIÇÃO DO DNA RIBOSSOMAL E DA HETEROCROMATINA EM *Crinum ornatum* (AITON) HERB (Amaryllidaceae)

Santos, ECXR<sup>1</sup>; Feitoza LL<sup>3</sup>; Felix, LP<sup>2</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Universidade Federal da Paraíba, Areia, PB;

<sup>3</sup>Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI

*emmanuelly.xavier@gmail.com*

**Palavras-chave:** aminoácidos modificados, cromatina, DAPI, epigenética, FISH

As modificações pós-síntese incluindo acetilação, fosforilação e metilação, constituem o principal determinante do controle epigenético que regula a ativação gênica e as modificações da cromatina durante os ciclos celulares. A imunocoloração de histonas modificadas em associação ao bandeamento com fluorocromos CMA/DAPI e a hibridização *in situ* fluorescente (FISH), proporciona uma melhor compreensão da estrutura e funcionabilidade da cromatina além do seu papel na organização dos genomas. No entanto, pouco se sabe sobre seu papel na estrutura dos cromossomos de plantas. Deste modo, o presente trabalho analisou o padrão das histonas H4 acetilada na lisina 5 (H4K5ac), H3 dimetilada na lisina 27 (H3K27me2) e H3 fosforilada na serina 10 (H3S10f) em cromossomos mitóticos de *Crinum ornatum*, associado com a dupla coloração com fluorocromos CMA\DAPI e FISH com sondas de DNAr 5S e 45S marcadas com Cy3. Para isso, pontas de raízes foram pré-tratadas com colchicina 0,02% durante 24 horas a 4°C e submetidas primeiramente à coloração CMA/DAPI, seguida pelos procedimentos de FISH e imunodeteção com anticorpos primários contra H4K5ac, H3K27me2 e H3S10f e anticorpos secundários conjugados com FITC. *Crinum ornatum*, possui cariótipo com  $2n = 22$  e fórmula cariotípica  $2M+18SM+2a$ . Neste trabalho foram reveladas bandas DAPI<sup>+</sup>/CMA<sup>-</sup> na região pericentromérica de todos os cromossomos do complemento e uma banda intersticial CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> no braço longo de um par submetacêntrico, colocalizada com os sítios de DNAr 45S, enquanto um par de sítios de DNAr 5S foram detectados na região proximal do mesmo braço cromossômico que possui o sítio de DNAr 45S. A marcação dos resíduos H4K5ac e H3K27me2 foi evidenciada nos domínios eucromáticos da cromatina interfásica. A imunocoloração com H4K5ac revelou marcação uniforme na cromatina dos núcleos interfásicos, onde os nucléolos e grandes blocos DAPI<sup>+</sup> foram hipoacetilados. H3K27me2 marcou uniformemente os núcleos interfásicos, evidenciando alguns pequenos pontos mais brilhantes. Durante a prófase até a metáfase, os sinais de H4K5ac e H3K27me2 foram localizados próximos a região terminal de todos os cromossomos. Por outro lado, a fosforilação na serina 10 da histona H3 (H3S10f) revelou marcação na região pericentromérica de todos os cromossomos, iniciando na prófase e intensificando-se na metáfase. Nos núcleos interfásicos a marcação não foi evidenciada. Esses resultados sugerem que em *C. ornatum*, o padrão de marcação observado com as histonas H4K5ac e H3K27me2 foi similar ao observado em outras espécies vegetais, ocorrendo mais fortemente em regiões descondensadas. A fosforilação da H3S10 na região pericentromérica parece ser um evento mais abrangente em plantas, uma vez que o mesmo padrão pode ser observado em espécies pouco relacionadas.

Apoio financeiro: CAPES, FACEPE

## DISTRIBUIÇÃO DOS SÍTIOS DE DNAr E DA HETEROCROMATINA CMA<sup>+</sup>: IMPLICAÇÕES SOBRE A DINÂMICA EVOLUTIVA EM REPRESENTANTES DA TRIBO HIPPEASTREAE (AMARYLLIDACEAE)

Santos, ECXR<sup>1</sup>; Assis, FNM<sup>2</sup>; Felix, LP<sup>2</sup>; Carvalho, R<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco, UFRPE, Recife, PE; <sup>2</sup>Universidade Federal da Paraíba, Areia, PB

**Palavras-chave:** displóidia, fluorocromos, inversão paracêntrica, poliploidia, translocação

A tribo Hippeastreae é constituída por 13 gêneros e ca. 180 espécies de distribuição exclusivamente neotropical. Estudos envolvendo a comparação entre dados citogenéticos e propostas de filogenia em representantes da tribo Hippeastreae, subtribo *Hippeastrinae*, ainda são escassos na literatura, o que dificulta a compreensão dos mecanismos evolutivos envolvidos na diversificação do grupo com base em análises carioevolutivos. O presente trabalho objetivou, por meio da dupla coloração CMA/DAPI e FISH, analisar a variação no número e localização dos sítios de DNAr em representantes dos gêneros *Zephyranthes* Herb. e *Hippeastrum* Herb., identificar padrões de distribuição da heterocromatina e inferir sobre os possíveis mecanismos de evolução cariotípica e relações taxonômicas com base em dados citotaxonômicos. As preparações cromossômicas foram obtidas a partir de meristemas radiculares pré-tratados com colchicina a 0,02% durante 24 horas a 4°C, fixadas em Carnoy por 2-24 horas a temperatura ambiente e estocadas a -20°C. O material foi digerido com uma solução enzimática de 2% de celulase “Onozuka R-10” (Serva) e 20% de pectinase (Sigma) por 60 min a 37°C, esmagado em uma gota de ácido acético 45%, as lamínulas retiradas após o congelamento em nitrogênio líquido. As lâminas foram envelhecidas por 3 dias e coradas diretamente com 10µl de CMA (0,5 mg/ml) por 1h e 10µl de DAPI (2 µg/ml) por 30 min e montadas em tampão glicerol/McIlvaine (pH 7,0) 1:1, contendo MgCl<sub>2</sub> 2,5 mM). Para a FISH foram utilizadas as sondas ribossomais provenientes da espécie *Lotus japonicus*. Os números cromossômicos variaram de  $2n = 12$  em *Z. brachyandra* a  $2n = 26$  em *Z. mesochloa*. Foram observadas apenas bandas heterocromáticas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup> associadas às RONs. O número de sítios de DNAr 45S variou de dois a quatro, sempre apresentaram-se colocalizados com as bandas heterocromáticas CMA<sup>+</sup>, ocupando preferencialmente as regiões terminais dos braços cromossômicos curtos, enquanto os sítios de DNAr 5S variaram de dois a seis, localizados nas regiões terminais, subterminais e proximais. A ocorrência de duas bandas CMA<sup>+</sup> subterminais e duas bandas CMA<sup>+</sup> proximais em *Z. brachyandra* possivelmente resultou de uma inversão paracêntrica em um dos pares cromossômicos, modificando o padrão de bandas CMA<sup>+</sup> terminais observado nos demais representantes do grupo. Além disso, o único par cromossômico com três pares de sítios de DNAr 5S nesta espécie é um forte indicativo de complexos rearranjos cromossômicos, possivelmente resultado de translocações e/ou fusões cêntricas ancestrais. O padrão de localização dos sítios de DNAr e distribuição da heterocromatina em representantes dos gêneros *Hippeastrum* e *Zephyranthes* corrobora a hipótese de evolução reticulada. A característica citotaxonômica mais representativa para a delimitação dos gêneros da subtribo Hippeastrinae é o número básico, cujas espécies pertencentes ao gênero *Habranthus* podem ser reconhecidas por  $x = 6$ , enquanto o gênero *Zephyranthes* pode ser delimitado pela ocorrência do número básico  $x = 9$ .

Apoio financeiro: CAPES, FACEPE

## Estimativa de parâmetros genéticos do sistema radicular em linhagens de flor de seda via REML/BLUP

Gertrudes Júnior, NA<sup>1</sup>; Almeida, IVB<sup>1</sup>; Neder, DG<sup>2</sup>; Bezerra, AS<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em agroecologia da UEPB, Lagoa Seca, PB; <sup>2</sup>Professor Doutor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB; <sup>3</sup>Pós-graduando no mestrado em ciências agrárias, UEPB, Campina Grande, PB

dgneder@hotmail.com

**Palavras-chave:** *Calotropis procera*, planta xerófila, componentes da variância

Nos últimos anos a flor de seda tem despertado atenção de pesquisadores em sua utilização como forrageira, devido, principalmente, sua resistência a seca. Essa planta necessita de trabalhos de melhoramento genético através da seleção e propagação de genótipos mais produtivos. Poucas pesquisas foram desenvolvidas com espécie, e inexistem trabalhos de melhoramento. Com isso, fica evidente a necessidade de conhecê-la melhor, principalmente para estimação de parâmetros genéticos. Sabendo da importância da planta para o semiárido brasileiro, objetivou-se estimar parâmetros genéticos do sistema radicular de linhagens de flor de seda. Realizaram-se coletas de frutos de acessos de flor de seda no mês de março de 2014, em áreas de ocorrência natural da espécie, as margens da BR 230, BR 104, BR 412, no trajeto entre os municípios de João Pessoa e Patos - PB. As sementes foram extraídas de forma manual e colocadas para secar a sombra e durante uma manhã no sol e foram armazenados em sacos de papel. O experimento foi conduzido no viveiro florestal da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), no município de Campina Grande – PB, em casa de vegetação, no período de abril a julho de 2014, cultivado em tubetes com capacidade de 280 cm<sup>3</sup> preenchidos com substrato proveniente de um vertissolo. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 89 genótipos e três repetições, com 8 plantas por parcela. O comprimento da raiz (medido do coleto até a extremidade) foi obtido aos 30 dias após o plantio e a MSR aos 90 dias, com pesagem, no laboratório de ecofisiologia de plantas cultivadas (ECOLAB), na UEPB, utilizando balança analítica com precisão de 0,001g após a secagem em estufa regulada a 65 °C até atingir massa constante (48 horas). Pelo procedimento (REML/BLUP) obtiveram-se os seguintes parâmetros genéticos para CR: média geral de 19.04cm; h<sub>2g</sub> (0.28 ± 0.09); h<sub>2ml</sub> (0.54); V<sub>g</sub> (1.06); V<sub>e</sub> (2.64); V<sub>f</sub> (3.71); Aclinh de 0.73; CV<sub>gi</sub>% (5.42); CV<sub>e</sub>% (8.54); CV<sub>r</sub> (0.63). Para MSR foram: média geral de 0.16g; h<sub>2g</sub> (0.26 ± 0.09); h<sub>2ml</sub> (0.52); V<sub>g</sub> (0.001); V<sub>e</sub> (0.0027); V<sub>f</sub> (0.0037); Aclinh de 0.72; CV<sub>gi</sub>% (19.46); CV<sub>e</sub>% (32.64); CV<sub>r</sub> (0.6). As herdabilidades foram classificadas como média e alta tanto para CR como para MSR e as acurácias foram altas. O maior desenvolvimento radicular da flor de seda ocorreu nos primeiros 30 dias e as linhagens com maior CR e MSR são indicadas para cultivo em regiões de sequeiro no semiárido, pois plantas com raízes desenvolvidas possuem maior capacidade de sobrevivência e de resistir a déficits hídricos, sendo, portanto, linhagens de interesse em programas de melhoramento da espécie.

## Estimativa de parâmetros genéticos da parte aérea em linhagens de flor de seda via REML/BLUP

Gertrudes Júnior, NA<sup>1</sup>; Almeida, IVB<sup>1</sup>; Neder, DG<sup>2</sup>; Bezerra, AS<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Graduando em agroecologia da UEPB, Lagoa Seca, PB; <sup>2</sup>Professor Doutor da Universidade Estadual da Paraíba, UEPB, Campina Grande, PB; <sup>3</sup>Pós-graduando no mestrado em ciências agrárias, UEPB, Campina Grande, PB

*dgneder@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Calotropis procera*, planta xerófila, componentes da variância

Nos últimos anos a flor de seda tem despertado atenção de pesquisadores em sua utilização como forrageira, devido, principalmente, sua resistência a seca. Essa planta necessita de trabalhos de melhoramento genético através da seleção e propagação de genótipos mais produtivos. Poucas pesquisas foram desenvolvidas com espécie, e inexistem trabalhos de melhoramento. Com isso, fica evidente a necessidade de conhecê-la melhor, principalmente para estimação de parâmetros genéticos. Sabendo da importância da planta para o semiárido brasileiro, objetivou-se estimar parâmetros genéticos da parte aérea de linhagens de flor de seda. Realizaram-se coletas de frutos de acessos de flor de seda no mês de março de 2014, em áreas de ocorrência natural da espécie, as margens da BR 230, BR 104, BR 412, no trajeto entre os municípios de João Pessoa e Patos - PB. As sementes foram extraídas de forma manual e colocadas para secar a sombra e durante uma manhã no sol e foram armazenados em sacos de papel. O experimento foi conduzido no viveiro florestal da Universidade Estadual da Paraíba (UEPB), no município de Campina Grande – PB, em casa de vegetação, no período de abril a julho de 2014, cultivado em tubetes com capacidade de 280 cm<sup>3</sup> preenchidos com substrato proveniente de um vertissolo. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 89 genótipos e três repetições, com 8 plantas por parcela. A MSC e MSF foram obtidos aos 90 dias após o plantio, com pesagem, no laboratório de ecofisiologia de plantas cultivadas (ECOLAB), na UEPB, utilizando balança analítica com precisão de 0,001g após a secagem em estufa regulada a 65 °C até atingir massa constante (48 horas). Pelo procedimento (REML/BLUP) obtiveram-se os seguintes parâmetros genéticos para MSC: média geral de 0.10g; h<sup>2</sup>g (0.29 ± 0.09); h<sup>2</sup>ml (0.55); Vg (0.0003); Ve (0.0008); Vf (0.0011); Aclinh de 0.74; CVgi% (18.12); CVe% (28.59); CVr (0.63). Para MSF foram: média geral de 0.35g; h<sup>2</sup>g (0.30 ± 0.10); h<sup>2</sup>ml (0.57); Vg (0.0037); Ve (0.0085); Vf (0.0122); Aclinh de 0.75; CVgi% (17.17); CVe% (26.07); CVr (0.66). As herdabilidades foram classificadas como média e alta tanto para MSC como para MSF e as acurácias foram altas. Os caules de todas as linhagens tornaram-se herbáceos, onde não ficaram lignificados, sendo um bom indicativo de forragens mais nutritivas. As linhagens com maior desenvolvimento da parte aérea são recomendadas para seleção em programas de melhoramento para produção de forragem, devido, principalmente, obter maiores rendimentos na produção de fenos.



## Avaliação da viabilidade de embriões de plantas matrizeiras de maracujazeiro ‘do sono’ (*Passiflora setacea* DC) contrastantes quanto à capacidade de germinação

Santos, ML<sup>1</sup>; Porto, ACM<sup>1</sup>; Oliveira, AC<sup>1</sup>;

<sup>1</sup>Universidade Estadual do sudoeste da Bahia-UESB, *campus* Vitória da Conquista

*mary.sina@hotmail.com*

**Palavras-chave:** *Passiflora setacea*, semente, embriões, viabilidade, germinação

Espécies nativas de maracujazeiros têm ganhado cada vez mais importância em programas de melhoramento genético por apresentarem características de interesse como resistência a doenças, maior adaptação a condições climáticas, período de florescimento ampliado entre outros. A propagação de passifloras nativas, feita por sementes, apresenta problemas devido à baixa germinação decorrente da dormência. Tal problema é presente até mesmo no maracujazeiro ‘amarelo’, espécie de maior interesse comercial. A adoção de meios artificiais de quebra de dormência de sementes por passicultores é algo que gera custos e dificulta o plantio, em larga escala. Desse modo é necessário conhecer aspectos fisiológicos que afetem a germinação como, por exemplo, viabilidade/vigor das sementes o que, possivelmente, pode gerar estudos que correlacionem dormência e germinação *versus* vigor. Nesse contexto este trabalho teve por finalidade investigar a viabilidade de embriões de plantas matrizeiras de maracujazeiro ‘do sono’ (*Passiflora setacea* DC) submetido a uma seleção prévia quanto à capacidade de germinação de suas sementes. Dois lotes de 60 sementes de genótipos extremamente contrastantes quanto a sua capacidade de germinação [precoce (PS-9) e aparentemente tardia (sem germinação; PS-27)] foram submetidos ao teste de tetrazólio em duas concentrações (0,075% e 1%), sendo 30 para cada concentração. Os tecidos do embrião e/ou dos cotilédones puderam ser classificados em duas categorias: os que se coraram e os que não se coraram. Houve, portanto, sementes viáveis consideradas como vivas e, assim, passíveis de germinação e sementes não viáveis, consideradas mortas e, por consequência, não aptas para germinarem. O PS-9 teve todas as suas sementes coradas, enquanto que PS-27 apresentou 44 sementes coradas. As concentrações de tetrazólio empregadas resultaram em níveis colorimétricos estatisticamente similares. Portanto, adotar a menor concentração (0,075%), em estudos futuros, proporciona redução de custos. A taxa de germinação ‘real’, que decorre da razão entre o produto da divisão ‘número total de sementes germinadas sobre total de sementes avaliadas’ e o produto da divisão do ‘número de embriões viáveis (corados pelo tetrazólio) sobre o total de sementes avaliadas’ foi de 64% e 0% para PS-9 e PS-27; respectivamente. O resultado obtido para o genótipo PS-9, que não apresentou sementes brancas e teve germinação precoce e alta, pode exemplificar modelos de plantas alvo de seleção para precocidade germinativa. Sabe-se que quanto mais alto o vigor e a porcentagem de germinação das sementes, maior a produtividade esperada, se as condições forem adequadas. Diante do exposto, os fatores ambientais não controlados podem ter contribuído para a não germinação de algumas sementes do PS-9 e até mesmo dos 100% da não germinação do PS27. Por isso estudos similares a este, porém com fatores ambientais controlados, são recomendados, pois permitem gerar resultados que definam mais claramente a interferência genética para a característica germinação precoce.

Apoio Financeiro: CNPq

## Estudos Citogenéticos preliminares em *Jatropha mollissima* (Pohl) Baill. e *Jatropha mutabilis* (Pohl) Baill. do estado de Pernambuco

Silva, MN<sup>1</sup>; Gusmão, CSL<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratório de Microscopia I, UAST, UFRPE

*mnatiane@gmail.com*

**Keywords:** cromossomo, *Jatropha*, semiárido, Euphorbiaceae, nitrato de prata

*Jatropha mollissima* e *Jatropha mutabilis* são arvoretas, pertencentes à família Euphorbiaceae, nativas do semiárido brasileiro e que vegetam com muita frequência áreas degradadas da caatinga. As folhas, raízes e sementes destas espécies são ricas em óleo de boa qualidade, despertando o interesse econômico, tanto na indústria farmacêutica, quanto na cosmética, além do potencial para produção de biodiesel. Sendo assim, o conhecimento das características citogenéticas acrescenta informações básicas a respeito de *J. mollissima* e *J. mutabilis*. Além disso, o gênero *Jatropha* L. possui aproximadamente 175 espécies, onde apenas 61 foram estudadas citogeneticamente. Desta forma, este trabalho teve como objetivo estudar citogeneticamente as espécies *J. mollissima* e *J. mutabilis* coletadas em regiões do semiárido pernambucano. As coletas foram realizadas nas cidades de Petrolândia, Flores e Mirandiba. As sementes obtidas foram germinadas em placas de Petri, com papel filtro umedecido em água destilada, para obtenção das raízes; estas foram pré-tratadas com 8-Hidroxiquinolina (8HQ), fixadas em solução Carnoy (etanol: ácido acético/ 3:1) e estocadas. Posteriormente as raízes foram hidrolizadas em solução de celulase e pectinase. A coloração convencional com Giemsa e a coloração com nitrato de prata seguiram a metodologia de Guerra e Lopes (2002), com modificações. As melhores células foram analisadas e fotografadas. Os resultados de ambas as espécies mostraram o número cromossômico  $2n=22$ , confirmando assim o número diploide das espécies. Os núcleos interfásicos são do tipo arreticulado e os cromossomos tem comprimento inferior a  $2\mu\text{m}$ . Para coloração com nitrato de prata, realizada apenas em *J. Mollissima*, foram contados 2000 núcleos interfásicos, mostrando a existencia de até quatro núcleolos por núcleo.

## Capacidade de germinação e resposta bioquímica de amendoim submetido a estresse hídrico induzido por polietilenoglicol-6000

Pereira, J.W.L.<sup>1</sup>; Silva, E.C.A.<sup>1</sup>; Meneses, C.H.S.G.<sup>2</sup>; Santos, R.C.<sup>3</sup>; Melo Filho, P.A.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutoranda da RENORBIO, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife-PE; <sup>2</sup>Professor Doutor A, Universidade Estadual da Paraíba, Campina Grande-PB; <sup>3</sup>Pesquisadora da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Algodão), Campina Grande-PB; <sup>4</sup>Professor Associado, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife-PE

*jacquelinewlp@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Arachis*, seca, tolerância

A água é um dos fatores ambientais mais importantes no processo de germinação. Em condições ideais, a absorção garante a reidratação do embrião, intensifica a respiração e ativa diversas atividades metabólicas essenciais para o desenvolvimento do eixo embrionário. Por outro lado, o déficit hídrico conduz a uma baixa capacidade de germinação, ocasionando fraco estabelecimento da plântula e, conseqüentemente, perdas na produção. Genótipos que apresentem habilidade em superar a deficiência hídrica, desde a fase de germinação e ainda garantir o desenvolvimento da plântula, são apontados como materiais promissores para um programa de melhoramento que vise tolerância a seca. Para complementar e agilizar os diversos métodos de seleção para tal característica, alguns autores adotam o uso de polietileno glicol 6000 (PEG), um polímero inerte, de alto peso molecular, não tóxico e que simula condição de deficiência hídrica. Em ensaios conduzidos em vasos, contudo, as quantidades de PEG são elevadas, o que encarece os custos de execução. Com objetivo de ajustar um procedimento rápido de simular estresse hídrico em sementes de amendoim, investigou-se a capacidade de germinação e a resposta bioquímica da radícula submetida a 7 dias de estresse, induzido por PEG 6000. Sementes de seis genótipos (cv. 55 437 e cv. BR 1, ambos tolerantes a seca, LViPE-06, sensível a seca e três top lines) foram colocadas em rolos de papel germitest umedecidos em solução de PEG 6000, ajustada para um potencial osmótico de -0,6Mpa (estresse), e incubados em BOD (25 °C ± 2 °C, fotoperíodo de 12h). A unidade experimental foi representada por 15 sementes/rolo, com 5 repetições. Após 7 dias, o extrato bruto das amostras, coletado a partir das raízes, foi obtido através da maceração de 0,5 g de tecido em 2 mL de tampão fosfato monobásico (100 mM) e EDTA (0,1 mM) (pH 7,0). As variáveis analisadas foram: início e percentual da germinação, atividade enzimática da superóxido dismutase (SOD), ascorbato peroxidase (APX) e catalase (CAT) e o teor de proteínas totais, prolina, carboidratos, glicina-betaína e trealose. As sementes dos tratamentos controle iniciaram o processo de germinação três dias após o semente (das), enquanto que nos estressados, aos cinco dias. Com exceção da BR 1, nenhum genótipo atingiu comprimento da radícula superior a 1 cm, sendo as análises bioquímicas realizadas apenas com essa cultivar que na condição de estresse, apresentou redução do teor de proteínas totais e carboidratos. Por outro lado, para ajustar-se osmoticamente acumulou prolina livre, glicina-betaína e principalmente trealose. Para minimizar os efeitos do estresse oxidativo, houve aumento na atividade das enzimas antioxidativas SOD, APX e principalmente CAT. Com base nos resultados obtidos, verificou-se que a cv. BR 1 apresentou capacidade de germinação e de ajustar-se bioquimicamente a condição de déficit hídrico.

Suporte financeiro: Rede REPENSA/Embrapa/CNPq e CAPES

## Seleção assistida de acessos intraespecíficos de amendoim por meio de marcador *ISSR*

Pereira, J.W.L.<sup>1</sup>; Pinto, F.S.L.<sup>2</sup>; Freire, R.M.M.<sup>3</sup>; Santos, R.C.<sup>3</sup>; Melo Filho, P.A.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutoranda da RENORBIO, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife-PE; <sup>2</sup>Laboratorista, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Algodão), Campina Grande-PB; <sup>3</sup>Pesquisadora da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Algodão), Campina Grande-PB; <sup>4</sup>Professor Associado, Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife-PE

*jacquelinewlp@gmail.com*

**Palavras-chave:** *Arachis*, dendograma, melhoramento

O mercado de grãos de amendoim está muito diversificado em relação aos padrões da matéria-prima. Para o mercado de confeitaria ou oleoquímico, a maior demanda é por cultivares rasteiras (*Runner*) que possuem película clara, ciclo longo e elevado teor de óleo nas sementes. Para atender a demanda por cultivares *Runner* adaptadas às condições do Nordeste, a Embrapa Algodão tem realizado uma série de cruzamentos com acessos intraespecíficos visando incorporar características de precocidade e tolerância a seca em materiais produtivos *Runner*. No avanço dos programas de melhoramento, as ferramentas moleculares são bastante confiáveis e úteis para auxiliar as etapas de seleção das linhagens promissoras. No presente estudo, analisou-se a diversidade genética em uma população intraespecífica de amendoim por meio de marcador *ISSR*, com fins de selecionar materiais precoces que se agrupem com as cv. tolerantes Senegal e BR1. Dezoito genótipos foram usados no estudo, constituídos por 14 top-lines, dois genitores (BR1, ereta e tolerante a seca, e a *land race* LViPE-06, rasteira e sensível a seca), e dois genótipos teste (cv 55 437, tolerante, e IAC Caiapó, sensível). Os genótipos foram cultivados em casa de vegetação para obtenção de tecido foliar para a extração do DNA genômico. Vinte primers do tipo *ISSR* foram testados, dos quais onze apresentaram padrões polimórficos. Os produtos de PCR foram analisados no sistema PAGE e fotodocumentados sob luz UV. Os produtos da amplificação foram codificados em uma matriz de dados binários para estimativa da similaridade genética, utilizando-se o coeficiente de Jaccard. A partir da matriz de similaridade genética foi feita a análise de agrupamento, com o auxílio do programa NTSYS-PC 2.10, utilizando como critério o método baseado na distância média (UPGMA). A partir do dendograma gerado observou-se a formação de cinco grupos, onde um deles é composto por dois subgrupos com aproximadamente 60% de similaridade. O subgrupo 1 foi subdividido em duas raízes, onde na primeira agruparam-se cinco linhagens (semi-rasteiras e rasteiras, sementes grandes, 2 sem/vg) e a cv. BR1. Na segunda, agruparam-se a cv. IAC Caiapó e uma única linhagem (ereta, sementes médias e 2 sem/vg). O subgrupo 2 foi formado por cinco linhagens segregantes (eretas e rasteiras, sementes médias, 2-3 sem/vg). Isoladamente a estes subgrupos encontram-se três linhagens segregantes, a cv. 55 437 e a *land race* LViPE-06. A partir desse agrupamento, as cinco linhagens que se agruparam com a BR 1 foram posteriormente analisadas quanto ao teor de óleo com fins de se identificar os materiais com percentual acima de 45% (média da BR 1). As análises foram realizadas por Ressonância Magnética Nuclear. Verificou-se que dentre elas, três apresentaram teor de óleo acima de 50%, cuja característica foi geneticamente herdada da LViPE-06 (média de 52%). Essas linhagens são, portanto, as mais promissoras para avançar no programa de melhoramento do amendoim do tipo Valência.

Suporte financeiro: Rede REPENSA/Embrapa/CNPq e CAPES

## Estruturação filogeográfica antiga e contemporânea em *Syagrus coronata* (Martius) Beccari

Souza, MCP<sup>1</sup>; Moura, FBP<sup>2</sup>; Silva, JV<sup>2</sup>; Almeida C<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Recursos Genéticos, *Campus* Arapiraca, UFAL, Arapiraca, Brasil; <sup>2</sup>Centro de Recuperação de Áreas Degradadas, UFAL, Brasil

cicerocarlos@hotmail.com

**Palavras-chave:** Filogeografia, cpDNA, ouricuri, biogeografia, evolução

*Syagrus coronata* (Mart) Becc. é uma palmeira nativa do Brasil, está distribuída do Norte de Minas gerais até o Sul de Pernambuco, nos biomas Mata Atlântica e Caatinga e possui elevada importância ecológica, social e econômica. Nestes biomas possuem diversas espécies vegetais endêmicas, as quais podem apresentar estruturação populacional resultante das mudanças climáticas que moldaram a paisagem natural, entretanto, não há estudos sobre a demografia de *S. coronata* nos biomas de ocorrência. Neste estudo foi analisada a estrutura filogeográfica da espécie nos biomas Caatinga e Mata Atlântica usando sequência do espaçador intergênico trnh-psba. Na construção da filogeográfica de *S. coronata* foram analisadas 181 sequências distribuídas em 10 localidades, que cobrem grande parte da extensão geográfica de ocorrência da espécie. As sequências foram editadas usando Mega 5.2 e alinhadas usando ClustalW implementado no Mega 5.2 A diversidade haplotípica ( $h$ ) e a diversidade de nucleotídeo ( $\pi$ ), testes de neutralidade de Tajima e Fu e Li para cada população, foram calculados utilizando o DnaSP 5.10.01. Uma rede de haplótipos foi construída usando árvore de máxima verossimilhança (ML) usando Mega 5.2 e o relacionamento entre os haplótipos foram visualizado usando Haploviewer. O melhor modelo ajustado de substituição foi obtido usando o programa jModelTest 2.1. e o modelo HKY foi utilizado para posterior inferência filogenética em uma análise Bayesiana, usando Beast v1.8.0. Para estimar o tempo do ancestral mais recente (milhões de anos), foi usada a taxa de mutação previamente estimada para regiões não codificantes de cloroplastos de monocotiledôneas de  $0,8 \pm 0,04 \times 10^{-3}$ , usando *Cocos nucifera* como grupo externo e uma análise espacial de variância molecular foi realizada usando o programa SAMOVA. Os resultados mostraram 13 haplótipos, sendo alguns haplótipos exclusivos dos biomas Caatinga e Mata Atlântica, enquanto outros estiveram distribuídos em ambos os biomas na região de contato. A rede de haplótipos e a árvore filogenética revelaram dois grandes grupos filogeográficos, representados por alelos predominantemente da Caatinga e o outro por alelos da Mata Atlântica. Uma análise de variância molecular espacial mostrou seis grupos associados com os biomas, apresentando elevada estruturação genética ( $F_{ST} = 0,680$ ,  $P < 0,0001$ ;  $F_{CT} = 0,679$ ,  $P < 0,0001$ ), com 69,97% da variação entre os grupos. Em decorrência da passagem entre os climas frio e seco na Mata Atlântica, com ciclos de expansão e retração das florestas, pode ter proporcionado repetidos eventos de vicariância, o que resultou na diferenciação genética destes grupos. O cenário mostra uma estruturação populacional antiga, possivelmente associada com os refúgios entre os biomas Mata Atlântica e Caatinga com aproximadamente 5 milhões de anos e uma estruturação recente devido à mistura entre as populações nas áreas de delimitação entre os biomas, possivelmente pelos eventos de expansão e retração da Mata atlântica.

Suporte Financeiro: CNPq e FAPEAL

## Base genética no banco de germoplasma de cana-de-açúcar das variedades República do Brasil (RB)

Silva, DC<sup>1</sup>; Almeida, C<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Recursos Genéticos, *Campus Arapiraca*, UFAL, Arapiraca, Brasil

*cicerocarlos@hotmail.com*

**Palavras-chave:** SSR, microssatélites, melhoramento, germoplasma, *Saccharum*

O Brasil é o maior produtor de cana-de-açúcar do mundo, com aumento do cultivo a partir da década de 70, devido a criação do programa brasileiro para produção de etanol e, na década de 90, a introdução dos veículos flexíveis no mercado brasileiro elevou em 60% a demanda do etanol. As principais variedades cultivadas no Brasil foram desenvolvidas pela rede interinstitucional de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro (RIDESA), denominadas de cultivares RB, que são utilizadas em 58,9% da área plantada no Brasil. Essas variedades foram obtidas com intercruzamentos entre genótipos no banco de germoplasma Serra do Ouro e sucessivos cruzamentos com genótipos aparentados podem ter elevado o nível de similaridade genética entre os principais parentais. O objetivo desse trabalho foi analisar a base genética do banco de germoplasma serra do ouro ao longo das últimas décadas, usando marcadores moleculares microssatélites. Análise genética, em 47 genótipos, foi realizada usando quatro marcadores microssatélites (Sc03, Sc05, Sc06 e Sc93), marcados com 6FAM e avaliados automaticamente no ABI 3500. Os quatro *loci* amplificaram um total de 90 alelos, variando em tamanho de 81-236 pb. O número de alelos em cada *locus* variou entre 17 e 27, com uma média total de 22,5 alelos. A similaridade genética entre as variedades, utilizando todos os marcadores, variou de 0,166 a 0,823 e análise de regressão mostrou um aumento linear na similaridade genética ao decorrer décadas, com aumento mais acentuado na década de 70. Os resultados permitem concluir que a similaridade genética tem aumentado ao longo das últimas décadas, sugerindo a introdução de novos genótipos nos cruzamentos com intuito de ampliar a base genética.

Suporte Financeiro: CNPq e FAPEAL

## Análise genes de referência associados com estresse hídrico em cana-de-açúcar

Silva, DC<sup>1</sup>; Terto, J<sup>1</sup>, Silva, JV<sup>2</sup>, Almeida, C<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratório de Recursos Genéticos, Universidade Federal de Alagoas, Brasil; <sup>2</sup>Laboratório de Fisiologia Vegetal, Universidade Federal de Alagoas, Brasil.

cicerocarlos@hotmail.com

**Palavras-chave:** Expressão gênica, estresse hídrico, gene de referência, *Saccharum*, melhoramento

A água é um componente fundamental para um bom desempenho produtivo, entretanto, nem sempre está disponível em uma quantidade satisfatória para o desenvolvimento das plantas. A cultura da Cana-de-açúcar é altamente importante, sendo o Brasil o maior produtor e exportador. No entanto, a pouca disponibilidade hídrica no Nordeste do país, tem limitado sua produção, exigindo o desenvolvimento de novas variedades tolerantes ao estresse hídrico. Estudos com expressão gênica têm sido constante, no entanto, não há análises que mostrem genes de referência para estudos de expressão gênica para estresse hídrico. O objetivo deste trabalho foi analisar a expressão gênica de potenciais genes para uso como referência em estudos com estresse hídrico. As cultivares RB72910, RB72454, foram cultivadas por 150 dias em campo. O material foi submetido a dois tratamentos: estresse hídrico (20% da capacidade de campo) e controle (capacidade de campo). O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com quatro repetições. Após 135 dias de crescimento vegetal, o estresse hídrico foi estabelecido por meio da suspensão da irrigação. Após 15 dias de estresse, foram coletadas folhas e a extração do RNA e síntese do cDNA foi realizada para cada repetição biológica e a análise de expressão realizada usando RT-PCR quantitativa. Para análise do estado fotossintético das plantas, foram obtidas a condutância estomática (A), taxas fotossintética (E) e transpiração (gs). Foram analisados os genes  $\alpha$ -Tubulina,  $\beta$ -Tubulina,  $\beta$ -Actina, Ciclofilina, Alongamento, GAPDH, Histona e Ubiquitina. A estabilidade dos genes candidatos foi avaliada por meio do pacote das metodologias geNorm, NormFinder e BestKeeper. Entre os genes candidatos, o GAPDH foi identificado com a maior estabilidade, sugerindo ser indicado para estudos de expressão gênica para estresse hídrico em cana-de-açúcar.

Suporte Financeiro: BNB

## Fatores de Transcrição: Diversidade e expressão diferencial em acessos contrastantes de feijão-caupi submetidos a estresse hídrico

Amorim, LLB<sup>1</sup>; Ferreira Neto, JR<sup>1</sup>; Kido, EA<sup>1</sup>; Bezerra-Neto, JP<sup>1</sup>; Santos, MG<sup>1</sup>; Benko-Iseppon, AM<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Pernambuco-UFPE, Recife-PE, Brasil.

lidiane.amorim@gmail.com

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, fator de transcrição, estresse abiótico.

O feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] é uma importante fonte alimentar nas regiões Norte e Nordeste do Brasil. A estabilidade de seu cultivo tem sido constantemente ameaçada devido à seca, estresse abiótico de ocorrência comum nessas regiões. Com isso, o objetivo deste trabalho foi a identificação de transcritos diferencialmente expressos e que codificam fatores de transcrição responsivos à desidratação radicular, envolvendo as classes bZIP, GATA, GRAS e ARF. Após realização de ensaio com genótipos contrastantes (Pingo de Ouro, tolerante & Santo Inácio, sensível), RNAs totais foram extraídos e usados na geração de bibliotecas SuperSAGE (Super Serial Analysis of Gene Expression), sendo uma biblioteca controle e outra com um *bulk* dos tempos de estresse aplicados (25, 50, 75, 100 e 150 min) para cada genótipo. Os transcritos (denominados de unitags) foram anotados via BLASTn contra sequências de ESTs (Etiquetas de Sequências Expressas) oriundas de bancos públicos (*GenBank* e *Phytozome*), considerando-se um escore mínimo de 42 e alinhamentos do tipo plus/plus. As buscas usando palavras-chave nas anotações das *unitags* de feijão-caupi resultaram em 77 unitags da família bZIP, 06 GATA, 07 GRAS e 23 ARF diferencialmente expressas em ao menos um genótipo. Das unitags superexpressas somente no genótipo tolerante, 19 foram bZIP, 03 GATA, 04 GRAS e 07 ARF. Com base nos dados de expressão, foi possível a proposição de seis pares de *primers* para validação por PCR Quantitativa em Tempo Real, etapa que está se iniciando na pesquisa. As análises *in silico* permitiram identificar fatores de transcrição potencialmente úteis no melhoramento genético do feijão-caupi, visando a uma maior adaptabilidade dessa cultura à seca.

Apoio financeiro: CNPq, FACEPE, CAPES e Embrapa Macroprograma 2.



## DESEMPENHO DE UMA LINHAGEM DE GERGELIM CULTIVADA EM DIFERENTES CONFIGURAÇÕES DE PLANTIO

João Victor Ferreira Mota<sup>1</sup>; Renato Costa da Silva<sup>1</sup>; Cássia de Souza Simões<sup>1</sup>; Amanda Micheline Amador de Lucena<sup>2</sup>; Nair Helena Castro Arriel<sup>3</sup>; Fabio Aquino de Albuquerque<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Estagiário da Embrapa Algodão Rua Osvaldo Cruz, 1143, Centenário, Campina Grande-PB, Brasil, 58.107-720; <sup>2</sup>Pós doutoranda CNPq/Embrapa; <sup>3</sup>Pesquisador da Embrapa Algodão

jonhfm@gmail.com

**Palavras-chave:** *Sesamun indicum* L, produtividade, melhoramento, edafoclimáticas, potencial econômico.

O gergelim (*Sesamun indicum* L.) é uma opção de cultivo rentável que apresenta potencial econômico para exportação no mercado nacional e internacional. É uma cultura tradicionalmente explorada em pequenas e médias propriedades agrícolas nordestinas por apresentar tolerância à seca, de fácil cultivo e ampla adaptabilidade às condições edafoclimáticas. A Embrapa Algodão tem desenvolvido o programa de melhoramento do gergelim no qual foram gerados várias cultivares e atualmente tem trabalhado nessa linha de pesquisa contemplando principalmente três segmentos: identificando materiais produtivos pelas próprias características do que se tem na coleção, fazendo o cruzamento dos melhores materiais para que se possa agregar características agronomicamente adequadas e identificando nesses genótipos características que possam elevar a produtividade na cultura. Quando um genótipo é cultivado em diferentes configurações de plantio, o melhorista tem a possibilidade avaliar a influência da densidade de plantio na expressão de sua produção. Diante disso Com este trabalho objetivou-se avaliar o efeito do espaçamento entre linhas e da densidade de plantas por metro linear nos componentes de produção da linhagem de gergelim SH30, genótipo em processo de seleção oriunda dos ensaios de Avaliação de linhagens Avançadas do Programa de Melhoramento do Gergelim da Embrapa Algodão. O ensaio foi conduzido nos meses de outubro à Janeiro 2013/2014, na Estação Experimental da Emparn em APODI-RN (05° 39 S, 37° 47' W e altitude de 67 m). Foram testados quatro espaçamentos entre linhas (0,45, 0,60, 0,75 e 0,90 m) e duas populações de plantas (5 e 10 plantas/metro) em 4 repetições. Os tratamentos correspondem a configurações com populações de planta variando de 55 a 222 mil plantas por hectare. Ao completar o ciclo de maturação, as plantas foram avaliadas quanto à altura da planta (ATL), altura de inserção do primeiro fruto (AIF) número de frutos por planta (NFP), comprimento do Fruto (CF) e rendimento de sementes. Os dados foram analisados no programa GENES e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 1% de probabilidade. Não foi constatada diferença significativa entre os tratamentos, considerando as variáveis: Altura de planta (168,12 cm); Altura de inserção do 1º fruto (63,5 cm) e comprimento do fruto (3,61 cm). Enquanto as variáveis: número de fruto por planta e rendimento de sementes apresentaram significância em relação as diferentes configurações de plantio. O maior número de frutos por planta (265) foi observado na configuração de plantio de 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre plantas que corresponde a uma população de 55 mil plantas por hectare, que diferiu apenas do valor médio da configuração de plantio em que o espaçamento foi de 0,45 m entre linhas e 0,10 m entre plantas, porém esta configuração, que corresponde a 222 mil plantas por hectare, foi a que apresentou a maior estimativa de produtividade (4073,33 Kg de rendimento de sementes). Portanto, nessas condições o maior número de plantas por hectare compensou o menor número de frutos observado na menor configuração de plantio.

Apoio: Embrapa Algodão, CNPq.

## Expressão Diferencial de Genes Relacionados à Tolerância ao Estresse Salino (NaCl) em Arroz Vermelho (*Oryza sativa* L.)

Costa, CP<sup>1</sup>; Guedes da Silva FC<sup>1</sup>; Llamoca-Zárate, RM<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> Departamento de Biologia Molecular, CCEN, UFPB, João Pessoa, PB

llamazaro@dbm.ufpb.br

**Palavras-chave:** Arroz vermelho, Estresse salino, Expressão gênica, Metabolismo iônico

O arroz (*Oryza sativa* L.) vermelho na região do Nordeste do Brasil tem grande importância sócio-econômica, além de ser um alimento integral e funcional associado à produção de compostos antioxidantes. Este grão apresenta alta variabilidade genética e genes de resistência a fatores bióticos e abióticos. Entretanto, o seu cultivo é suscetível ao excesso de sais no solo. Neste contexto, o presente trabalho tem como objetivo estudar a expressão relativa de genes associados ao estresse salino – *OsHKT1;5*, *OsCIPK24*, *OsSOS1* e *OsNHX1* – em duas variedades de arroz vermelho previamente selecionado como tolerante e suscetível ao estresse salino. As plântulas foram mantidas em sistema de cultivo hidropônico (IRRI) por 21 dias e em seguida submetidas a tratamento de estresse salino por 6 dias, o qual constou das concentrações de 0 e 100 mM de NaCl. Após o período de tratamento as folhas antigas e jovens foram separadas e imediatamente maceradas em nitrogênio líquido. Procedeu-se em seguida à extração e análise da qualidade do RNA total, seguida da reação de PCR de transcrição reversa e reação de PCR quantitativa. Os dados gerados pela reação de qPCR foram analisados através do método de análise de expressão relativa do C<sub>q</sub> comparativo ( $2^{-\Delta\Delta C_q}$ ) com a utilização do gene de referência *OsUBQ5*. Foi observado comportamento diferencial nas expressões relativas médias dos quatro genes analisados entre as variedades de arroz vermelho tolerante e suscetível no tratamento salino. Estas diferenças de expressão, nas folhas jovens foram provenientes dos genes *OsCIPK24* e *OsHKT1;5*, já nas folhas antigas estas diferenças foram determinadas para os genes *OsSOS1* e *OsCIPK24*. O gene *OsNHX1* não apresentou expressão diferencial entre as variedades tolerante e suscetível, apresentando, entretanto aumento da expressão relativa nas folhas antigas quando comparadas às folhas jovens. A classificação das variedades tolerante e suscetível permitiu a identificação de diferenças na expressão de genes relacionados ao estresse salino, contribuindo para elucidar os mecanismos que levam à diferença no nível de tolerância à salinidade destas variedades de arroz vermelho.

Apoio Financeiro: CNPq