

ISSN 1678-9644
Dezembro, 2017

*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Arroz e Feijão
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*

Documentos 316

11º Seminário Jovens Talentos Coletânea dos Resumos Apresentados

20 a 21 de junho de 2017

Flávio Breseghello
Editor Técnico

Embrapa Arroz e Feijão
Santo Antônio de Goiás, GO
2017

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Arroz e Feijão

Rodovia GO-462, Km 12, Zona Rural
Caixa Postal 179
75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO
Fone: (62) 3533 2105
Fax: (62) 3533 2100
www.embrapa.br/fale-conosco/sac/
www.embrapa.br

Comitê Local de Publicações

Presidente: *Lineu Alberto Domiti*
Secretário-executivo: *Pedro Marques da Silveira*
Membros: *Aluísio Goulart Silva*
Ana Lúcia Delalibera de Faria
Elcio Perpétuo Guimarães
Luciene Fróes Camarano de Oliveira
Luís Fernando Stone
Márcia Gonzaga de Castro Oliveira
Roselene de Queiroz Chaves

Supervisor editorial: *Luiz Roberto Rocha da Silva*
Ficha catalográfica: *Riquelma de Sousa de Jesus*
Editoração eletrônica: *Fabiano Severino*

1ª edição

On-line (2017)

Todos os direitos reservados.

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Arroz e Feijão**

Seminário Jovens Talentos (11. : 2017 : Santo Antônio de Goiás, GO).

Coletânea dos resumos apresentados / XI Seminário Jovens Talentos, Santo Antônio de Goiás, GO, 20 a 21 de junho de 2017 ; editor técnico, Flávio Breseghello. – Santo Antônio de Goiás : Embrapa Arroz e Feijão, 2017. 107 p. - (Documentos / Embrapa Arroz e Feijão, ISSN 1678-9644 ; 316).

1. Iniciação científica. 2. Pesquisa. I. Breseghello, Flávio. II. Título. III. Embrapa Arroz e Feijão. IV. Série.

CDD 001.44 (21. ed.)

© Embrapa 2017

Editores

Flávio Breseghello

Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Adriano Stephan Nascente

Engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Fábio Fernandes Nolêto

Designer gráfico, graduado em Gerenciamento de Projetos, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

José Alexandre Freitas Barrigossi

Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Marta Cristina Corsi de Filippi

Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Patrícia Barcelos Félix de Menezes

Relações Públicas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Paula Pereira Torga

Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Sebastião José de Araújo

Técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Tereza Cristina de Oliveira Borba

Engenheira de Alimentos, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Agradecimentos

A comissão organizadora agradece aos palestrantes convidados, Professor Albenones José de Mesquita, Diretor Científico da Fapeg, e Professora Maria Clorinda Soares Fioravanti, Pró-Reitora de Pesquisa e Inovação da UFG, por contribuírem para o engrandecimento do evento e inspirarem a nova geração de pesquisadores com suas experiências e visão. Agradecemos também às empresas patrocinadoras, Unipasto, RiceTec, Stoller e Veritas, cujo apoio foi fundamental para a realização deste evento.

Flávio Breseghello
Presidente da Comissão Organizadora

Apresentação

O Seminário Jovens Talentos é o evento anual de iniciação científica da Embrapa Arroz e Feijão, no qual todos os bolsistas e estagiários atuantes na instituição apresentam seus trabalhos.

Em sua 11^a edição, o seminário foi composto pela apresentação de 84 trabalhos, sendo 37 de estudantes de graduação e 47 de estudantes de pós-graduação. Dentre os resumos submetidos, 18 foram selecionados para apresentação oral e os demais foram apresentados em forma de pôster. Todos os trabalhos apresentados, tanto orais quanto pôsteres, foram avaliados por um painel de pesquisadores e os melhores trabalhos foram premiados.

Eventos como o Seminário Jovens Talentos têm um grande impacto motivacional sobre a nova geração de pesquisadores e faz aflorar novas vocações para a ciência em prol do desenvolvimento do Brasil.

Comissão Organizadora

Sumário

O conteúdo e a redação dos trabalhos aqui publicados são de inteira responsabilidade dos autores.

APRESENTAÇÃO ORAL

Graduação

1º Colocado

Comparação da produção de conídios de isolados de *Isaria javanica* em arroz parboilizado .. 15

2º Colocado

Diversidade de artrópodes-praga e inimigos naturais em lavouras de arroz irrigado 16

3º Colocado

Germinação *in vitro* de sementes de acessos de arroz em diferentes concentrações de meio MS e ácido giberélico..... 17

Seleção de famílias de arroz de terras altas para tolerância à deficiência hídrica..... 18

Uma alternativa à análise espectrofotométrica: utilização de aplicativo de 19 para determinação de amônia volatilizada 19

Actinomicetos no controle dos principais patógenos da cultura do arroz 20

Seleção de cultivares de feijão-comum carioca precoces, com alta produtividade e qualidade comercial dos grãos..... 21

Caracterização morfoagronômica de recursos genéticos de arroz aromático tipo basmati para utilização no melhoramento genético 22

Avaliação para rendimento de grãos e características fenológicas visando o desenvolvimento de linhagens elite de arroz de terras altas 23

Pós-Graduação

1º Colocado

Superexpressão do gene *PLD α 1* para aumento da tolerância à deficiência hídrica da cultivar de arroz BRSMG Curinga 27

2º Colocado

Caracterização climática da região produtora de arroz irrigado tropical..... 28

3º Colocado

Integrando modelos mistos, variáveis ambientais e regressão PLS no estudo dos efeitos G + GE em ensaios de VCU em arroz de terras altas 29

Interação de genótipos com ambientes para qualidade comercial de grãos e produtividade em linhagens de feijão-comum do tipo carioca..... 30

Seleção para alogamia em populações de arroz irrigado 31

Nível de dano econômico para *Tibraca limbativentris* (Hemiptera: Pentatomidae) em arroz irrigado, baseado em insetos-dia 32

Investigando as diferentes formas de aplicação das bactérias *Pseudomonas fluorescens* e *Burkholderia pyrrocinia* na eficiência da supressão da brusone do arroz 33

Estimativa de parâmetros genéticos e seleção de linhagens de feijão-comum com grãos pretos resistentes à murcha-de-fusário.....	34
Relações entre bioindicadores de qualidade e fungos habitantes do solo em sistemas de integração lavoura-pecuária	35
Alterações na porosidade, na densidade e na condutividade hidráulica de um Gleissolo Háplico sob arroz irrigado por inundação.....	36

APRESENTAÇÃO EM PÔSTER

Graduação

1º Colocado

Ciclo de vida do percevejo <i>Mecidea</i> sp. (Heteroptera: Pentatomidae) alimentado com panículas de arroz	41
Avaliação do antagonismo de <i>Magnaporthe oryzae</i> por metabólitos bacterianos	42
Diversidade de artrópodes-praga e inimigos naturais em lavouras de arroz de terras altas....	43
Avaliação de linhagens elite de pericarpo preto para o desenvolvimento de novas cultivares de arroz especial	44
Cultivo e extração de DNA de isolados do agente etiológico da brusone do arroz.....	45
Tendências e projeções da temperatura do ar no Estado de Goiás.....	46
Desempenho produtivo da cultivar de feijão BRS Esteio em unidades demonstrativas na região Centro-Sul do Paraná, 2015/2016	47
Suscetibilidade de ovos e ninfas de <i>Bemisia tabaci</i> a inseticidas químicos.....	48
Avaliação da produtividade de grãos em arroz (<i>Oryza sativa</i>) geneticamente modificado, cultivado em dois níveis de fertilidade do solo	49
Avaliação da porcentagem de germinação em sementes recém-colhidas de quatro cultivares de arroz irrigado	50
Lâmina de água para o feijoeiro em Cristalina, GO	51
Desenvolvimento de plantas de arroz de terras altas afetado por <i>Azospirillum</i> spp.	52
Screening de acessos de arroz de terras altas para eficiência de absorção/assimilação de N-NO ₃ ⁻	53
Desempenho agrônomico de linhagens de arroz irrigado em ensaios de VCU para tipos especiais	54
Comparação de métodos para quantificação de matéria orgânica do solo.....	55
Seleção assistida para o QTL Pup1 para tolerância à deficiência de fósforo em progênies da população base CNA9	56
Multiplicação e avaliação de germoplasma de <i>Gossypium mustelinum</i> , incluindo uma população extinta <i>in situ</i> , e <i>G. barbadense</i>	57
Caracterização de linhagens elite de feijão carioca quanto à reação ao mofo-branco em campo e em ambiente controlado	58
Potencial genético de genótipos para características agrônomicas e qualidade de grãos de feijão-comum.....	59
Maturação de linhagens de amendoim tipo Runner precoces	60
Superexpressão e silenciamento de gene de arroz envolvido na tolerância à brusone: prova de conceito	61
Plantas infestantes de algodão e plantas daninhas em sistemas de produção no Cerrado	62
Avaliação dos componentes de produtividade em acessos de feijão-comum do pool gênico mesoamericano, cultivado sob deficiência hídrica em campo.....	63
Validação de marcadores moleculares e seleção assistida do gene FGR para presença de aroma em arroz	64
Eficiência da seleção de plantas de arroz geneticamente modificado pelo herbicida glufosinato de amônia por meio da análise de PCR.....	65
Impacto do uso de diferentes fontes de N sintético sobre a emissão de gás de efeito estufa e a produtividade do feijoeiro	66
Clonagem e análise de variabilidade de <i>Bean golden mosaic virus</i> , no Estado de Goiás	67
Produção e caracterização nutricional de <i>tempeh</i> a partir de feijão branco (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	68

Pós-Graduação

1º Colocado

Estrutura das comunidades <i>Fungi</i> e <i>Bacteria</i> em solos sob sistemas de integração lavoura-pecuária	71
Supressão da brusone nas panículas de arroz de terras altas com o uso de micronutrientes indutores de resistência	72
Utilização do feijão-comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) na elaboração de <i>tempeh</i>	73
Supressão da brusone foliar a partir de diferentes formas de aplicação do agente biológico <i>Cladosporium</i> sp.	74
Caracterização genética por modelos mistos de uma população de linhas puras recombinantes de arroz irrigado	75
Resistência constitutiva em diferentes acessos de arroz à <i>Diatraea saccharalis</i> (Fabricius) (Lepidoptera: Crambidae)	76
Identificação de marcadores SNPs associados à tolerância à deficiência hídrica em arroz por meio de sequenciamento de DNA por captura (CaptureSeq).....	77
Caracterização de isolados de <i>Xanthomonas</i> patogênicos ao feijão-comum no Brasil	78
Desenvolvimento de uma Coleção Nuclear Base de Arroz	79
Efeito da micorriza na resistência à brusone em duas cultivares de arroz.....	80
Análise de QTLs do cruzamento IRAT 122 (<i>japonica</i>) x Araguaia (<i>japonica</i>).....	81
A eficácia da política de garantia de preços mínimos no Brasil.....	82
Avaliação da expressão de genes candidatos para tolerância à deficiência hídrica em arroz de terras altas na plataforma de fenotipagem SITIS.....	83
Metodologia para detecção rápida de resistência de <i>Trichoderma</i> spp. ao fungicida Carbendazim. Qualidade física e culinária de grãos especiais do tipo aromático	84
Estimação do progresso genético em população de seleção recorrente de feijão-comum de grãos tipo carioca.....	85
Método GGE-GIS: adaptação e recomendação de cultivares via mapas e covariáveis ambientais	86
Atividade inseticida de óleos essenciais in natura e nanoencapsulados sobre <i>Bemisia tabaci</i> (Hemiptera: Aleyrodidae)	87
Adaptação de isolados mutantes de <i>Magnaporthe oryzae</i> resistentes ao fungicida azoxistrobina (G143A) associados a lavouras de arroz no Brasil.....	88
Voláteis emitidos por plantas de arroz sadias e danificadas por <i>Tibraca limbativentris</i> Stal. e <i>Glypheidomyces spinosa</i> Campos & Grazia.....	89
O escurecimento de grãos em feijão-comum com diferentes origens é controlado pelo mesmo gene?	90
Características morfofisiológicas e produtividade de arroz irrigado afetadas por épocas e sítios	91
Análise comparativa para a produtividade em arroz por populações segregantes de Epagri 108 x Irat 122 avançadas por Bulk e SSD	92
Ajuste de escalas de classificação de arroz cozido para avaliação de pegajosidade e dureza	93
Avaliação do efeito e diferentes doses e formas de aplicação do inoculante no feijão-comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	94
Determinação da relação ótima entre carbono e nitrogênio para o cultivo da linhagem <i>Pseudomonas fluorescens</i> (BRM 32111)	95
Identificação molecular das espécies de mosca-branca <i>Bemisia tabaci</i> Gennadius (1889) de diferentes regiões agrícolas do Brasil.....	96
Desenvolvimento de kits moleculares para a identificação do transgene que confere resistência ao <i>Bean golden mosaic virus</i> (BGMV) em genótipos de feijão	97
Uso de aplicativo para smartphones na análise de solo: classificação e análise granulométrica do solo	98
Fluxos de N ₂ O na cultura do arroz irrigado em razão de novas fontes de fertilizante nitrogenado aplicadas em cobertura	99
Uso de microcosmo para avaliar o controle da podridão radicular seca do feijão-comum em ambiente representativo da doença.....	100
Avaliação do uso de linhagens mutantes de <i>Trichoderma harzianum</i> Aquo e Δ Epl-1 no crescimento do feijão-comum (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.)	101
Seleção de progênies de feijão RMD com resistência múltipla a viroses	102
	103

Emissão de N ₂ O oriundo do uso de diferentes fontes de N em sistema de produção de arroz de sequeiro	104
Teste de alelismo para resistência à antracnose entre as cultivares de feijão carioca BRS Horizonte e BRS Cometa	105
Perfil de assimilação de fontes de carbono por <i>Trichoderma</i> spp.	106
Resposta fisiológica de plantas de arroz de terras altas induzidas por <i>Trichoderma asperellum</i> durante supressão de brusone foliar.....	107

APRESENTAÇÃO ORAL

Graduação

Comparação da produção de conídios de isolados de *Isaria javanica* em arroz parboilizado

Priscilla Monteiro dos Santos¹, Lara Leal Figueiredo², Gabriel Moura Mascarin³, Eliane Dias Quintela⁴

O potencial epizootico do fungo *Isaria javanica* em populações de mosca-branca, *Bemisia tabaci*, tem limitado o crescimento populacional dessa praga e tem encorajado o desenvolvimento comercial desse microrganismo como agente de biocontrole. Vários isolados de *I. javanica*, coletados de ninfas e adultos de *B. tabaci* em nível epizootico, deram excelentes resultados de controle para ninfas em experimentos conduzidos na Embrapa Arroz e Feijão. Para a produção em grande escala é importante que o isolado do fungo produza grande quantidade de conídios em menor quantidade de substrato. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi comparar a produção de conídios de três isolados de *I. javanica* CG 1282; CG 1284; CG 1283, selecionados como os mais virulentos a ninfas de *B. tabaci*. Sacolas de polietileno contendo 200 g de arroz úmido foram autoclavadas a 120 °C, por 30 min. Após esfriar, 20 mL de uma suspensão fúngica foram inoculados em 200 g de arroz para fornecer 5×10^6 conídios/g de arroz, com a sacola sendo agitada manualmente para homogeneizar os conídios na massa. As sacolas foram incubadas em B.O.D (câmara incubadora) a 26 °C por sete dias. Para cada isolado, foram utilizadas três sacolas contendo 200 g de arroz. Após a incubação, foram retiradas quatro amostras de 1 g de arroz mais fungo por sacola, que foram pesadas em tubos tipo Falcon de 45 mL. Utilizou-se solução de Silwet a 0,05% para lavar o arroz e extrair os conídios. Os tubos foram agitados por cinco minutos em vortex. Após diluições decimais, a contagem dos conídios foi realizada em câmara de Neubauer. O experimento foi repetido no tempo utilizando a mesma metodologia descrita acima. Outro experimento foi conduzido utilizando frascos de Erlenmeyer de 1000 mL, contendo 200 g de arroz úmido que foram vedados com rolhas de algodão cobertas por alumínio. Os frascos foram incubados em B.O.D a 26 °C por sete dias. Demais procedimentos experimentais foram semelhantes aos descritos acima. Em sacolas de polietileno, o isolado CG 1284 produziu significativamente mais conídios que o isolado CG 1283, em média $2,51$ e $1,65 \times 10^9$ conídios/g de arroz, respectivamente. Não foi observada diferença na produção de conídios para o CG 1282 em comparação aos outros dois isolados. Em frascos de Erlenmeyer, o isolado CG 1282 produziu mais conídios que os isolados CG 1284 e CG 1283, com uma média de $1,2 \times 10^{10}$ conídios/g de arroz, em comparação a $3,2 \times 10^9$ e $1,7 \times 10^9$, respectivamente. De forma geral, a produção de conídios de *I. javanica* foi maior em frascos de Erlenmeyer, em comparação às sacolas de polietileno. Estes resultados indicam que o CG 1282 e 1284 são promissores como bioinseticidas, embora outros fatores devam ser considerados quanto à seleção do isolado para produção comercial, como virulência a adultos, persistência no ambiente e capacidade de causar epizootias em populações de mosca-branca.

¹ Graduada em Ciências Biológicas, Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscillamonteiro38@gmail.com

² Mestranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, laraleal.agro@hotmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Entomologia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gabriel.mascarin@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, eliane.quintela@embrapa.br

Diversidade de artrópodes-praga e inimigos naturais em lavouras de arroz irrigado

Wellington Rodrigues de Abreu¹, Guilherme Carlos Brandão², José Alexandre de Freitas Barrigossi³

Os artrópodes são de grande importância para o arroz cultivado em qualquer ambiente de cultivo. O manejo integrado de pragas apoia-se na premissa de que nem todos os insetos fitófagos requerem controle. Em alguns níveis as pragas são toleráveis. O conhecimento das espécies pragas, dos inimigos naturais e de outros organismos associados, é essencial para iniciar o programa de manejo integrado de pragas da cultura. O objetivo deste trabalho foi monitorar e identificar os artrópodes-praga e seus inimigos naturais na cultura do arroz em ambiente irrigado. O estudo foi conduzido no ano agrícola de 2016/2017, na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão, em Goianira, GO. O monitoramento dos artrópodes na parte aérea das plantas foi realizado em quatro lavouras, iniciando aos 35 dias após a emergência, estendendo-se até próximo da colheita. As amostragens foram realizadas com rede entomológica (dez amostras de dez golpes de rede em cada amostragem). O percevejo do colmo foi amostrado contando os indivíduos presentes com um quadro de 0,25 x 0,25 m. Os artrópodes coletados em cada ponto eram colocados em sacos plásticos e, posteriormente, levados para o laboratório, onde foi realizada a triagem e a identificação das espécies. Em seguida, foram quantificados e agrupados em três categorias funcionais: fitófagos-praga, inimigos naturais e outros artrópodes (aqueles indivíduos que não foram considerados nem pragas nem inimigos naturais ou não puderam ser identificados). Os dados foram submetidos à análise estatística descritiva, determinando a média, variância, desvio padrão e faixa de ocorrência. Os artrópodes que predominaram nas amostragens pertencem às classes Insecta e Araneae e suas frequências de ocorrência variaram com o estágio de desenvolvimento da cultura. Da emergência até o início do perfilhamento, predominaram as cigarrinhas verdes (Cicadellidae) cuja média de indivíduos por dez batidas de rede variou de $3,7 \pm 0,6$ a $30,2 \pm 7,5$. Outro grupo de insetos frequente foi o da Ordem Orthoptera, representada pelas famílias Tettigonidae e Acrididae. Os Tettigonídeos, cuja população ultrapassou 15 indivíduos por dez batidas de rede, alimentam-se das folhas das plantas de arroz, causando redução da área foliar fotossinteticamente ativa. As demais espécies fitófagas ocorreram em baixa intensidade e frequência, inclusive o percevejo do colmo (*Tibraca limbativentris*), cuja incidência é frequentemente alta. O que surpreendeu foi o percevejo *Oebalus poecilus*, que ocorreu em todas as amostragens. *O. poecilus* é uma espécie que ocupa a lavoura de arroz preferencialmente a partir da floração das plantas. A ocupação da lavoura antes do esperado pode se dever à presença de plantas daninhas hospedeiras dentro da lavoura, especialmente o capim arroz (*Echinochloa* sp.) e à dispersão dos insetos de áreas recém-colhidas para as áreas amostradas. O número médio de *O. poecilus* por amostra variou de $1,9 \pm 0,7$ a $59,8 \pm 6,9$. Quanto aos inimigos naturais, os predadores predominantes foram os tesourinhas, joaninhas, himenópteros e aranhas, e dos parasitoides ocorreram muitas espécies pertencentes às famílias Diptera e Hymenoptera, que ainda não pudemos identificar em nível de espécie. Uma consideração importante é que, nas condições em que as lavouras monitoradas foram conduzidas, sem os distúrbios causados pelos inseticidas, as populações de inimigos naturais foram suficientes para manter sob controle a maioria das populações de pragas. Em tais condições, aplicações de inseticidas frequentemente são desnecessárias. Neste caso, apenas a população de *O. poecilus* atingiu o nível de controle. Vale ressaltar que este estudo foi conduzido em um único cultivo, sendo necessário replicá-lo em diferentes locais e cultivos.

¹ Graduando em Engenharia Agrônoma, UniEvangélica - Centro Universitário de Anápolis, bolsista do CNPq/PIBIC na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, welinton151@hotmail.com

² Graduando em Engenharia Agrônoma, UniEvangélica - Centro Universitário de Anápolis, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, guiga425@gmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.barrigossi@embrapa.br

Germinação *in vitro* de sementes de acessos de arroz em diferentes concentrações de meio MS e ácido giberélico

Bruna Ferreira Martins¹, Aluana Gonçalves de Abreu², Paulo Hideo Nakano Range³, Sergio Tadeu Sibov⁴

Os recursos genéticos vegetais são constituídos por plantas que possuem interesses socioeconômicos e que atendem às necessidades da humanidade, sendo primordial conservá-los. Uma das maneiras de conservar essa riqueza genética é armazená-los em bancos de germoplasma. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Arroz é constituído atualmente por 27.006 amostras de sementes dessa cultura, e conta com o auxílio do Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, para recuperar os acessos de arroz com baixo poder germinativo e que não germinaram em campo durante a multiplicação. Visando a melhoria do processo da cultura de tecidos do BAG Arroz para resgate de embrião, o presente trabalho teve como objetivo verificar a influência de diferentes concentrações de meio de cultura (MS) e ácido giberélico (GA_3), na germinação *in vitro* de acessos da espécie *Oryza sativa*, utilizando semente inteira ou apenas embrião. O trabalho foi conduzido em duas etapas. Na primeira, os tratamentos consistiram na utilização da semente inteira ou apenas o embrião, colocados para germinar *in vitro*, em condições assépticas, utilizando três concentrações dos macronutrientes do meio MS: concentração normal (MS), com metade da concentração ($MS_{1/2}$) e com um quarto da concentração de macronutrientes ($MS_{1/4}$). Na segunda etapa os tratamentos consistiram no uso de cinco níveis de concentração de GA_3 (0, 1, 10, 50, e 100 mg L⁻¹) diluídos em etanol e inseridos em meio MS, em condições assépticas. O trabalho foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais da Universidade Federal de Goiás e no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais do BAG Arroz da Embrapa Arroz e Feijão. Foram utilizadas 330 sementes de cada um dos cinco acessos que apresentassem taxa de germinação (TG) abaixo de 50%: BGA 005286 (TG 46%), BGA 013135 (TG 26%), BGA 013860 (TG 12%), BGA 005240 (TG 10%) e BGA 011567 (TG 24%). A taxa de germinação foi estimada a partir de 50 sementes de cada acesso, colocadas em placas de petri com água destilada e armazenadas em germinador durante sete dias até a data de contagem. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, composto de seis tratamentos e seis repetições para a primeira etapa e cinco tratamentos e seis repetições para a segunda. A análise de variância (ANOVA) foi realizada utilizando o software Genes e o teste de Tukey, a 5% de probabilidade, foi usado para comparar as médias dos tratamentos. Não houve diferença significativa entre as médias dos acessos BGA013860, BGA013135, BGA005240 e BGA011567, tanto variando a concentração do meio quanto semente e embrião. Para o acesso BGA005286, houve diferença significativa entre as médias dos tratamentos do embrião com meio $MS_{1/4}$, em relação ao embrião com concentração de meio MS. Referente aos níveis de GA_3 , houve diferença significativa entre as médias de todos os acessos dos tratamentos 0, 1, e 10 mg L⁻¹ em relação ao tratamento 100 mg L⁻¹ de GA_3 . Concluiu-se que retirar o embrião da semente não representa melhoria no processo de resgate de embrião. Diferentes concentrações de meio MS não interferem na germinação, podendo utilizar o que possui menor custo e concentrações menores de GA_3 , e não interferiram na germinação em sementes de arroz, entretanto, altas concentrações possuem efeito inibitório e tóxico.

¹ Graduanda em Ciências Biológicas, Centro Universitário de Goiás da Uni-Anhanguera, estagiária na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, biofmartins@gmail.com

² Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br

⁴ Biólogo, doutor em Genética e Biologia Molecular, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, stisibov@gmail.com

Seleção de famílias de arroz de terras altas para tolerância à deficiência hídrica

Adriano Castro Silva¹, Sandy Silva Soares², Orlando Peixoto de Moraes³, Adriano Pereira de Castro⁴

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma gramínea de suma importância na economia e na alimentação do brasileiro, sendo também cultivado e consumido em todo o mundo. A maioria dos países produtores do grão não tem disponibilidade de novas áreas para o crescimento da área cultivada, portanto, há que se aumentar a produtividade para atender o crescente consumo. Em condições de terras altas, o déficit hídrico é tido como a maior ameaça climática, isto porque na estação chuvosa, de outubro a abril, há grande probabilidade de ocorrência de períodos de estiagem que afetam a produtividade dos grãos. A ocorrência do estresse, normalmente conhecido como veranico, causa uma série de problemas que afetam de maneira significativa o desenvolvimento da planta e a produtividade. As principais consequências diretas são o atraso no florescimento com consequente aumento do ciclo da cultura, a má exsurgência de panículas, a má formação dos grãos com massa média inferior, a morte de tecidos foliares, a esterilidade de espiguetas com consequente menor porcentagem de espiguetas férteis e a redução de produtividade. O programa de melhoramento do arroz de terras altas da Embrapa tem trabalhado com o incremento da tolerância ao estresse hídrico em arroz desde 2004. Entretanto, apesar dos progressos já alcançados, há necessidade de um trabalho contínuo no desenvolvimento de novas linhagens promissoras. O objetivo deste trabalho foi avaliar o ensaio de rendimento de famílias (ERF) visando à seleção de famílias com destacada tolerância à deficiência hídrica. O ERF para tolerância à deficiência hídrica é oriundo dos primeiros cruzamentos realizados pelo programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa específico para essa característica. O ERF é composto por famílias $F_{2:4}$ e se caracteriza por ensaios com repetições e avaliação de rendimento de grãos. Além de rendimento, foram avaliados dias para o florescimento, altura de planta, número de espiguetas férteis e estéreis, esterilidade e resposta geral à deficiência hídrica. As famílias selecionadas além de comporem o viveiro de seleção para tolerância à seca (VS2) são utilizadas como genitores em novos cruzamentos. O experimento foi conduzido na estação seca, em tratamento hídrico restritivo, com estresse, no sítio de fenotipagem para tolerância à deficiência hídrica, na estação experimental da Emater, em Porangatu, GO, no ano agrícola de 2016. O ERF foi composto por 57 famílias $F_{2:4}$ e sete testemunhas. O delineamento experimental utilizado foi o látice quadrado 8 x 8 com três repetições. As parcelas foram constituídas de quatro linhas de 4 m, com espaçamento de 0,3 m e densidade de semeadura de 60 sementes por metro. A submissão do ensaio ao estresse por deficiência hídrica iniciou após 45 dias da emergência. O estresse foi provocado pela redução de 50% da lâmina de irrigação aplicada a experimentos controle, sem deficiência hídrica. De acordo com experiências anteriores, esse nível de estresse deve causar redução da produção média em 50% a 70%, dependendo das condições atmosféricas. A irrigação foi feita com uma barra irrigadora com controle eletrônico de velocidade e de lâmina de água. Após a análise estatística dos dados, obteve-se uma acurácia de 0,9367, indicando boa precisão experimental. A média geral do ensaio para produtividade de grãos foi de 2.228,7 kg ha⁻¹, com respostas diferenciadas das famílias, variando de 442 kg ha⁻¹ a 5.344,1 kg ha⁻¹. Isso indica a existência de variabilidade entre os genótipos avaliados e a possibilidade de sucesso com a seleção para tolerância à seca. Houve diferenças significativas entre as famílias, sendo selecionadas 22 para a etapa seguinte visando à extração de linhagens. As famílias selecionadas apresentaram média de produtividade de 3.232,6 kg ha⁻¹, as eliminadas tiveram produção média de 1.799,9 kg ha⁻¹ e as testemunhas produção média de 1.665,7 kg ha⁻¹. Dentre as famílias avaliadas, 11 produziram mais do que a melhor testemunha, podendo ser consideradas de alto potencial para a extração de linhagens ou serem utilizadas em cruzamentos como doadoras de tolerância à deficiência hídrica.

¹ Graduando em Ciências Biológicas na Faculdade União de Goyazes, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adrianobiofug@hotmail.com

² Graduanda em agronomia na Uni-Anhanguera, estagiária na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, sandydasilvasoares@outlook.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, orlando.peixoto@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

Uma alternativa à análise espectrofotométrica: utilização de aplicativo de Smartphone para determinação de amônia volatilizada

Adriano Pereira de Moraes¹, Pedro Augusto de Oliveira Morais², Diego Mendes de Souza³

A Volatilização no conceito químico é a passagem de uma substância química do estado líquido ou sólido ao estado de gás ou vapor. O acompanhamento de volatilizações na atividade agrícola é comumente solicitado devido à liberação de gases de efeito estufa. A molécula de N_2 é extremamente estável e quase não desempenha papel químico importante, exceto na termosfera, onde pode ser ionizada. Dentre os constituintes minoritários do nitrogênio estão o óxido nítrico (N_2O), óxido nítrico (NO), dióxido de nitrogênio (NO_2), ácido nítrico (HNO_3) e a amônia (NH_3) que são quimicamente reativos e causam problemas ambientais, incluindo a formação e precipitação ácida (chuva ácida), poluição atmosférica (smog fotoquímico), aerossóis atmosféricos e a depleção da camada de ozônio. Nesse sentido, o monitoramento da volatilização da amônia em solo é de grande importância ambiental e também para mensurar as perdas da adubação nitrogenada. No laboratório de Análise Agroambiental (LAA), por exemplo, esse monitoramento é realizado por meio do método espectrofotométrico, que é baseado na reação colorimétrica de Berthelot. Os reagentes utilizados na reação de Berthelot são um composto fenólico, um catalisador e um agente oxidante, sendo que a reação deve ocorrer em pH alto. Nessa reação, a amônia reage com o fenol e hipoclorito em meio alcalino, com a produção da cor "azul de indofenol". Embora a análise espectrofotométrica apresente resultados satisfatórios, a mesma possui alto custo de implementação, devido à aquisição do espectrofotômetro. Nessa direção, o objetivo deste trabalho é propor uma alternativa para quantificação da amônia volatilizada através do aplicativo de *Smartphone*, *Photometrix*, que analisa a cor a partir de imagens digitais, em substituição à leitura espectrofotométrica. Três amostras de volatilização foram coletadas em Santo Antônio de Goiás e analisadas pelo método espectrofotométrico. A curva de calibração foi preparada a partir de sete soluções padrão de cloreto de amônio com faixa de concentração de 0,5 a 10,0 ppm de NH_4^+ . Após a leitura no espectrofotômetro HACH DR2800, as mesmas soluções padrão e amostras foram analisadas no aplicativo *Photometrix*. Os resultados obtidos, em triplicata, para o método espectrofotométrico foram, amostra 01, 0,98 ppm; amostra 02, 3,13 ppm; amostra 03, 6,15 ppm; e obteve-se o $R^2 = 0,9833$. Já os resultados para o aplicativo *Photometrix* com as mesmas amostras em triplicata foram, amostra 01, 1,28 ppm; amostra 02, 3,15 ppm; amostra 03, 6,09 ppm; e obteve-se $R^2 = 0,977$. A comparação dos resultados dos dois métodos, por meio dos testes t-student e F, demonstrou que não houve diferença estatística, ou seja, a alternativa proposta apresenta exatidão e precisão equivalentes ao método espectrofotométrico. Portanto, a quantificação da amônia volatilizada por meio do aplicativo de *Smartphone Photometrix* é uma alternativa viável e com aplicabilidade, pois é simples e barata. Além disso, essa alternativa de análise pode ser realizada diretamente em campo com a utilização de um celular com o aplicativo *Photometrix*, diminuindo custos de armazenamento e transporte de amostras, sem perda de qualidade das análises.

¹ Estudante de graduação em Química do Instituto Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adrianok2.ap@gmail.com

² Estudante de pós-graduação em Química da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pedro_augusto_04@hotmail.com

³ Mestre em Química, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, diego.souza@embrapa.br

Actinomicetos no controle dos principais patógenos da cultura do arroz

Danielle Alves Ferreira¹, Gabriel Rodrigues Bonfante², Marta Cristina Corsi de Filippi³, Marcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes⁴, Valácia Lemes Silva-Lobo⁵

Atualmente, para a obtenção de altas produtividades no cultivo de arroz, tem se recorrido ao uso excessivo de agrotóxicos e fertilizantes, bem como à intensificação das práticas culturais em todos os sistemas de produção. Isto tem resultado em alguns entraves para a produção sustentável, destacando-se os estresses bióticos, como o aumento da incidência das doenças fúngicas, causadas pelos patógenos *Magnaporthe oryzae*, *Bipolaris oryzae*, *Monographella albescens*, *Rhizoctonia solani*, entre outros, que podem diminuir em até 100% o potencial produtivo das cultivares geneticamente melhoradas. Para o controle dessas doenças tem sido adotado o manejo integrado, porém, ainda com uso intensivo de agrotóxicos. Torna-se cada vez mais necessária a adoção de práticas sustentáveis, levando em consideração a segurança ambiental e alimentar. Os actinomicetos produzem, aproximadamente, 70% dos compostos bioativos, incluindo os antibióticos, além de outros metabólitos secundários. No Brasil, têm sido investigados agentes biológicos para controle alternativo de patógenos de várias culturas de importância econômica. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de actinomicetos quanto ao antagonismo *in vitro* aos principais patógenos do arroz e quanto à supressão da brusone foliar. Cento e quarenta e oito isolados de actinobactérias, recuperados da rizosfera de plantas saudáveis de arroz e pertencentes à Coleção de Microrganismos Multifuncionais da Embrapa Arroz e Feijão foram utilizados em uma seleção inicial quanto ao antagonismo *in vitro* aos principais patógenos do arroz: *M. oryzae*, *B. oryzae*, *M. albescens* e *R. solani*. Os isolados que causaram alguma inibição no crescimento dos patógenos, foram submetidos ao teste de pareamento de colônias em placas, em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições. Discos de micélio de 5 mm de diâmetro foram depositados em lados opostos da placa de Petri contendo meio BDA, sendo um disco do isolado de actinomiceto e outro do patógeno em estudo. No tratamento controle foi utilizado somente o disco de micélio do patógeno. Para a avaliação, realizada quando o tratamento controle atingiu crescimento total, foi medido o halo de inibição formado entre o antagonista e o patógeno. Os isolados de actinobactérias apresentaram diferenças quanto ao potencial de inibição dos patógenos. Destacando-se os isolados AC10, AC109, AC77, AC24, AC53, AC79, AC56, AC40, AC18 e AC64 para *M. oryzae*, AC17, AC94, AC22, AC10, AC23, AC18, AC78, AC4 e AC41 para *B. oryzae*, AC119, AC122, AC56, AC49, AC23, AC59 e AC120 para *M. albescens* e AC49, AC109, AC95 e AC56 para *R. solani*. Estes isolados foram avaliados *in vivo*, em casa de vegetação, quanto à supressão da brusone foliar do arroz. Sementes de arroz da cv. BRS Primavera foram microbiolizadas por 24 horas em suspensão de isolados de actinomicetos para o plantio. Os mesmos foram pulverizados dois dias antes da inoculação com *M. oryzae* (3×10^5 conídios/mL), realizada aos 21 dias após o plantio. O tratamento controle foi inoculado somente com *M. oryzae*. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições. A avaliação da severidade da brusone foi feita sete dias após a inoculação do patógeno, usando uma escala de notas de 1 a 9. Observou-se diferença entre os isolados quanto à supressão da brusone foliar, destacando-se os isolados AC82, AC49, AC24 e AC22. É possível afirmar que os isolados de actinomicetos atuam tanto por antagonismo quanto por indução de resistência, uma vez que o isolado AC22 que apresentou a maior supressão da severidade da doença na planta não ficou no mesmo grupo dos que formaram os maiores halos de inibição de *M. oryzae*, já o isolado AC24 diferiu estatisticamente dos demais isolados e do tratamento controle em ambas as situações. Estes isolados serão avaliados quanto à supressão da mancha parda, escaldadura e queima da bainha.

¹ Estudante de graduação em Agronomia do Centro Universitário Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, daniellealves03@hotmail.com

² Estudante de graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gabriel.bonfante@hotmail.com

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

⁴ Farmacêutico, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcio.cortes@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, valacia.lobo@embrapa.br

Seleção de cultivares de feijão-comum carioca precoces, com alta produtividade e qualidade comercial dos grãos

Kássia Karolline da Silva¹, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza², Leonardo Cunha Melo², Marcelo Sfeir de Aguiar², Luís Cláudio de Faria², Helton Santos Pereira²

Nos últimos anos, o Brasil tem ocupado o primeiro lugar na produção e no consumo mundial do feijão-comum, (*Phaseolus vulgaris*). Esse grão, além de se constituir em um dos alimentos básicos da população brasileira, é uma das principais fontes de proteína, na dieta alimentar dos estratos sociais economicamente menos favorecidos. Entre os diversos tipos de grãos de feijão-comum, merecem destaque os grãos do tipo carioca, que são os preferidos pela maioria dos consumidores e ocupam cerca de 70% do mercado consumidor e, conseqüentemente, recebem maior atenção dos programas de melhoramento. A precocidade tem se tornado cada vez mais importante, pois cultivares precoces possibilitam o aumento na flexibilidade do sistema de sucessão de culturas pelo agricultor. O objetivo deste trabalho foi verificar a importância da interação entre genótipos e ambientes em experimentos de indicação de cultivares precoces de feijão-comum para produtividade de grãos, massa de 100 grãos, rendimento de peneira (RP), cor dos grãos após armazenamento (CGA) e precocidade (PRE). Foram instalados ensaios de valor de cultivo e uso de feijão-comum carioca precoce em 12 ambientes, distribuídos nos estados de SE, BA, PE, GO, MT, PR, ES e no DF. Esses ensaios foram conduzidos nas épocas de semeadura da seca, do inverno e das águas, no ano de 2016. Foram avaliadas doze linhagens e as testemunhas BRS Notável (semiprecoce), BRS FC104 (superprecoce), IAC Imperador, IPR Andorinha e TAA GOL (precoces), em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e com parcelas de quatro linhas de quatro metros de comprimento. Os caracteres avaliados foram produtividade de grãos, RP, M100, CGA e precocidade. A produtividade de grãos foi medida em kg ha⁻¹. RP foi obtido em porcentagem de grãos retidos em peneira de furos oblongos com 4,25 mm (peneira 11) e a M100 por meio de amostra de 100 sementes pesadas. A CGA foi avaliada por meio de uma escala de notas de 1 a 5, em que a nota 1 refere-se a grãos mais claros e a nota 5 refere-se a grãos mais escuros. A precocidade foi avaliada por meio de uma escala de notas de 1 a 5, em que 1 corresponde ao ciclo superprecoce (<70 dias) e 5 corresponde ao ciclo tardio (>95 dias). Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas e as médias foram comparadas pelo teste de Scott & Knott, a 10% de probabilidade. Foi constatada a existência de diferença entre linhagens, ambientes, assim como a presença da interação entre linhagens e ambientes, para todos os caracteres avaliados, exceto para produtividade e precocidade, para os quais não houve diferença significativa entre tratamentos e ambientes, respectivamente. Para a produtividade de grãos, como não houve diferença significativa entre os tratamentos, todas as linhagens apresentaram produtividade semelhante à das testemunhas. Para RP, a linhagem CNFC 16729 destacou-se com a melhor média (89%), sendo superior à melhor testemunha, BRS Notável (84%). As linhagens CNFC 15856, CNFC 16871, CNFC 16188 e CNFC 16846 apresentaram RP superiores às demais testemunhas. Para M100, quatro linhagens superaram todas as testemunhas, apresentando grãos maiores: CNFC 16188 (24,7g/100 grãos), CNFC 16846 (24,6), CNFC 16832 (24,1) e CNFC 16831 (24,0). Três das testemunhas (BRS Notável, TAA GOL e IAC Imperador), apresentaram as piores estimativas para M100. Para CGA, destacaram-se quatro linhagens no primeiro grupo de médias, CNFC 16729 (1,1), CNFC 16871 (1,2), CNFC 16820 (1,2) e CNFC 16831 (1,3) que apresentaram as menores notas em relação às testemunhas. IAC Imperador foi a melhor testemunha para CGA, com nota média 3,0, ficando no quarto grupo de médias. Isso indica que essas linhagens tem escurecimento lento dos grãos. A linhagem CNFC 16846 apresentou-se no segundo grupo de médias (nota média 1,4), apresentando também escurecimento lento dos grãos. Essa coloração é muito importante para critérios de qualidade comercial dos grãos. Para precocidade, a testemunha BRS FC104 (1,7) foi a mais precoce. Em seguida, a linhagem CNFC 16820 (2,5) encontrou-se no segundo grupo de médias, sendo semelhante às testemunhas TAA GOL (2,3) e IAC Imperador (2,4), que são precoces. A linhagem CNFC 16846 (3,1) mostrou-se estaticamente semelhante às testemunhas IPR Andorinha (2,8) e BRS Notável (2,9), que são semiprecoces. Considerando os caracteres em conjunto, a linhagem CNFC 16846 apresentou potencial para indicação como nova cultivar, pois além de ser semiprecoce, apresentou boa produtividade, escurecimento lento dos grãos, grãos com tamanho comercial e alto rendimento de peneira.

¹ Estudante de graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC/CNPq na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, kassia_karolline@hotmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

Caracterização morfoagronômica de recursos genéticos de arroz aromático tipo basmati para utilização no melhoramento genético

Nayara Ferreira de Alencar¹, Hayra Messias Candido², Arthur Geraldo Leão Sanches Jorge³, Paulo Hideo Nakano Range⁴, Aluana Gonçalves de Abreu⁵, Priscila Zaczuk Bassinello⁶, José Manoel Colombari Filho⁷

Em arroz (*Oryza sativa* L.), a qualidade de grãos preferencialmente consumida está associada a aspectos econômicos, éticos e culturais do mercado ao qual está inserido. O Brasil, apesar de ser um país com dimensões continentais e com a presença de diversas etnias, ainda possui uma baixa diversificação do consumo do arroz diante da variabilidade de cores, sabores, aromas e texturas que determinam qualidades distintas dos grãos, de modo que qualifica como “tipos especiais” aqueles que diferem do tipo “agulhinha”, tradicionalmente consumido. O Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa contém o maior acervo do gênero *Oryza* do País, com 27.006 acessos, que disponibiliza uma diversidade inesgotável de recursos genéticos. É a partir desta, que o Programa de Melhoramento de Arroz Especial da Embrapa iniciou, em 2014, atividades de prospecção e exploração de recursos genéticos para atender à demanda de produtos para a segmentação do mercado gastronômico brasileiro, uma vez que dependerá da disponibilidade de variabilidade genética para que novas cultivares possam ser desenvolvidas. Dentre os tipos especiais de arroz, os aromáticos recebem destaque, pois a presença de aroma é considerada uma característica de alta agregação de valor. Esse tipo de arroz é muito popular no Oriente e tem, cada vez mais, conquistado mercado em diferentes países do mundo. Os arrozes aromáticos mais conhecidos são basmati (originário da Índia e do Paquistão) e o jasmim (Tailândia). O objetivo deste trabalho foi realizar a caracterização morfoagronômica de 52 acessos de arroz provenientes da Índia e do Paquistão, previamente identificados como variedades tradicionais tipo basmati, de aroma intenso. Os caracteres avaliados foram: produção de grãos (PG); altura de plantas (AP); dias para o florescimento (DF); acamamento (AC); reação às doenças (brusone da folha, BF; brusone no pescoço, BP; mancha-parda, MP; escaldadura, ESC; e mancha de grãos, MG); rendimento de grãos inteiros (INT); área gessada total dos grãos (AGT); comprimento (C) e largura dos grãos (L). Em 2015/16, foi conduzido um ensaio de campo, em Goianira, GO, com quatro testemunhas: EMPASC 104, IAC 500 e IRGA 417 e Jasmine 85. O delineamento adotado foi alfa-látice triplo 8 x 7, com parcelas de quatro linhas de 4 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,17 m. Os resultados revelaram uma precisão experimental satisfatória com coeficiente de variação experimental de 14,6% para PG. Observou-se diferenças significativas, pelo teste F, para o efeito de tratamentos em todos os caracteres. Houve uma ampla variabilidade para PG, entre 1.564 kg ha⁻¹ (BGA017143) e 9.831 kg ha⁻¹ (BGA015376), havendo acessos com potencial similar à cultivar mais produtiva do ensaio, IRGA 417, com 10.469 kg ha⁻¹. O ciclo dos acessos variou de muito precoce (BGA018575) a tardio (BGA017143), com DF entre 70 e 109 DAS, respectivamente. A maioria apresentou elevada AP, com valor máximo observado de 148 cm (BGA018576), e somente quatro acessos com AP inferior a 105 cm. Todos os acessos apresentaram não tolerância ao acamamento, com notas iguais a 9 (todas as plantas caídas). De modo geral, as reações de resistência às diferentes doenças foram satisfatórias, sem ocorrência de acessos com problemas de susceptibilidade genética. Quanto à qualidade de grãos, os valores variaram de 15 (BGA018572) a 58% (BGA018574) para INT; de 4,9 (BGA016878) a 6,7 mm (PI385809-BGA018573) para C; de 1,70 (BGA018576) a 2,50 mm (BGA015376) para L; e de 11,4 (BGA018574) a 52,6% (BGA01857) para AGT. Portanto, houve uma variabilidade muito ampla entre os acessos neste trabalho. Para os caracteres avaliados, considerando que os melhores são aqueles mais produtivos, precoces, de menor altura de planta, com tolerância ao acamamento, com resistência às doenças, com alto rendimento de grãos inteiros e translúcidos e elevada relação C/L, destacaram-se os acessos BGA018633, BGA018575, BGA018574 e BGA018573 como potenciais genitores para uso no melhoramento genético.

¹ Graduanda em Engenharia Agrônoma, Faculdade Araguaia, Goiânia, GO, nayara_alencar2312@hotmail.com

² Graduanda em Agronomia, Uni-Anhanguera, Goiânia, GO, hayra-mess@hotmail.com

³ Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, bolsista do CNPq, arhursamagro@gmail.com

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br

⁵ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

⁶ Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

Avaliação para rendimento de grãos e características fenológicas visando o desenvolvimento de linhagens elite de arroz de terras altas

Sandy da Silva Soares¹, Adriano Castro Silva², Orlando Peixoto de Moraes³, Adriano Pereira de Castro⁴

O arroz (*Oryza sativa* L.) tem importante papel na dieta populacional como fonte primária de energia e proteína, sendo uma das espécies com maior potencial de aumento da produção e, possivelmente, de combate à fome no mundo. É o alimento básico de, aproximadamente, 2,4 bilhões de pessoas e estimativas apontam que até 2050 haverá uma demanda para atender o dobro dessa população. Devido a esse aumento de consumo, o melhoramento genético de plantas tem importante papel no desenvolvimento de novas cultivares que atendam à demanda dos consumidores e produtores. A estratégia do programa de melhoramento de arroz de terras altas da Embrapa é selecionar precocemente famílias de alto potencial produtivo e explorá-las junto a parceiros para extração de linhagens com melhor desempenho em relação às características agronômicas e de qualidade de grãos desejáveis. O objetivo deste trabalho foi avaliar os ensaios de rendimento de famílias (ERF's) visando a seleção de famílias de alto potencial produtivo com o fim de obter linhagens superiores. O ERF é composto por famílias $F_{2:4}$ e se caracteriza por ensaios multilocais com repetições e avaliação de rendimento de grãos. Além do rendimento, foram avaliados dias para o florescimento, altura de planta, acamamento, resistência às principais doenças (brusone foliar e de panícula, escaldadura, mancha-parda e mancha de grãos) e os grãos foram submetidos à avaliação para comprimento e largura de grãos, rendimento de grãos inteiros, temperatura de gelatinização, teor de amilose e área gessada total, além de outras avaliações complementares, dependendo do ambiente alvo. As famílias selecionadas além de comporem o viveiro de seleção (VS2), são utilizadas como genitores em novos cruzamentos. Os ensaios foram conduzidos na safra 2015/16, em Santo Antônio de Goiás, GO, em plantio direto e convencional, Sinop-MT, Vilhena-RO e Lavras-MG. O ERF foi composto por 164 famílias $F_{2:4}$ e cinco cultivares testemunha. O delineamento experimental utilizado foi o látice quadrado simples 13x13 com duas repetições por local, com parcelas de quatro linhas de 5 m de comprimento, espaçamento de 0,35 m e 60 sementes por metro. A produtividade média de grãos após análise conjunta dos ensaios foi de 2.551,5 kg ha⁻¹. O valor do coeficiente de variação (CV) foi de 17,8%, indicando boa precisão experimental. A floração das testemunhas foi, em média, 81 dias após a semeadura, enquanto nas famílias houve uma variação de 73 a 95 dias entre o ciclo mais precoce e o mais tardio. Em relação ao acamamento apenas nove das 164 famílias foram suscetíveis, quando comparadas à testemunha, e foram descartadas. Foram selecionadas 31 famílias de alto desempenho, tolerantes ao acamamento, com boa sanidade geral às doenças e superiores quanto à qualidade de grãos. As famílias selecionadas possuem produtividade média de 2.904,8 kg ha⁻¹, 26% superiores às testemunhas. As dez famílias superiores apresentaram produtividade superior a 3.000 kg ha⁻¹. A média das cultivares testemunha foi de 2.305,9 kg ha⁻¹ e das famílias eliminadas de 2.478,4 kg ha⁻¹. As 31 famílias selecionadas foram semeadas na safra de 2016/17 em baixa densidade, visando a seleção de plantas individuais, sendo selecionadas 297 plantas que serão semeadas na safra 2017/18 no ensaio de observação de linhagens, dando sequência ao programa de Melhoramento de Arroz.

¹ Graduanda em Agronomia do Centro Universitário de Goiás da Uni-Anhanguera, estagiária na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, sandyasilvasoares@outlook.com

² Graduando em Ciências Biológicas da Faculdade União de Goyazes, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adrianobiofug@hotmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO.

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

Pós-Graduação

Superexpressão do gene *PLD α 1* para aumento da tolerância à deficiência hídrica da cultivar de arroz α BRSMG Curinga

Fernanda Raquel Martins Abreu¹, João Augusto Vieira de Oliveira², João Antônio Mendonça³, Anna Cristina Lanna⁴, Rosana Pereira Vianello⁵, Claudio Brondani⁶

O arroz (*Oryza sativa* L.) é a principal fonte de carboidratos para mais da metade da população mundial, principalmente para a população de baixa renda, daí sua importância econômica e social. Uma das formas de assegurar que a produção desse cereal atenda à demanda alimentar da crescente população mundial é o desenvolvimento de cultivares de arroz tolerantes a diferentes estresses ambientais, dentre os quais a deficiência hídrica merece destaque por se fazer presente em várias partes do globo. Para que as plantas possam ter condições de sobreviver a estresses e garantir um mínimo de produtividade de grão, a elucidação de mecanismos celulares que possam levar ao desenvolvimento de cultivares de arroz mais tolerantes à deficiência hídrica torna-se imprescindível. Este trabalho objetivou a obtenção de plantas de arroz geneticamente modificadas (GM) mais tolerantes ao déficit hídrico. O gene *PLD α 1*, expresso constitutivamente, está diretamente relacionado a respostas de plantas à deficiência hídrica por meio do seu produto enzimático, o ácido fosfatídico. Esse gene foi clonado em vetor binário p7i2x-Ubi e inserido, via *Agrobacterium*, no genoma da cultivar de arroz BRSMG Curinga, moderadamente tolerante à deficiência hídrica. Sementes de plantas GM (sete eventos *PLD α 1*) da geração T2 foram avaliadas em dois experimentos (com déficit hídrico e sem déficit hídrico) conduzidos na Plataforma Sitis, utilizando delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Houve diferenciação estatisticamente significativa (Scott-Knott, $p < 0,05$) quanto à produtividade entre plantas GM e plantas não GM (NGM), sob déficit hídrico. O evento *PLD α 1* com maior média de produtividade sob tratamento de deficiência hídrica foi selecionado para avaliação de expressão gênica, via RT-qPCR, juntamente com plantas NGM, sendo observado aumento de expressão desse gene em plantas GM e NGM desafiadas com deficiência hídrica. A expressão ectópica (ou superexpressão) de *PLD α 1* foi observada após a retomada de irrigação normal para plantas desafiadas com deficiência hídrica. Além disso, a maior produtividade de plantas GM sob déficit hídrico em relação a plantas NGM sob mesmas condições, foi observada em paralelo à redução na taxa de transpiração, após desafio com deficiência hídrica. Em condições normais de irrigação, as produtividades de plantas GM e NGM não diferiram significativamente, mostrando que não houve efeitos deletérios pela inserção de *PLD α 1* no genoma de plantas GM. A superexpressão média de *PLD α 1* foi observada em plantas de arroz GM quando elas encontravam-se em uma fase avançada do estágio reprodutivo (enchimento de grãos). À primeira vista, essa expressão tardia poderia ser relacionada com a função primordial de PLDs, a perda da compartimentalização das membranas fosfolipídicas que conduz à morte celular no processo natural de senescência mediada por PLDs. No entanto, plantas GM tiveram maiores valores médios de produtividade em relação às NGM, e a ativação ectópica de *PLD α 1* foi relevante para isso. O delicado equilíbrio existente entre as funções catabólicas e de sinalização de PLDs é importante para o crescimento e o desenvolvimento vegetal e para a coordenação de resposta a estímulos internos e ambientais. Plantas GM sob déficit hídrico foram capazes de lidar com o estímulo de deficiência hídrica e manter o equilíbrio entre as funções das PLDs, resultando em maior produtividade em relação a plantas NGM. A superexpressão de *PLD α 1* resultou em plantas mais tolerantes à deficiência hídrica em relação a plantas NGMs, dentre outros fatores, devido ao fechamento estomático, mensurado no experimento. Esse resultado será validado em novos experimentos com plantas *PLD α 1* na geração T3, para uma nova rodada de análises fenotípicas e moleculares, e a partir de T4, em experimentos de campo. Caso o resultado seja confirmado, essa etapa será o primeiro passo para o lançamento de uma cultivar de arroz GM tolerante à deficiência hídrica.

¹ Estudante de pós-graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fernanda_rma@hotmail.com

² Estudante de pós-graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, j.augustoliveira@live.com

³ Técnico agrícola da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

⁴ Química, doutora em Ciências Agrárias, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

⁵ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

Caracterização climática da região produtora de arroz irrigado tropical

João Rodrigo de Castro¹, Marcos Paulo dos Santos², Santiago Vianna Cuadra³, Alexandre Bryan Heinemann⁴

O crescimento populacional resulta na necessidade de aumentos constantes na produção de alimentos. Sendo o arroz uma das principais fontes energéticas em várias partes do mundo, é fundamental que os níveis produtivos sigam aumentando no mesmo ritmo do crescimento populacional. O Rio Grande do Sul é o principal produtor de arroz irrigado, chegando a 75% do total produzido no país. A alta produtividade da cultura é atingida devido às condições climáticas favoráveis, como a alta incidência de radiação solar global, principal fator limitante da produção da cultura, além de um manejo tecnificado. Contudo, o Estado está no seu limite de produção devido à baixa disponibilidade de terras e à crescente opção por cultivos mais rentáveis, como a soja, em áreas tradicionalmente utilizadas para o cultivo do arroz irrigado. Diante disso, há necessidade de que a área de produção de arroz irrigado tropical seja fortalecida, visando ao alcance de níveis de produção iguais ou próximos aos obtidos no Rio Grande do Sul. Esse fortalecimento passa pela adoção de estratégias de manejo eficientes e a seleção de genótipos adaptados à condição ambiental da região tropical, caracterizada principalmente pela elevada temperatura do ar. O objetivo deste estudo foi caracterizar as principais variáveis climáticas que interferem na produtividade do arroz irrigado na região tropical. A caracterização se deu por meio da análise das variáveis climáticas radiação solar global e temperatura máxima e mínima do ar, observadas em 23 sítios localizados na região de produção do arroz irrigado tropical e comparado a um sítio localizado no Rio Grande do Sul, totalizando 24 sítios, em nove Estados. As variáveis climáticas diárias, para o período de 1980 a 2013, foram agrupadas por bimestre, de forma a permitir a caracterização para os meses nos quais há o cultivo da cultura do arroz. Os resultados mostram que a região produtora localizada nos estados de Goiás, Maranhão, Roraima e Tocantins apresentam condições de radiação solar média diária próximas à observada no Rio Grande do Sul (18,6 MJdia⁻¹), enquanto que a região produtora localizada nos demais estados apresentaram um aporte médio superior a 20 MJdia⁻¹. Contudo, a aparente condição favorável de radiação solar global nesses estados pode estar sendo suprimida devido à ocorrência de altas temperaturas do ar. A ocorrência de altas temperaturas do ar, superiores a 33 °C, por um período de pelo menos cinco dias, afeta o processo de fotossíntese, reduzindo-o em 15%. Foi observado nessa análise que existe uma diferença marcante entre os padrões de temperatura do ar verificados no Rio Grande do Sul e na região tropical. Na região tropical, a tendência é de ocorrência de temperaturas máximas de aproximadamente 5 °C superiores às verificadas naquele Estado, especialmente no Ceará, em Alagoas, em Pernambuco, em Roraima, no Maranhão e no Tocantins, nos quais as médias de temperatura máxima chegam a aproximadamente 33 °C. O resultado desta caracterização permitiu identificar que nos estados do Ceará, Alagoas, Pernambuco, Roraima, Maranhão e Tocantins é interessante o desenvolvimento de genótipos adaptados ao estresse térmico, visando obter maiores níveis de produtividade do arroz irrigado.

¹ Mestre em Meteorologia, doutorando em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, joaorodrigo2005@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutorando em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, marcospaulo_agronomo@hotmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Meteorologia Aplicada, pesquisador da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, SP, santiago.cuadra@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

Integrando modelos mistos, variáveis ambientais e regressão PLS no estudo dos efeitos G+GE em ensaios de VCU em arroz de terras altas

Germano Martins Ferreira Costa Neto¹, Adriano Pereira de Castro², Alexandre Bryan Heinemann³, João Batista Duarte⁴

Ensaios multiambientais são úteis para avaliação de genótipos (ou práticas culturais), visando orientar esforços na difusão de tecnologia agropecuária. Quando dois ou mais fatores estão envolvidos nessas avaliações, as respostas diferenciais de cada genótipo frente às variações ambientais podem ser compreendidas como um efeito não-aditivo denominado interação genótipo x ambiente (GE). Esse efeito gera implicações logísticas sobre a avaliação de genótipos em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), podendo inflacionar estimativas de valor genotípico, limitar ganhos de seleção e dificultar a recomendação de cultivares. Para esta última, tem-se adotado o uso dos efeitos genéticos (G) acrescidos de interação GE (GGE) visando identificar os tipos mais adaptados e capazes de responder favoravelmente às mudanças ambientais, isto é, em que $GGE > G$. Para esse propósito, são utilizados, por exemplo, métodos gráficos como a análise GGE-biplot, e univariados, como o ordenamento da média harmônica dos valores genotípicos (MHVG). Contudo, essas abordagens apenas identificam padrões empíricos, limitando as inferências para o conjunto de ambientes avaliados. Em programas de melhoramento de cultivos como o arroz de terras altas, cuja região alvo compreende ampla gama de condições edafoclimáticas e bióticas, tais abordagens podem não ser capazes de explorar aspectos ecofisiológicos de importância logística para a recomendação de cultivares. Com o objetivo de lidar com essas incertezas, propomos neste trabalho o uso de variáveis ambientais no estudo da matriz GGE em ensaios de VCU em arroz de terras altas. Para isso, foi usado um modelo de regressão por quadrados mínimos parciais (PLS), algoritmo do qual obtêm os coeficientes lineares iterativamente, mediante ajuste de uma matriz de variáveis latentes e multivariadas. Essa propriedade matemática permitiu associar ambientes, genótipos e variáveis ambientais. Foram utilizados dados oriundos de 28 ensaios de VCU do Programa de Melhoramento de Arroz de terras altas da Embrapa, em sete estados da região Meio-Norte do Brasil, no biênio 2012-2013. Os ensaios foram conduzidos em delineamento em blocos completos, envolvendo 34 materiais-elite entre os anos, com quatro repetições, para o caráter rendimento de grãos. Utilizou-se um modelo linear misto, considerando efeitos ambientais como fixos e genéticos (G) e interação GE como aleatórios, via procedimento REML/BLUP. Oito variáveis ambientais foram utilizadas: temperaturas máxima, mínima e média, radiação solar, precipitação, latitude, longitude e altitude. As variáveis foram obtidas em banco de dados internacional, em escala mensal, para cada local de avaliação. O modelo misto apresentou acurácia de 94% no ajuste das médias genotípicas. As variáveis ambientais explicaram, em média, 55% da variância presente em GGE, enquanto o método GGE-biplot explicou até 68%. Apesar disso, observou-se concordância de 96% e 98% na classificação genotípica entre os métodos PLS e GGE-biplot e PLS e MHVG, respectivamente. A vantagem de PLS residiu na capacidade preditiva, em que foi possível prever até 70% dos valores genotípicos obtidos pelo modelo misto sob condições ambientais não amostradas. Sob as condições avaliadas, o modelo PLS previu até 90% dos valores genotípicos originais. Além disso, foi possível identificar padrões ambientais relacionados à adaptação do germoplasma elite, identificando dois mega-ambientes, na Região Norte (M1: altas temperaturas, baixas latitudes e baixas altitudes) e na Centro-Oeste (M2: médias temperaturas, médias latitudes e altas altitudes) do Brasil. Em M2, foi possível selecionar genótipos com até 40% de superioridade em relação a melhor testemunha (BRS-Esmeralda). Já em M1, os melhores genótipos foram apenas 10% superiores que a melhor testemunha (BRS-Sertaneja). O uso de PLS apresentou elevada confiabilidade em relação aos métodos tradicionais, agregando informações adicionais de importância logística para a tomada de decisão em programas de melhoramento.

¹ Engenheiro-agrônomo, mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, germano.cneto@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, jbduarte@ufg.br

Interação de genótipos com ambientes para qualidade comercial de grãos e produtividade em linhagens de feijão-comum do tipo carioca

Daniilo Valente Almeida¹, Patrícia Guimarães Santos Melo², Filipe Cavalcante Farias³, Helton Santos Pereira⁴, Helton Salles da Silva⁵, Leonardo Cunha Melo⁶

O feijão-comum é cultivado durante três safras (“águas”, “seca” e “inverno”) com abrangência em quase todo o território nacional, o que torna necessária a avaliação da interação de genótipos com ambientes para os caracteres de interesse e a busca de cultivares que apresentem desempenho mais estável e que sejam mais responsivas à melhoria das condições ambientais, possibilitando maior segurança na recomendação de cultivares. Muitos estudos relatam a existência da interação de genótipos com ambientes para produtividade, porém, poucos abrangem caracteres de qualidade comercial de grãos. A procura por produtos com grãos maiores e de cor clara tem direcionado o melhoramento genético para a obtenção de cultivares com qualidade de grãos que atenda às exigências do mercado consumidor. Desse modo, este trabalho teve por objetivo avaliar a interação de genótipos com ambientes para os caracteres M100 (massa de 100 grãos), RP (rendimento em peneira), NG (nota de grãos) e PG (produtividade de grãos) e determinar os genótipos superiores. Foram conduzidos três ensaios de validação, dois na safra de inverno de 2016, em Santo Antônio de Goiás e Goiânia, e o terceiro na safra das “águas” 2016/17, em Goiânia. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de 1 linha de 3 m. Foram avaliadas 20 linhagens e três cultivares (Pérola, BRS Estilo e BRS Notável). Em todos os ensaios foram analisados os caracteres RP e PG, sendo M100 e NG avaliados apenas nos ensaios da safra de inverno de 2016. As análises de variância individuais apontaram efeito de tratamento significativo para todos os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade genética. Os valores dos coeficientes de variação permaneceram abaixo de 23%, apresentando boa precisão experimental. Houve efeito significativo da interação de genótipos com ambientes para os caracteres RP e PG, indicando a resposta diferencial das linhagens entre os ambientes. Interação significativa de genótipos com ambientes também foi evidenciada para os caracteres M100 e NG entre os ensaios conduzidos na safra de inverno, indicando comportamento diferenciado entre os genótipos nos ambientes para massa e cor de grãos. As linhagens CNFC 16630, CNFC 16633 e CNFC 16665 se destacaram para PG nos três ambientes e estão entre as superiores para RP, caracterizadas por grãos maiores, enquanto que, para M100, os melhores genótipos foram CNFC 16633 e a cultivar Pérola, com valores médios para massa de 100 grãos acima de 25 g. Com relação à cor do grão, a linhagem CNFC16615 se destacou com as melhores notas, indicando grãos mais claros e de melhor aceitabilidade mesmo sob armazenamento. A variabilidade genética existente para todos os caracteres avaliados indica possibilidade de sucesso em programas de melhoramento genético do feijão-comum, favorecendo a obtenção de genótipos superiores para qualidade comercial de grãos. A presença da interação de genótipos com ambientes para PG, RP, M100 e NG implica em análises de estabilidade e adaptabilidade para determinar os genótipos realmente superiores nos ambientes avaliados.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas da UFG, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, daniilo.almeida015@gmail.com

² Docente na Universidade Federal de Goiás, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pgsantos@gmail.com

³ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas da UFG, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fariasufmt@gmail.com

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

⁵ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas da UFG, estagiário na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton_salles@hotmail.com

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

Seleção para alogamia em populações de arroz irrigado

Helma Cronemberger Cavalcante¹, João Batista Duarte², Péricles de Carvalho Ferreira Neves³, James Taillebois⁴

O arroz (*Oryza sativa* L.) é considerado o principal alimento básico da população, com 90,5% da produção mundial concentrada nos países asiáticos. Em 1976, a China lançou o primeiro arroz híbrido comercial. Atualmente, o arroz híbrido ocupa área de 16 milhões de hectares naquele país, o que corresponde a cerca de 63% de sua área cultivada com arroz. No Brasil, as pesquisas na geração de arroz híbrido começaram em 1984 mediante parceria entre a Embrapa Arroz e Feijão e o Cirad-França. Em 2010, foi lançado o primeiro híbrido resultante dessa parceria, BRS CIRAD 302; cuja produtividade superou a cultivar testemunha em cerca de 1,0 ton ha⁻¹, além de ter excelente qualidade de grão. Atualmente, o Brasil tem 60 mil hectares de arroz híbrido, correspondendo a 3% da área total cultivada com arroz. A baixa taxa de cruzamento natural entre linhagens fêmeas e machas dificulta a produção de sementes híbridas e aumenta o seu preço, limitando a expansão do cultivo de arroz híbrido no país. Neste trabalho objetivou-se, a partir de progênies S₁ de duas populações com segregação de um gene recessivo de macho-esterilidade, estimar a variabilidade genética e a herdabilidade dos seguintes caracteres: Aptidão fêmea à alogamia (AFA) e aptidão fêmea de produzir sementes híbridas (AFPSH). O experimento foi conduzido na estação experimental da Embrapa Arroz e Feijão, em 2016. Foram utilizadas duas populações mantenedoras do programa de híbridos da Embrapa-Cirad, que são usadas como fontes para a seleção de linhagens fêmeas. O caráter AFPSH foi avaliado em cada progênie (S₁), a partir da massa de grãos produzida pelas plantas macho-estéreis alo fecundadas; e o caráter AFA, pela razão entre os valores de AFPSH e a produção média das plantas férteis. O delineamento experimental adotado foi blocos incompletos do tipo alfa-látice, com 260 tratamentos. Estes foram 253 progênies S₁ e sete linhagens macho-estéreis elite (testemunhas) do programa de melhoramento de híbridos. O experimento foi conduzido com duas repetições, cada uma com 13 blocos de 20 parcelas; cada parcela foi constituída de 25 plantas. Para avaliação dos caracteres, em cada parcela foi colhido e pesado um *bulk* de cinco plantas férteis e, ainda, colhidas e pesadas, individualmente, todas as plantas macho-estéreis. As análises estatísticas e biométricas foram realizadas segundo a abordagem de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) - componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e valores genotípicos preditos (BLUP) por quadrados mínimos generalizados. Os resultados de herdabilidade variaram entre 0,35 e 0,75 para AFA, e 0,59 a 0,90 para AFPSH. Foi possível constatar que a variabilidade genética e a herdabilidade de ambos os caracteres atingiram valores significativos, indicando que a seleção para a aptidão fêmea em produzir sementes por alofecundação é viável. Ademais, a técnica de avaliação da alogamia a partir de progênies em segregação da macho-esterilidade mostrou-se adequada para a seleção de linhagens fêmeas com alto potencial para produção de sementes híbridas. Consequentemente, deve ser incorporada como tecnologia viável para apoiar o melhoramento de arroz híbrido.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, helmacc@yahoo.com.br

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, jbduarte@ufg.br

³ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pericles.neves@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador do Cirad, França, james.taillebois@cirad.fr

Nível de dano econômico para *Tibraca limbativentris* (Hemiptera: Pentatomidae) em arroz irrigado, baseado em insetos-dia

Marcus Vinícius Santana¹, Renan da Silva Macedo², Tássia Tuane Moreira dos Santos³, Arielle Stéfane Garcia Silva⁴, José Alexandre Freitas Barrigossi⁵

O percevejo do colmo, *Tibraca limbativentris* Stal, 1860 (Hemiptera: Pentatomidae) é uma das principais pragas do arroz irrigado. Em altas infestações *T. limbativentris* causa danos consideráveis na produção, especialmente quando o ataque ocorre nas fases de pré-florescimento e formação de grãos, gerando perdas de até 100%. O nível de controle atual utilizado para prevenir os danos econômicos é de 1 inseto m⁻². No entanto, o nível de dano econômico (NDE) para o percevejo do colmo no arroz foi desenvolvido há mais de 25 anos. Devido ao aumento do valor de mercado do arroz e ao melhoramento genético de cultivares atuais, é necessário recalculá-lo. Outro ponto é que o NDE para o percevejo do colmo é expresso em insetos m⁻², no entanto, um pequeno número de insetos presentes por um longo tempo pode causar danos similares na produtividade do arroz, como um alto número de insetos presentes por um curto período. Uma solução para este problema pode ser o uso de insetos-dia (um inseto se alimentando em uma planta por 24 h) como unidade de infestação de *T. limbativentris*. O conceito de insetos-dia combina o número de insetos e o tempo gasto se alimentando nas plantas em uma única fórmula. Com isso, o objetivo deste estudo foi determinar a relação entre insetos-dia de *T. limbativentris* e a perda de produtividade para calcular o NDE em dois estádios fenológicos do arroz irrigado. Quatro ensaios de campo foram estabelecidos nas safras 2015/16 e 2016/17, sendo que dois ensaios foram infestados aos 40 dias após a emergência (i.e. V4) e dois aos 70 DAE (i.e. R2). Para estabelecer as populações iniciais, as plantas foram infestadas com um, dois, três, quatro e cinco casais de adultos de *T. limbativentris* e um tratamento sem inseto utilizado como controle. Os seis tratamentos foram arranjados em um delineamento em blocos completos ao acaso, com quatro repetições. Avaliações de mortalidade dos insetos foram realizadas semanalmente após a infestação para calcular o número de insetos-dia acumulado. Utilizou-se o número de insetos-dia para estabelecer, por meio de regressão, um modelo de rendimento do arroz em função da infestação da praga. A perda de rendimento por insetos-dia acumulado foi utilizada para calcular o NDE para uma gama de valores de mercado e custos de controle do arroz atuais, utilizando a fórmula de Pedigo (1986): $NDE = C / (ID \times V \times K)$, em que C é o custo de controle por área (R\$ ha⁻¹), V é o valor de mercado por unidade produzida (R\$ ha⁻¹), ID é a perda na produtividade por unidade de inseto (perda de massa de grãos em kg por inseto-dia), e K é a redução proporcional em potencial. O número de insetos-dia acumulado teve um efeito significativo na produtividade do arroz. As perdas na produtividade foram de 9,53 kg ha⁻¹ e 24,72 kg ha⁻¹ para cada inseto-dia por gaiola, quando as infestações ocorreram aos 40 e 70 DAE, respectivamente. Entre os inseticidas registrados para o controle de *T. limbativentris* os custos variam de R\$12,50 ha⁻¹ a R\$28,75 ha⁻¹, com uma média de R\$20,72 ha⁻¹. O custo médio de aplicação, com base na contratação de um operador, equipamento e combustível, em 2016, foi de R\$32,00 ha⁻¹. O custo de aplicação foi adicionado ao custo do inseticida para obter os custos de controle. O valor de mercado do arroz em 2016 no Brasil variou de R\$0,66 a R\$1,50 kg⁻¹, com uma média de R\$1,08 kg⁻¹, enquanto para os anos de 2014, 2015 e 2016 o rendimento médio foi de 9.011,40 kg ha⁻¹, com estes valores sendo utilizados para calcular a gama de valores de mercado incorporados ao cálculo do NDE. Os NDEs variaram de 3,89 a 11,95 insetos-dia, quando a infestação ocorreu aos 40 DAE, ao passo que ocorrida aos 70 DAE os NDEs variaram de 1,50 a 4,61 insetos-dia, considerando o custo de aplicação e o valor de mercado do arroz naquela ocasião. Estes níveis de danos econômicos, baseados na abordagem de insetos-dia, são úteis para rever as estratégias usadas na tomada de decisão no manejo de *T. limbativentris* na cultura do arroz em campos irrigados.

¹ Engenheiro-agrônomo, mestre em Agronomia, doutorando na Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mvsantana@outlook.com

² Engenheiro-agrônomo, mestre em Agronomia, doutorando na Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, renans.macedo@gmail.com

³ Engenheira-agrônoma, mestre em Agronomia, doutorando na Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, tassiatuane@hotmail.com

⁴ Graduanda em agronomia no Centro Universitário de Anápolis da UniEvangélica, Anápolis, GO, ariellegarcia15@gmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.barrigossi@embrapa.br

Investigando as diferentes formas de aplicação das bactérias *Pseudomonas fluorescens* e *Burkholderia pyrrocinia* na eficiência da supressão da brusone do arroz

Marina Teixeira Arriel¹, Maythsulene Inácio de Sousa Oliveira², Márcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes³, Elder Tadeu Barbosa⁴, Marta Cristina Corsi de Filippi⁵

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma das principais fontes de alimento para mais da metade da população mundial, As linhagens *Pseudomonas fluorescens* (BRM 32111) e *Burkholderia pyrrocinia* (BRM 32113) são bactérias promotoras do crescimento e supressoras da brusone no arroz. A forma de aplicação afeta diretamente a eficiência desses agentes biológicos. Diante disso, o objetivo do trabalho foi estimar a diversidade fisiológica de *P. fluorescens* e *B. pyrrocinia* por meio da análise do perfil de utilização de diferentes fontes de carbono. O perfil de assimilação das fontes de carbono foi avaliado em microplacas Ecoplate Biolog (Biolog, Inc., Hayward, CA), metodologia validada pela comunidade científica. Cada microplaca contém 96 poços, com 31 fontes diferentes de carbono, agrupadas em seis classes de nutrientes: aminoácidos, aminas, carboidratos, ácidos carboxílicos, polímeros e miscelâneas. A suspensão bacteriana de cada um dos isolados foi obtida em meio de cultivo caldo nutriente após o período de incubação de 96 horas, sob agitação constante a 150 rpm a 28 °C. Posteriormente, realizou-se o ajuste da concentração para 10⁵ UFC.mL⁻¹ em espectrofotômetro, com comprimento de onda de 620 nm. Em seguida, com auxílio de pipeta multicanal, foram transferidos 100 µl da suspensão bacteriana para cada poço da microplaca Ecoplate Biolog, seguido de incubação no escuro a 25 °C. O crescimento celular foi estimado pela medição da absorbância, no comprimento de onda de 590 nm. As leituras foram realizadas nos tempos 0, 24, 48, 72 e 360 horas, em leitor de microplacas (Epoch™ - Biotek), com auxílio do software Gen5 (Biotek, Vermont, U.S.). A metabolização das fontes de carbono (AMR) foi calculada pela diferença entre a densidade óptica dos poços, contendo as diferentes fontes de carbono, e o controle (branco). As duas espécies analisadas apresentaram diferenças quanto à assimilação das 31 fontes de carbono. *B. pyrrocinia* foi capaz de metabolizar mais fontes de carbono (54%), em comparação com *P. fluorescens* (21%), em 72 horas. Este resultado pode justificar a diferença em eficiência quanto à forma de aplicação destas duas espécies em plantas de arroz. A rizobactéria isolada da rizosfera, *B. pyrrocinia*, é mais eficiente na promoção do crescimento e no controle da brusone foliar do arroz quando aplicada ao solo, enquanto, a rizobactéria isolada do rizoplano, *P. fluorescens*, apresenta a melhor eficiência quando pulverizada nas folhas do arroz. Ao atingir o período de incubação de 360 horas, a capacidade de assimilação das fontes de carbono de ambas igualou-se (67%). Embora tenham se igualado após as 360 horas, apenas 29% das 31 fontes de carbono presentes no sistema Ecoplate Biolog foram comuns para ambas as espécies: β-Methyl-D-Glucoside, D-Galactonic Acid γ-Lactone, L-Arginine, D-galacturonic Acid, L-Asparagine, Tween 40 e i-Erythritol. Os dados mostraram que as linhagens BRM 32111 e BRM 32113 possuem a capacidade de assimilar as fontes de carbono presentes no solo, porém com velocidade de assimilação diferente. Além disso, baseado nesses resultados, conclui-se que essas informações colaboram para a validação do método de aplicação já utilizado para ambas as espécies.

¹ Engenheira-agrônoma, mestranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marina.arriel@hotmail.com

² Bióloga, doutoranda em Inovação Farmacêutica na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, maythsulene@gmail.com

³ Farmacêutico, mestre em Bioquímica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcio.cortes@embrapa.br

⁴ Farmacêutico, assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, elder.barbosa@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

Estimativa de parâmetros genéticos e seleção de linhagens de feijão-comum com grãos pretos resistentes à murcha-de-fusário

Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres¹, Ludivina Lima Rodrigues², Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza³, Leonardo Cunha Melo³, Luis Cláudio de Faria³, Joaquim Geraldo Caprio da Costa³, Helton Santos Pereira³

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie amplamente cultivada e um componente básico na alimentação brasileira. Entre os diversos fatores que afetam a produção de feijão no Brasil, a murcha-de-fusário, ocasionada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli*, é uma das principais doenças vasculares desta cultura, podendo ocasionar perda total de produtividade. Dentre os métodos de controle desse patógeno a resistência genética demonstra ser a forma mais econômica, de menor impacto ambiental e eficiente. Diversos trabalhos relatam a existência de variabilidade genética para a resistência à murcha-de-fusário, indicando a possibilidade de seleção de genótipos resistentes e obtenção de ganho genético para essa característica. Neste contexto, a herdabilidade é um parâmetro de grande importância, pois permite ao melhorista prever o ganho genético antes de realizar a seleção. Este trabalho objetivou estimar a herdabilidade e prever o ganho genético por meio da seleção direta para resistência à murcha-de-fusário, em genótipos de feijão-comum com grãos pretos. Foram utilizadas 116 linhagens obtidas de duas populações (BRS Esplendor x BRS Expedito e BRS Expedito x CNFP 15867) que foram selecionadas em estudo anterior, por apresentar boa resistência à murcha-de-fusário, alta produtividade e maior massa de 100 grãos. Estas populações foram conduzidas da geração F₂ até a F₅ em área com alta ocorrência natural do patógeno. Foram conduzidos dois ensaios na safra de inverno, nos anos de 2015 e 2016. Em cada ensaio foram utilizadas as 116 linhagens, junto com cinco testemunhas (BRS Esteio, BRS Supremo, BRS FP 403, BRS Expedito e BRS Esplendor). Os ensaios foram instalados em delineamento látice 11x11 triplo, com parcelas de duas linhas de três metros, em área com alta infestação natural do patógeno, em Santo Antônio de Goiás, GO. O caráter avaliado foi a resistência à murcha-de-fusário, por meio de uma escala de notas variando de 1 (completamente resistente) a 9 (completamente suscetível). Os dados foram submetidos à análises de variância individuais e, após verificada a homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos, foi realizada a análise conjunta considerando o efeito de tratamentos como aleatório e o de ambientes como fixo. Foram estimados os parâmetros herdabilidade e ganho esperado com a seleção. Tanto para as análises individuais quanto para a análise conjunta foi possível observar diferenças significativas ($P \leq 0,01$) entre genótipos e para o seu desdobramento em linhagens. Isso indica que existe variabilidade entre as linhagens, o que possibilita a obtenção de ganhos com seleção para o caráter avaliado. Para ambientes e interação entre genótipos e ambientes não foram observadas diferenças significativas, indicando que os genótipos se comportaram de forma semelhante nos dois ambientes avaliados. As estimativas da herdabilidade (%h²), foram de 87% e 83%, nos anos de 2015 e de 2016, respectivamente, com herdabilidade média de 92%, para a análise conjunta. Esses resultados indicam que existe alta correlação entre o valor fenotípico e o valor genético, facilitando a seleção e a obtenção de ganhos para a resistência à murcha-de-fusário. O ganho genético predito para o ano de 2015 foi de -0,97, correspondendo a aumento na resistência de 39%. Em 2016, o ganho foi de -0,94, indicando que a seleção para a resistência à murcha-de-fusário foi eficiente, correspondendo ao incremento de 30,7%. O ganho genético médio foi de -0,97, representando aumento médio de 35% na resistência. Dentre as 116 linhagens avaliadas, 43 linhagens apresentaram melhor média para resistência à murcha-de-fusário, considerando os dois ambientes, que a melhor testemunha (BRS Expedito). Esses parâmetros indicam que mesmo após a condução das populações em área infestada pelo patógeno, com consequente seleção antes da obtenção das linhagens, ainda há a possibilidade de se obter ganhos com a seleção de linhagens para resistência a murcha-de-fusário.

¹ Licenciado em Ciências Biológicas, doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mariohenriquetorres@hotmail.com

² Engenheira-agrônoma, mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ludivina_rodrigues@hotmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br; leonardo.melo@embrapa.br; luis.faria@embrapa.br; joaquim.caprio@embrapa.br; helton.pereira@embrapa.br

Relações entre bioindicadores de qualidade e fungos habitantes do solo em sistemas de integração lavoura-pecuária

Priscila Ferreira dos Santos Goulart¹, Lídianna Lemes Silva Abud², Elder Tadeu Barbosa³, Renan Silva Macedo⁴, Murillo Lobo Junior⁵

A integração lavoura-pecuária (ILP) é um sistema agrícola de intensificação ecológica de boa aceitação pelos agricultores e pecuaristas brasileiros, para o qual há dúvidas a respeito do manejo de doenças radiculares. Uma vez que existem poucos relatos sobre as relações entre bioindicadores de qualidade e os fungos habitantes do solo nestes sistemas, o objetivo deste trabalho foi identificar relações entre os principais bioindicadores de qualidade com patógenos radiculares e agentes de controle biológico em sistemas ILP consolidados. Este trabalho avaliou, de 2011 a 2013, as relações entre os bioindicadores [carbono e nitrogênio da biomassa microbiana (C-BM, N-BM), respiração basal do solo (RBS), coeficiente metabólico (qCO_2) e atividade enzimática total (AET), além da umidade do solo, com a população de microrganismos que formam os complexos de espécies *Fusarium solani*, *F. oxysporum* (FSSC e FOSC), *Rhizoctonia* spp. e *Trichoderma* spp. O estudo foi conduzido em uma área de ILP iniciada no ano 2000, com rotações de culturas envolvendo milho, arroz de terras altas, soja e braquiária (*Urochloa brizantha*) aplicadas em seis talhões em sequeiro e quatro quadrantes irrigados por pivô-central. Uma área adjacente com mata nativa e outra composta por pastagem degradada foram incluídas nas amostragens, como referenciais da condição original do solo e de manejo inadequado. Em cada área, amostras da camada superior do solo (0-10 cm) foram coletadas anualmente em janeiro dos anos de 2011, 2012 e 2013, coincidindo com o período de floração do milho, do arroz e da soja semeados entre outubro e novembro do ano anterior. Essas amostras foram encaminhadas para análise laboratorial específica para cada variável, com resultados submetidos à análise de redundância, para avaliar como as densidades dos fungos habitantes do solo variam em função dos bioindicadores estudados. Um modelo global contendo todos os indicadores de qualidade foi ajustado ($p < 0,001$), para em seguida realizar a *forward selection* de variáveis preditoras da densidade de fungos. Os seguintes bioindicadores foram selecionados como variáveis preditoras ($p < 0,05$): C-BM, N-BM, qCO_2 e RBS, além da umidade do solo. Os bioindicadores de qualidade, as rotações de cultura e os anos de coleta apresentam baixo poder de explicação da variação das densidades dos fungos habitantes do solo, quando avaliados de maneira isolada. Por outro lado, os efeitos em conjunto apresentam maior poder de explicação ($p < 0,01$), como observado entre rotações e anos de coleta ($R^2 \text{ adj} = 0,35$), entre rotações e bioindicadores do solo ($R^2 \text{ adj} = 0,39$) e entre diferentes anos e bioindicadores ($R^2 \text{ adj} = 0,41$). A análise de redundância demonstrou uma relação positiva entre as densidades de *F. oxysporum* com N-BM e RBS, e negativa com as populações de *Trichoderma* spp. Já o aumento de *F. solani* foi correlacionado aos aumentos de qCO_2 e RBS, mais expressivamente, e também à menor C-BM. As maiores densidades de *Trichoderma* spp. foram associadas à maior umidade do solo e às alterações proporcionadas pelas rotações de cultura. Fatores não controláveis (umidade do solo, tempo) também influenciam as populações fúngicas e indicam que o manejo de doenças radiculares orientado por indicadores de qualidade, é limitado devido à interferência de fatores ambientais. Considerando que o FSSC é o principal complexo fúngico causador de doença radicular em culturas como a soja e o feijão-comum, propõe-se o aumento do C-BM para a construção de supressividade em sistemas de ILP, em contraste com menores qCO_2 e RBS, que sugerem a degradação da matéria orgânica e estresse ambiental.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscilafito@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, mestre em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, professora na Faculdades Unidas do Vale do Araguaia, Nova Xavantina, MT, lidiannalemes@gmail.com

³ Farmacêutico, técnico de laboratório da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, elder.barbosa@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutorando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, renans.macedo@gmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.loblo@embrapa.br

Alterações na porosidade, na densidade e na condutividade hidráulica de um Gleissolo Háplico sob arroz irrigado por inundação

Yoná Serpa Mascarenhas¹, Vladia Correche², Mellissa Ananias Soler da Silva³

Os solos de várzeas, em razão da drenagem deficiente, naturalmente apresentam saturação por água ou alagamentos periódicos. O alagamento desencadeia uma série de alterações nas propriedades físicas, como a quebra dos agregados, mudanças na dinâmica do espaço poroso do solo, aumento da densidade e, conseqüentemente, nas propriedades hidráulicas e nas suas trocas gasosas. Essas alterações podem ser ainda mais marcantes pelo uso antrópico, tais como o tráfego de máquinas agrícolas e pisoteio de animais. Essas condições são desfavoráveis para muitas culturas, porém são favoráveis ao cultivo do arroz irrigado. O conhecimento da porosidade e da densidade, bem como da condutividade hidráulica servem como orientação para determinar um manejo mais adequado ao tipo de solo em uso, visto que são parâmetros que controlam as relações ar-água. Assim, é importante conhecer e monitorar as respostas do solo em decorrência do manejo aplicado. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a alteração da porosidade, da densidade e da condutividade hidráulica de um Gleissolo Háplico cultivado com arroz irrigado por inundação em sistema convencional. O estudo foi conduzido na Estação Experimental da Fazenda Palmital da Embrapa Arroz e Feijão, localizada no município de Goianira, GO, 16° 43' 33" S, 49° 38' 33" W e 785 metros de altitude média. O clima da região, de acordo com a classificação climática de Wilhelm Köppen, é do tipo Aw, com temperatura média anual do ar de 23,0 °C, precipitação pluvial média anual de 1.485 mm e a média anual da umidade relativa do ar de 71%. Para a determinação da porosidade, da densidade e da condutividade hidráulica (Khs) do solo, utilizou-se delineamento em blocos casualizados com três repetições, coletando-se amostras indeformadas com cilindros volumétricos em duas etapas, sendo uma antes da instalação da safra 2014/15, realizada em oito pontos para caracterização da área, e a segunda ao final da safra 2015/2016, 21 pontos amostrais correspondentes às parcelas avaliadas. Em ambos, foram retiradas amostras em sete camadas (0-5 cm, 5-10 cm, 10-15 cm, 15-20 cm, 20-30 cm, 30-40 cm e 40-50 cm). A densidade do solo, as variáveis referentes à porosidade (macro, micro e porosidade total) e a Khs apresentaram efeito significativo entre os anos estudados. A porosidade total e a densidade apresentaram diferenças estatísticas entre as profundidades estudadas, mostrando um efeito de interação entre o manejo e as profundidades para esses atributos físicos do solo. As práticas agrícolas de preparo e manejo, de modo geral, conferiram um aumento na microporosidade, diminuição da macroporosidade, da porosidade total e, conseqüentemente, da Khs do solo. No entanto, não houve um aumento na densidade, como é o esperado para a maioria dos solos, o que pode ser explicado pela incorporação de adubo verde na área, que pode ter elevado o teor de matéria orgânica e moderado sua taxa de mineralização, além de poder amenizar a compactação em decorrência do tráfego de máquinas agrícolas. O maior volume de microporos aumenta a capacidade de armazenamento de água no solo, sendo favorável ao cultivo do arroz irrigado por inundação. A Khs foi fortemente afetada pela diminuição da porosidade total do solo, tendo uma média variando de 5,91%, antes do cultivo, a 1,07%, depois dos dois anos de cultivos consecutivos. Assim, o período de dois anos de experimento foi suficiente para que o manejo mostrasse efeito significativo nas propriedades físicas do solo estudadas.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, yona.agro@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutora em Ciências da Energia Nuclear na Agricultura, professora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, vladiacorreche@hotmail.com

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mellissa.soler@embrapa.br

APRESENTAÇÃO EM PÔSTER

Graduação

Ciclo de vida do percevejo *Mecidea* sp. (Heteroptera: Pentatomidae) alimentado com panículas de arroz

Guilherme Carlos Brandão¹, Wellington Rodrigues de Abreu², José Alexandre Freitas Barrigossi³

Os percevejos do gênero *Mecidea* (Heteroptera: Pentatomidae) não são encontrados causando danos às culturas de importância econômica, no Brasil. Existem relatos de espécies deste gênero associadas a gramíneas, na região semiárida, mas sem relato de impacto econômico. As informações sobre este gênero são extremamente escassas na literatura, sendo encontrados apenas relatos sobre características taxonômicas de espécies que ocorrem nas Américas Central e do Norte. A espécie de *Mecidea*, objeto deste estudo, foi encontrada em setembro de 2016, nas casas teladas da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, alimentando-se em panículas de plantas de arroz. Para verificar a sua relação com o arroz como hospedeiro e determinar os parâmetros biológicos de seu ciclo, conduziu-se este trabalho. O estudo foi realizado em laboratório, em temperatura de 26 ± 1 °C, fotofase de 14hL:10hE. As repetições eram compostas por um conjunto de ovos/ninfas que variou entre 10 a 23, tamanho real das posturas coletadas na colônia. As ninfas de primeiro ínstar, devido ao seu comportamento gregário foram mantidas em Gerbox (11x11x3,5 cm) até atingirem o segundo ínstar, quando eram transferidas para panículas de arroz (BR IRGA 409), sempre leitosas e/ou pastosas, substituídas a cada três dias. Para a turgescência das espiguetas, a extremidade da haste das panículas era imersa em água. As avaliações foram realizadas diariamente verificando o período (dias) de cada estágio de desenvolvimento, confirmado pelas sucessivas mudas (exúvias) e verificando o número de óbitos. As exúvias eram registradas e removidas, assim como os indivíduos mortos. Um total de 313 indivíduos foi monitorado até a fase adulta. O ciclo completo da *Mecidea* sp. durou 21,82 dias. A duração em dias de cada ínstar foi: 1º ínstar $3,23 \pm 0,17$; 2º ínstar $3,56 \pm 0,27$; 3º ínstar $3,72 \pm 0,17$; 4º ínstar $3,95 \pm 0,14$; e 5º ínstar $5,28 \pm 0,18$. A média de eclosão dos ovos foi de 61,02%. As maiores taxas de mortalidade em ninfas ocorreram no primeiro (28,80%) e no segundo (22,06%) ínstars. No terceiro ínstar houve uma queda significativa na mortalidade (10,38%) em relação aos anteriores. No quarto, a mortalidade foi muito pequena (2,11%), já no quinto subiu em relação ao ínstar anterior (7,53%). Nosso estudo indica que esta espécie pode ter múltiplas gerações por ano, com potencial de se tornar uma praga frequente nos arrozais da região tropical. Os dados de desenvolvimento biológico desta espécie apresentados neste trabalho fornecem uma base para prever a fenologia das populações deste percevejo em campos de arroz. Contudo, estudos ecológicos são requeridos para determinar a sobrevivência e o desempenho reprodutivo de *Mecidea* sp. em condições de campo, bem como o seu dano potencial às panículas de arroz.

¹ Graduando em Engenharia Agrônoma, UniEvangélica - Centro Universitário de Anápolis, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, guiga425@gmail.com

² Graduando em Engenharia Agrônoma, UniEvangélica - Centro Universitário de Anápolis, Bolsista CNPq/PIBIC na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, wellington.abreu@colaborador.embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.barrigossi@embrapa.br

Avaliação do antagonismo de *Magnaporthe oryzae* por metabólitos bacterianos

Adriana Mendonça Barbosa¹, Marina Teixeira Arriel², Thânia Gonçalves Ribeiro³, Amanda Abdallah Chaibub⁴, Márcio Vinícius de Carvalho Barros Cortes⁵, Marta Cristina Corsi de Filippi⁶

O arroz (*Oryza sativa*) é uma planta da família das gramíneas que alimenta mais da metade da população humana. A brusone é a principal doença do arroz, causada por *Magnaporthe oryzae*, cujos danos podem comprometer até 100% da produtividade dos grãos. Quantidades excessivas de fungicidas químicos são aplicadas com o intuito de garantir a produção de cereais, favorecendo a resistência dos patógenos às moléculas químicas. O controle biológico é uma alternativa para compor e fortalecer o manejo integrado da doença, permitindo reduzir o número de aplicações de fungicidas. Trata-se de um método de controle racional e sadio, que tem como objetivo final o uso harmônico da microbiota natural sem deixar resíduos. O trabalho teve como objetivo investigar metodologias para a produção de metabólitos bacterianos, utilizando bactérias dos gêneros *Burkholderia pyrrocinia* (BRM 32113 - R46) e *Pseudomonas fluorescens* (BRM 32111 - R55), capazes de controlar *M. oryzae* na cultura do arroz. Os ensaios foram realizados no Laboratório de Microbiologia Agrícola da Embrapa Arroz e feijão, em Delineamento fatorial com três repetições, consistindo em 11 tratamentos (T1 - R55/5µl, T2 - R55/10µl, T3 - R55/20µl, T4 - R55/30µl, T5 - R55/40µl, T6 - R46/5µl, T7 - R46/10µl, T8 - R46/20µl, T9 - R46/30µl, T10 - R46/40µl e T11 - controle) em dois meios de cultura distintos, Simmons e Caldo Nutriente. Para a obtenção de filtrados, foram aplicadas alíquotas dos 20 µl das bactérias e transferidas para frascos contendo o meio Simmons e Caldo Nutriente, crescidos por 96 horas sob agitação a 150 rpm, sob temperatura de 28 °C e, posteriormente, a mistura da suspensão de Py 10900 a 3x10⁵ foi homogeneizada no meio BDA uniformemente em placa de Petri estéril. Depois de sete dias de crescimento, determinou-se o número de conídios germinados viáveis de *M. oryzae*. Os dados foram analisados por ANOVA, utilizando o programa SPSS (versão 18.0) e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey (P<0,05). Para a confirmação de análise antagonista realizou-se um ensaio de pareamento onde, em uma placa de Petri, foram adicionados discos de 5 mm do patógeno *M. oryzae*, distanciados a 5 cm da bactéria in natura, cultivada em caldo nutriente por 96 horas a 150 rpm sob temperatura de 28 °C e ajustada à densidade de 0,540 abs. A bactéria *Burkholderia pyrrocinia* (R46) teve 63% e a *Pseudomonas fluorescens* (R55), 52% de inibição em relação ao controle, confirmando o antagonismo entre estes agentes e o patógeno. Todos os tratamentos com filtrados metabólitos das bactérias *Burkholderia pyrrocinia* (R46) e *Pseudomonas fluorescens* (R55), aplicados em diferentes dosagens, diferiram do controle. Não houve diferença significativa de inibição entre os metabólitos obtidos com o cultivo das bactérias R46 e R55 nos meios Simmons e Caldo Nutriente. No meio de cultura Simmons, 10, 20, 30 e 40µl de metabólitos da bactéria R55 foram os mais eficientes, diferindo estatisticamente do controle de conídios *M. oryzae*. Os metabólitos, em todas as concentrações do isolado R46, diferiram estatisticamente do controle. Os metabólitos de ambos os isolados, R46 e R55, cultivados em Caldo Nutriente, inibiram a germinação de conídios de *M. oryzae*, sem diferença entre todas as concentrações, as quais diferiram estatisticamente do controle. Portanto, as metodologias utilizadas para as bactérias in natura e filtrados de metabólitos comprovaram o antagonismo entre as rizobactérias e o patógeno *M. oryzae*.

¹ Graduanda em Agronomia pela UniEvangélica, Centro Universitário de Anápolis, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adrianamendoncabarbosa@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, mestranda em Fitossanidade na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marina.arriel@hotmail.com

³ Bióloga, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thaniagribeiro@gmail.com

⁴ Bióloga, doutoranda em Fitopatologia pela Universidade de Brasília, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, amandachaibub@gmail.com

⁵ Farmacêutico, mestre em Bioquímica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcio.cortes@embrapa.br

⁶ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

Diversidade de artrópodes-praga e inimigos naturais em lavouras de arroz de terras altas

Ana Júlia da Silva Santos¹, Bernardo Mendes dos Santos², Pedro Henrique Lopes Sarmiento³

O arroz de terras altas é atacado por muitas espécies de artrópodes, sendo a maioria das espécies as mesmas que ocorrem no arroz cultivado em ambiente de terras baixas. No entanto, no ambiente de terras altas, quando o cultivo ocorre em áreas de rotação com outras culturas anuais, tais como soja, algodão, milho, sorgo, milheto e pastagens, é possível que pragas que se hospedem nestas culturas possam dispersar para as lavouras de arroz localizadas nas suas proximidades. Além da influência das culturas usadas em rotação, as alterações climáticas que vêm se intensificando nas últimas décadas, podem estar influenciando as populações de artrópodes tanto quanto à diversidade (número de espécies) como na intensidade e frequência de ocorrência das espécies. A primeira das três bases do manejo integrado de pragas é o conhecimento das espécies-praga com suas funções no sistema, seus inimigos naturais e outros organismos associados à cultura. No arroz cultivado em ambiente de terras altas, estudos que proporcionem respostas dessa natureza são escassos. O objetivo deste trabalho foi monitorar e identificar os artrópodes-praga e seus inimigos naturais na cultura do arroz de terras altas. O estudo foi conduzido no ano agrícola de 2016/2017, na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO. O monitoramento dos artrópodes foi realizado em duas lavouras, semanalmente, iniciando aos 35 dias após a emergência, estendendo-se até próximo da colheita. As amostragens foram realizadas de duas formas: Para os artrópodes da parte aérea, foi usada a rede entomológica (dez amostras de dez golpes de rede em cada amostragem); para os artrópodes de solo foram feitas contagens de plantas atacadas (mortas) em dez pontos com dois metros de fileira, determinando o fator causador da mortalidade. Os artrópodes capturados na rede entomológica, em cada ponto, eram acondicionados em sacos plásticos e posteriormente levados para o laboratório onde foi realizada a triagem e a identificação das espécies. Todos os indivíduos eram quantificados e agrupados em três categorias: fitófagos-praga, inimigos naturais (parasitoides ou predadores) e outros artrópodes (aqueles indivíduos que não foram considerados pragas, inimigos naturais ou não puderam ser identificados). Os dados foram submetidos à análise estatística descritiva. Os artrópodes que predominaram nas amostragens pertencem às classes Insecta e Araneae e suas frequências de ocorrência variaram com o estágio de desenvolvimento da cultura. No total foram encontradas 33 diferentes morfoespécies na cultura do arroz, distribuídas ao longo do ciclo da lavoura. Da emergência até o início do perfilhamento predominaram as cigarrinhas (*Cicadellidae* e *Cercopidae*) cujo número de indivíduos por dez batidas de rede atingiu 80. A população de percevejos (*Oebalus* spp. e *Tibraca limbativentris*), principal praga no arroz irrigado, foi muito baixa, não atingindo o nível de controle. Curiosamente, as espécies que predominaram em número nas amostragens com rede, foram inimigos naturais: parasitoides himenópteros, predadores dípteros, vespas, aranhas, joaninhas e tesourinhas. A lagarta-elasma (*Elasmopalpus lignosellus*) e cupins (*Procornitermes* sp.) avaliados por meio dos danos (plantas atacadas e mortas), ocorreram em baixa intensidade. A pressão imposta pelas pragas do arroz no ambiente de terras altas é, frequentemente, bem inferior à imposta no ambiente irrigado. Nas condições do estudo, nenhuma das espécies-praga que ocorreram se aproximaram do nível de controle. É possível inferir que as populações de agentes naturais de controle biológico desempenharam papel definitivo para a manutenção das populações de pragas abaixo do nível de controle.

¹ Graduanda em Agronomia pela Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anajulia.santos@colaborador.embrapa.br

² Engenheiro-agrônomo, especialista em Proteção de Plantas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, bernardo.santos@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, mestre em Socioeconomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pedro.sarmiento@embrapa.br

Avaliação de linhagens elite de pericarpo preto para o desenvolvimento de novas cultivares de arroz especial

Arthur Geraldo Leão Sanches Jorge¹, Nayara Ferreira de Alencar², Hayra Messias Candido³, Priscila Zaczuk Bassinello⁴, José Manoel Colombari Filho⁵

O arroz (*Oryza sativa* L.) alimenta mais da metade da população mundial, sendo a terceira maior cultura cerealífera do mundo e de relevância econômica e social em países em desenvolvimento, como o Brasil. O mercado brasileiro é ainda pouco diversificado e a sua preferência é pelo arroz branco polido, com formato longo e fino. No entanto, as tendências mundiais da alimentação têm influenciado, nos últimos anos, em direção à segmentação de produtos do setor orizícola do Brasil. Nesse sentido, a demanda por arroz de tipos especiais tem sido cada vez maior por consumidores que buscam alimentos funcionais ou com distintas propriedades sensoriais atribuídas à combinações de cores, formatos, sabores, aromas e texturas dos grãos. Assim, a Embrapa e parceiros têm envidado parte dos seus esforços para o desenvolvimento de cultivares de arroz de tipos especiais. O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar linhagens de pericarpo preto desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento de Arroz da Embrapa, visando o lançamento de novas cultivares. Em 2016/17, foram avaliadas 160 linhagens do cruzamento entre BRS Pampa e dois genitores de pericarpo preto, a linhagem SC 606 e a cultivar SCS 120 Ônix, sendo ambas provenientes do mesmo cruzamento entre Epagri 107 e Riso Nero. O ensaio de observação foi conduzido em Goianira, GO, adotando o delineamento de blocos aumentados de Federer, sem repetições, com as testemunhas (BRS Pampa, IAC 600 e SCS 120 Ônix) repetidas em blocos de 20 tratamentos. As parcelas foram constituídas de quatro linhas de 3 m de comprimento, com espaçamento de 0,17 m entre linhas. Na maturação, foram selecionadas 51 linhagens por apresentarem aceitação fenotípica satisfatória. Os caracteres avaliados foram: produção de grãos (PG); altura de plantas (AP); dias para o florescimento (DF); acamamento (AC); reação às doenças (brusone na folha, BF; brusone no pescoço, BP; mancha parda, MP; escaldadura, ESC; e mancha de grãos, MG); pubescência da lâmina da folha (PB) e presença de aristas (AR). Os resultados revelaram alta precisão experimental para AP e DF, com valores de 1,74% e 0,87%, respectivamente; e aceitável para PG, com 24,5%. Houve o predomínio de 63% de linhagens selecionadas com ciclo precoce ($72 \leq DF \leq 85$ DAS), assim como o genitor BRS Pampa. Foram selecionadas somente linhagens tolerantes ao AC, com nota 1 ("todas as plantas eretas"), sendo que a testemunha IAC 600 obteve nota 3. Também, buscou-se selecionar somente linhagens com reações de resistência às diferentes doenças, de modo que as notas obtidas para BF e BP foram iguais ou inferior a 3, enquanto a testemunha SCS 120 Ônix, um dos genitores dessas linhagens, apresentou-se susceptível a estas, com notas 5 e 4, respectivamente. Para as demais doenças, 74% das linhagens selecionadas tiveram sensibilidade baixa (nota 3) ou quase nenhum sinal visível (nota 1) para MP; 96% para ESC; e todas para MG. Quanto à pubescência da lâmina da folha e presença de aristas, 84% das linhagens possuem pubescência e 74% ausência de aristas. As amostras de grãos das parcelas colhidas estão sendo preparadas para as análises dos atributos que indicarão a qualidade industrial e culinária dos grãos. Para isto, com uso do equipamento S21, serão avaliados a renda e o rendimento de grãos inteiros, área gessada total dos grãos, comprimento e largura dos grãos e, em laboratório, o teor de amilose aparente, a temperatura de gelatinização e a determinação da cor dos grãos. Por fim, com base nos resultados já obtidos, as cinco linhagens mais promissoras para serem avançadas no desenvolvimento de cultivares de arroz irrigado para o mercado de tipos especiais foram: AE163079, AE163077, AE163131, AE163076 e AE163142.

¹ Graduando em Agronomia pela Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, bolsista do CNPq na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, arhursamagro@gmail.com

² Graduanda em Engenharia Agrônoma pela Faculdade Araguaia, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, nayara_alencar2312@hotmail.com

³ Graduanda em Agronomia pela Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, hayra-mess@hotmail.com

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

Cultivo e extração de DNA de isolados do agente etiológico da brusone do arroz

Aryanny Irene Domingos de Oliveira¹, Tiago Silva Oliveira², Fernanda Oliveira Magalhães³, Livia Teixeira Duarte Brandão⁴, Marta Cristina Corsi de Filippi⁵, Maria Monica Domingues Franco Cintra⁶, Lucia Vieira Hoffmann⁷

A brusone, causada pelo fungo *Pyricularia oryzae*, estado anamorfo de *Magnaporthe oryzae*, é considerada a doença mais importante que afeta a cultura de arroz (*Oryza sativa* L.), atacando as folhas, os nós dos colmos e diferentes partes da panícula, diminuindo a produtividade e podendo ocasionar perda completa da colheita. É a partir do conhecimento da estrutura genética do patógeno e da interação das diversas raças com as cultivares que pesquisas em brusone do arroz podem identificar novos genes de resistência e fazer sua incorporação em cultivares em uso. Assim, o objetivo do presente trabalho é avaliar a quantificação de DNA, a partir da extração do patógeno e, posteriormente, realizar o sequenciamento de genes de avirulência. Quatorze isolados foram selecionados de três diferentes Estados brasileiros, sendo tanto de terras altas (8731 (GO), 10938 (MT), 10940 (MT), 10925 (MT), 10953 (MT), 10956 (MT), 10960 (GO), 10962 (MT), 11048 (GO)) quanto irrigados (10007 (TO), 10726 (TO), 10794 (SC), 10846 (TO), 10885 (SC)). A extração de DNA foi realizada após quatorze dias do crescimento da repicagem para placas de Petri contendo meio BDA com tetraciclina, utilizando o protocolo modificado de Dellaporte (1983), com duas repetições de nove isolados, 10953, 10885, 10940, 10925, 10794, 10960, 10938, 10962, 10726, e apenas uma para o isolado 10956. Em seguida, realizou-se a quantificação, aplicando 2 µL de DNA estoque no Nanodrop 2000, e para a verificação da pureza das amostras, o valor da absorbância do DNA foi dividido pelo valor da absorbância de proteínas. Os isolados irrigados apresentaram valores de 1,56 a 2,06, enquanto os de terras altas foram de 1,86 a 2,33, com exceção do isolado 10956 que apresentou valor de 3,89. A pureza dos DNAs extraídos foi boa e observada pela relação entre absorbância a 260nm/280nm, $\geq 1,8$ e $\leq 2,20$, verificou-se que tanto os irrigados quanto os de terras altas apresentaram, em sua maioria, resultados satisfatórios, apontando apenas um dos isolados (10885) menor que o valor 1,8, e um isolado (10956) maior que o valor 2,20, o que pode ser um indicativo, respectivamente, de compostos orgânicos, como o fenol, e o RNA. Todos os isolados, mediante a extração, serão amplificados por PCR para o sequenciamento de genes de avirulência do patógeno.

¹ Graduanda em Ciências Biológicas, Instituto Federal Goiano - Campus Urutaí, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aryannybioifurutai@gmail.com

² Biólogo, mestre em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Campinas, São Paulo, SP, tsoliveira@gmail.com

³ Química, especialista em Tratamento de Resíduos, Universidade Federal de Goiás, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fernanda.magalhae@gmail.com

⁴ Mestre em Ciências Farmacêuticas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, livia.duarte@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

⁶ Engenheira-agrônoma, mestre em Melhoramento Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, maria.cintra@embrapa.br

⁷ Engenheira-agrônoma, doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, lucia.hoffmann@embrapa.br

Tendências e projeções da temperatura do ar no Estado de Goiás

Brunna Emily Santos Silva¹, Pedro Henrique Silva Farias², Silvando Carlos da Silva³, Alessandra da Cunha Moraes⁴, Alexandre Bryan Heinemann⁵

A temperatura do ar é um dos principais elementos climáticos condicionantes para a produção vegetal e exerce influência sobre o crescimento e o desenvolvimento das plantas, devido à sua implicação na velocidade das reações químicas e processos de transporte internos, os quais podem afetar diversas atividades enzimáticas. O aumento da temperatura do ar pode causar encurtamento do ciclo da cultura e elevação da respiração vegetal. Sabendo-se da importância da temperatura do ar para a produtividade agrícola, e diante de tantos questionamentos sobre a ocorrência de uma tendência (passado) e projeção (futuro) de aumento, este estudo propôs verificar e quantificar o possível aumento da temperatura do ar no Estado de Goiás. Para a análise da tendência da temperatura (1980 a 2013), foram aplicados quatro métodos: a) coeficiente angular, que infere uma possível tendência de mudança da temperatura do ar, caso o resultado seja diferente de zero; b) mapas de extremos construídos através do resultado da média ajustada das temperaturas históricas, máximas e mínimas; c) análise de década, comparando a média da década da temperatura média dos seguintes períodos: 1980-1989, 1990-1999 e 2000-2009; e d) avaliação de incremento da temperatura, comparando a temperatura média (dia/ano) com uma temperatura de referência denominada "Base Line". Para os métodos a e b, utilizou os dados históricos diários (1980 a 2013) da temperatura do ar média de 75 estações climáticas localizadas no Estado de Goiás. Concomitantemente, os métodos c e d foram calculados a partir de seis estações climáticas selecionadas em sítios contrastantes de Goiás. Para a projeção futura da temperatura do ar (2020 a 2045), realizou-se o *downscaling* para um conjunto de 12 modelos climáticos globais (MCG) que fazem parte do CMIP5, considerando-se quatro cenários futuros (RCP 2,6; 4,5; 6,0 e 8,5). Essa projeção considerou somente a época das águas, característica do bioma cerrado (outubro a abril). Os resultados obtidos nas análises de coeficiente angular (a) indicaram que 57 das 75 estações apresentaram resultado positivo, ou seja, mostrou a tendência de aumento da temperatura média ao longo dos anos. Ao fragmentar os dados de temperatura média do ar na época das águas e da seca, características do bioma cerrado, os resultados do coeficiente angular (a) positivo aumentaram para 68 das 75 estações, confirmando essa tendência de aumento da temperatura, de 1980 a 2013. Os mapas de extremos (b) revelaram o oeste do Estado, como a região que apresentou as temperaturas mais elevadas. O aumento da temperatura média ao longo das décadas (c) foi de, aproximadamente, 3 °C para as seis estações avaliadas nesta análise. Já na análise de incremento térmico, a diferença entre a temperatura de referência e as obtidas nas estações de avaliação variou de -1 °C a 2 °C, nas seis estações (d). Para a projeção, os 12 MCG apresentaram concordância no aumento da temperatura no Estado de Goiás. O cenário RCP 8.5 (não mitigação) apresentou o maior aumento da projeção da temperatura média do ar. Diante dos fatos, podemos inferir a ocorrência de um aumento da temperatura do ar média ao longo dos anos (1980-2013) no Estado de Goiás. Esse aumento é confirmado na projeção futura.

¹ Graduanda em Agronomia pela Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, brunna_emilly13@hotmail.com

² Graduando em Engenharia de Software pela Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pedrohenriquedrim@hotmail.com

³ Engenheiro agrícola, mestre em Agrometeorologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, silvando.silva@embrapa.br

⁴ Geógrafa, especialista em geoprocessamento, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alessandra.moraes@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, Doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

Desempenho produtivo da cultivar de feijão BRS Esteio em unidades demonstrativas na região Centro-Sul do Paraná, 2015/2016

Cácio José Peres de Oliveira¹, Luciene Fróes Camarano de Oliveira², Aluisio Goulart Silva³, Jose Luis Cabrera Díaz⁴, Germano do Rosário Ferreira Kusdra⁵, Márcia Gonzaga de Castro Oliveira⁶

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um dos alimentos de vários povos, constituindo a sua principal fonte de proteína vegetal. Seu teor proteico pode chegar a 33%; com valor energético de 341 cal/100 g é um dos componentes básicos da dieta dos brasileiros, sendo consumido com o arroz na maioria das refeições. O Brasil é um dos principais produtores de feijão do mundo e, do total dessa produção 33% provém da Região Sul, onde o estado do Paraná se destaca como o maior produtor, atingindo a marca de 588,6 mil toneladas na safra 2015/2016, representando 23,4% da soma das três safras colhidas. A importância do Paraná no cenário de produção nacional justificou a necessidade de profissionalização de técnicos e agricultores familiares para promover o desenvolvimento regional e melhorar a rentabilidade da agricultura familiar, com base na sucessão das culturas de feijão e milho. O Projeto Grãos Centro-Sul de Feijão e Milho teve início na safra 1988/89, com foco no aumento da produtividade, diminuição de perdas e melhoria da eficiência do sistema produtivo. O projeto foi viabilizado pela parceria entre a Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Paraná (Emater-PR), a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), o Instituto Agronômico do Paraná (Iapar) e a Syngenta. O objetivo deste estudo foi demonstrar o desempenho da cultivar BRS Esteio no Paraná, utilizando os resultados das Unidades Demonstrativas (UDs) conduzidas pela Emater, no escopo do Projeto Centro-Sul de Feijão e Milho. Em todas as UD's foi aplicado um questionário estruturado onde as variáveis consultadas foram: produtividade (kg ha⁻¹), sistema de plantio (direto ou convencional) e data de plantio. Foram implantadas um total de 56 UD's em seis diferentes regiões do Estado, oito na região de Curitiba, sete na região de Guarapuava, 19 na região de Irati, 11 na região de Ponta Grossa, dez na região de União da Vitória e uma na região de Ivaiporã, num total de 24 municípios, onde a BRS Esteio foi comparada com cultivares IPR (IPR Tuiuiú e IPR Inhambu), em UD's de um hectare cada, implantadas em 15 destes municípios, possibilitando, dessa forma, o acompanhamento e a análise do desempenho de uma cultivar que foi desenvolvida/melhorada em laboratório e nos campos experimentais, num universo de competitividade real de capacidade de produção. Os resultados indicaram que a cultivar BRS Esteio foi superior em rendimento às demais avaliadas na safra 2015/2016, na maioria dos municípios testados, indicando seu elevado potencial produtivo na região Centro-Sul do Paraná.

¹ Graduando em Agronomia, Faculdade Araguaia, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cacio.oliveira@colaborador.embrapa.br

² Engenheira-agrônoma, mestre em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luciene.camarano@embrapa.br

³ Zootecnista, Ph.D. em Ciência e Tecnologia Agrária, Ambiental e Alimentar, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluisio.silva@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, especialista em Produção de Sementes, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.diaz@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, Instituto Paranaense de Assistência Técnica e Extensão Rural, Curitiba, PR, germano@emater.pr.gov.br

⁶ Engenheira-agrícola, mestre em Engenharia Agrícola, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás-GO Santo Antônio de Goiás, GO, marcia.gonzaga@embrapa.br

Suscetibilidade de ovos e ninfas de *Bemisia tabaci* a inseticidas químicos

Dannilo Vono Moura da Rocha¹, Leandro Freire Corrêa², Eliane Dias Quintela³, José Francisco Arruda e Silva⁴, Edmar Cardoso de Moura⁵

A mosca-branca, *Bemisia tabaci*, tem causado perdas excessivas na produção de grãos, causando danos diretos pela alimentação da seiva do floema e por distúrbios fisiológicos na planta. Os danos indiretos são devidos à transmissão de vírus (mais de 300 espécies) e pela excreção de substância açucarada que favorece o crescimento de fungos nas folhas. Existem vários inseticidas químicos registrados para o controle da mosca-branca, mas pouco se sabe sobre a eficiência destes sobre as diferentes fases de desenvolvimento desse inseto. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência de diferentes inseticidas químicos sobre os ovos e ninfas do primeiro ao quarto ínstar de *B. tabaci*. Foram conduzidos cinco experimentos com os seguintes inseticidas em dosagens equivalentes do produto comercial/ha: espiromesifeno a 500 mL p.c./ha, espiromesifeno a 500 mL/ha + imidacloprido + betaciflutrina a 750 mL/ha, flupyradifurone a 500 e 750 mL/ha, cyantraniliprole a 750 mL/ha, piriproxifem a 250 mL/ha e uma testemunha sem aplicação de inseticidas. O delineamento foi em desenho inteiramente casualizado com cinco repetições por tratamento. As repetições foram constituídas de duas plantas de soja por vaso. Para a obtenção dos insetos, as plantas de soja no estágio de primeira folha trifoliolada foram infestadas com adultos da mosca-branca, da criação para a oviposição, por seis horas. Após esse período foram retirados os adultos das plântulas com auxílio de um aspirador manual e os vasos foram transferidos para outra casa telada. Quando os insetos estavam na fase de ovos de três dias, ninfas de primeiro, segundo, terceiro e quarto ínstar, as plantas foram pulverizadas com os inseticidas, utilizando um pulverizador de pressão acumulada, bico cone regulável (34 mm de diâmetro). A avaliação de mortalidade de ovos e ninfas foi realizada a cada dois ou três dias, até a emergência dos adultos, coletando-se quatro folhas de plantas diferentes por data de avaliação (quatro folhas/tratamento). Nenhum dos inseticidas matou ovos de mosca-branca. Entretanto, os inseticidas mataram as ninfas que emergiram dos ovos tratados. As ninfas de primeiro e segundo ínstar foram mais suscetíveis aos inseticidas químicos que as ninfas de terceiro e quarto. A mortalidade de ninfas de quarto ínstar pelos inseticidas foi $\leq 19,1\%$. Os inseticidas espiromesifeno em mistura com imidacloprido + beta ciflutrina, flupyradifurone e o ciantraniliprole mataram mais rapidamente as ninfas de primeiro e segundo ínstar, em comparação ao espiromesifeno sozinho e o piriproxifem. Esses resultados demonstram que as pulverizações de inseticidas químicos devem ser realizadas quando as ninfas de *B. tabaci* estiverem nos primeiros estágios ninfais, no início da colonização das plantas.

¹ Estudante de Agronomia da Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa arroz e feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, dannilovono@hotmail.com

² Biólogo, Centro Universitário de Goiás da Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, lenadrofreire16@gmail.com

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, eliane.quintela@embrapa.br

⁴ Técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.arruda-silva@embrapa.br

⁵ Assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, edmar.moura@embrapa.br

Avaliação da produtividade de grãos em arroz (*Oryza sativa*) geneticamente modificado, cultivado em dois níveis de fertilidade do solo

Douglas Eterno Louza Sartori¹, João Antônio Mendonça, Luann Vila Verde de Oliveira Lima³, Millene Gomes⁴, João Augusto⁵, Claudio Brondani⁶, Rosana Pereira Vianello⁷

A produção do arroz no Brasil é muito próxima à quantidade consumida e, diante da projeção de crescimento populacional, é fundamental antecipar as demandas de aumento da produtividade, mesmo em condições adversas de cultivo. A baixa fertilidade é um dos fatores limitantes da agricultura. O aumento da produtividade através do desenvolvimento de organismos geneticamente modificados (OGMs) superexpressando genes previamente relacionados a esse caráter é uma alternativa que deve ser avaliada, a fim de obter ganhos de produtividade superiores ao limite esperado para determinada espécie. O objetivo deste estudo foi avaliar a produtividade de grãos da cultivar BRSMG Curinga, geneticamente modificada pela superexpressão dos genes AVP e Rubisco. O experimento foi conduzido em telado com CQB (Certificado de Qualidade em Biossegurança), na Fazenda Capivara, da Embrapa Arroz e Feijão, entre novembro de 2016 a fevereiro de 2017. Foram avaliados 38 eventos independentes (16 eventos AVP e 22 eventos Rubisco da geração T2) e quatro testemunhas (BRSMG Curinga, não-GM; BRS Esmeralda; Douradão; e arroz GM pelo gene PLD). O delineamento experimental foi em Látice 6 x 7, estabelecido em dois ensaios, um constituído por solo de baixa fertilidade e outro por esse mesmo solo, com correção de fertilidade. Cada parcela foi constituída por um vaso com três plantas. As plantas GM do experimento foram selecionadas por pincelamento de folhas com o herbicida Liberty. A produtividade média para Rubisco e AVP, no ensaio com fertilidade corrigida, foi de 12,6 g e 11,8 g/planta, enquanto que no ensaio de baixa fertilidade, as médias foram de 3,3 g e 3,2 g/planta, respectivamente. Considerando as testemunhas, a produtividade média foi de 5,8 g e 3,5 g/planta, com e sem correção de solo, respectivamente. Através do teste de Scott & Knott ($p < 0,05$), 21 eventos Rubisco e AVP foram estatisticamente mais produtivos no solo com fertilidade corrigida, enquanto em solo de baixa produtividade, três eventos foram significativamente mais produtivos. Somente um evento GM (AVP) foi significativamente mais produtivo em ambos os níveis de fertilidade do solo. As próximas etapas do trabalho envolverão novo experimento na geração T3 do arroz GM e a avaliação do nível de expressão ectópica dos genes AVP e Rubisco, pela técnica de RT-qPCR.

¹ Estudante de graduação em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, losa_3636@hotmail.com

² Técnico Agrícola da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

³ Estudante de graduação em Ciências Biológicas, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luannvv@gmail.com

⁴ Estudante de graduação em Agronomia, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, milleneegomes@gmail.com

⁵ Doutorando em Biologia Molecular, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, augusto.joao@outlook.com

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO claudio.brondani@embrapa.br

⁷ Bióloga, doutora em Biologia Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

Avaliação da porcentagem de germinação em sementes recém-colhidas de quatro cultivares de arroz irrigado

Eden Lucas de Oliveira Benevides¹, Bruna Ferreira Martins², Paulo Hideo Nakano Rangel³

O arroz irrigado desempenha papel de grande importância na geração de divisas e de emprego para o estado do Tocantins. O Estado é o terceiro maior produtor de arroz do Brasil e, estima-se que na safra 2016/2017 deverá produzir cerca de 619 mil toneladas de arroz em casca, em uma área cultivada de 130 mil hectares. O cultivo do arroz neste estado é realizado na época das chuvas, quando ocorrem elevadas temperaturas e umidade relativa do ar. Devido a isso, em algumas cultivares pode ocorrer a geminação do grão na panícula, ocasionando perdas na qualidade do produto colhido. O trabalho teve como objetivo avaliar a porcentagem de germinação em grãos em seis épocas de colheita, espaçadas sete dias uma da outra, em quatro cultivares de arroz irrigado (BRS Catiana, BRS A702 CL, BRS Pampeira e IRGA 424) dentro de quatro sistemas de irrigação (ICC = inundação contínua, IIF = inundação intermitente até o florescimento, IIC = inundação intermitente durante o ciclo, e SSC = solo saturado). O experimento foi conduzido no Banco de Germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão, em germinador de sementes ajustado para uma temperatura de 29,5 °C e uma saturação de umidade de 95%, por sete dias. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso com dezesseis tratamentos e quatro repetições. Cada parcela foi formada por uma placa de Petri com 50 sementes com água. Ao final do experimento, contou-se o número de sementes germinadas e calculou-se a porcentagem de germinação. Os dados de germinação foram transformados para $(\sqrt{x} + 1)$. Os dados transformados foram analisados utilizando o software Genes. Considerando a análise conjunta envolvendo as seis épocas de colheita, não se observou diferença significativa entre as médias dos tratamentos, utilizando o teste de Tukey a 5% de probabilidade. De maneira geral, a média de germinação de sementes das quatro cultivares foi de baixa magnitude, variando de 2,48% para a BRS Catiana, 2,75% para a BRS A702 CL, 3,22% para a BRS Pampeira e 3,92% para a IRGA 424.

¹ Estudante de graduação em Agronomia da Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, agrobenevides@gmail.com

² Estudante de graduação em Ciências Biológicas, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, biofmartins@gmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br

Lâmina de água para o feijoeiro em Cristalina, GO

Enio do Nascimento Santos¹, Wallace Gonçalves da Luz¹, Silvano Carlos da Silva², Alexandre Bryan Heinemann³

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a espécie mais cultivada do gênero *Phaseolus*. O Brasil é o maior produtor mundial dessa espécie, com produção anual, na safra 2013/2014, da ordem de 3,8 milhões de toneladas, considerando as três safras de cultivo normalmente praticadas, águas, seca e outono/inverno. No cultivo de outono/inverno, as semeaduras são realizadas de 1º de maio a 20 de junho, sendo a região Centro-Oeste o segundo maior produtor nacional, com a participação de 42,9% da produção total nacional, tendo Goiás como o maior produtor da região, contribuindo com 62% da produção total. Em Goiás, Cristalina é o município que apresenta a maior área cultivada na safra outono/inverno, conduzida sob irrigação. Nesse município concentra-se 25% dos 2.519 pivôs centrais existentes no estado de Goiás e a área irrigada por esse equipamento corresponde a 50.722 hectares. Atualmente, por conta do uso da água do rio São Marcos, no inverno, há uma disputa entre os irrigantes e a usina hidrelétrica Batalha. Um dos grandes desafios, do ponto de vista econômico e ambiental, é otimizar o volume de água utilizado no sistema produtivo. Este trabalho teve por objetivo determinar a lâmina de água média a ser utilizada no outono/inverno por um sistema de irrigação por aspersão, considerando o período de semeadura na região. Para isso, foi utilizado o modelo de processo orientado CSM-CROPGRO-Drybean para simular os efeitos de seis datas de semeadura (1º, 10 e 20 de maio e 1º, 10 e 20 de junho) na demanda da lâmina de água. A produtividade, o crescimento e o desenvolvimento do feijoeiro foram simulados pelo modelo de processo orientado CSM-CROPGRO-Drybean. Esse modelo simula a produtividade, desenvolvimento e crescimento do feijoeiro, com saídas diárias, e também os balanços de água, nitrogênio e carbono no solo, tendo como dados de entrada as variáveis climáticas diárias (precipitação pluvial, temperaturas máxima e mínima do ar e a radiação solar global) para o período de 1980 a 2014, dados de solo (capacidade de campo, ponto de murcha e profundidade do solo) e características fenotípicas do genótipo. Neste estudo, os dados de solo são valores médios obtidos de amostras de Latossolos Vermelhos distróficos analisadas no laboratório de solos da Embrapa Arroz e Feijão. As características fenotípicas são parâmetros que regem o desenvolvimento e o crescimento de um determinado genótipo. Os dados fenotípicos foram obtidos por meio de experimentação em campo realizada na Embrapa Arroz e Feijão. O modelo foi parametrizado e avaliado para a cultivar Pérola. A produtividade média simulada considerando as seis datas de semeadura foi de 3.211 kg ha⁻¹. A produtividade simulada correlacionou positivamente com as temperaturas mínima e máxima do ar com a radiação global solar. O ciclo médio da Pérola foi de 110 dias após a emergência para as semeaduras em maio e, para as semeaduras em junho ocorreu um decréscimo de cinco dias no ciclo da cultivar. A quantidade de água requerida foi, em média, de 258 mm por ciclo de cultivo e a eficiência do uso da água (EUA) variou de 1,52 a 1,17 kg m⁻³.

¹ Graduando em Agronomia, Universidade Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, enio_nsantos@hotmail.com

² Engenheiro-agrícola, mestre em Agrometeorologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, silvano.silva@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

Desenvolvimento de plantas de arroz de terras altas afetado por *Azospirillum* spp.

Gabriel Henrique Rosa dos Santos¹, João Mário Moreira Dias¹, Adriano Stephan Nascente²

O uso de tecnologias alternativas para reduzir a necessidade de fertilizantes nitrogenados na cultura de arroz inclui sua inoculação com bactérias endofíticas. Estas bactérias são capazes de reduzir o N atmosférico, tornando assim assimilável pelas plantas. A fixação biológica, realizada por bactérias diazotróficas é um processo de grande importância porque é responsável pela incorporação de quantidades consideráveis de N atmosférico, tanto em ecossistemas naturais quanto em sistemas agrícolas. O objetivo foi determinar o efeito da inoculação de sementes de cepas de *Azospirillum* spp. na biomassa vegetal, na concentração de nutrientes foliares, nos componentes de produção, na produção de grãos e na concentração de nutrientes em grãos de arroz de terras altas em sistemas de plantio direto em uma região do Cerrado. O experimento foi conduzido sob condições de sequeiro e organizado em esquema fatorial, em blocos ao acaso, com três repetições, durante a safra 2015/16. Os tratamentos consistiram em sementes de arroz inoculadas por cepas de *Azospirillum* spp. (*Azospirillum brasilense* 245, *Hernaspirillum seropedicae* Z94, *Azospirillum brasilense* comercial (estirpes Ab V5 e Ab V6) e sem *Azospirillum*). Não houve efeito dos tipos de microrganismos sobre o conteúdo de nutrientes em plantas de arroz. Quanto às concentrações de macro e micronutrientes de folhas de arroz nos tratamentos com bactérias diazotróficas em relação ao controle (sem tratamento com bactérias) não houve diferenças para todos os nutrientes. A única exceção foi a concentração de P em plantas tratadas por *Azospirillum* comercial, que diferiu do tratamento controle. A biomassa seca foi afetada pelo tipo de bactéria. As estirpes 245 de *Azospirillum brasilenses* e a Z94 de *Hernaspirillum seropedicae* não diferiram, e a cepa 245 de *A. brasilenses* diferiu da *Azospirillum* comercial. O número de panículas por planta, o número de grãos por panícula, a massa de 100 grãos e o rendimento de grãos e nutrientes nos grãos de arroz de terras altas não foram afetados pelo tipo de bactéria. O tratamento controle não diferiu em nenhuma destas variáveis, incluindo a biomassa seca da parte aérea. De acordo com nossos resultados, o uso de bactérias não foi eficaz para proporcionar melhor desenvolvimento de plantas de arroz. Isso pode ser devido aos altos níveis de matéria orgânica no solo (39,90 g dm⁻³). Sabe-se que as bactérias diazotróficas proporcionam aumento no desenvolvimento da planta devido à incorporação de N atmosférico, tanto em ecossistemas naturais como em sistemas agrícolas. No entanto, em nosso estudo, devido ao alto nível de matéria orgânica do solo, é provável que a liberação de N tenha sido suficiente para atender às necessidades da planta e o N fixado pelas bactérias não proporcionou aumento no seu desenvolvimento. O uso de bactérias diazotróficas em solo com alto teor de matéria orgânica não proporcionou aumento no desenvolvimento do arroz de terras altas.

¹ Estudante de graduação em Agronomia da Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gabrielprataros@gmail.com; joao.dias@colaborador.embrapa.br

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.nascente@embrapa.br

Screening de acessos de arroz de terras altas para eficiência de absorção/assimilação de N-NO_3^-

Gabriel Saraiva Rios¹, Tatiana Maris Ferraresi², Isabela Volpi Furtini³, Adriano Pereira de Castro⁴, Anna Cristina Lanna⁵

O Brasil é um dos principais países em que o arroz de terras altas desempenha papel fundamental no abastecimento interno de grãos para a população. Para o arroz de terras altas aumentar sua importância no cenário nacional, a melhoria do potencial de produção e da estabilidade de rendimento, bem como do desenvolvimento de sistemas de manejo sustentáveis, são prioridades dentro do programa de melhoramento dessa espécie. Um dos fatores mais críticos para o estabelecimento do arroz de terras altas no campo recai no sucesso de sua competitividade com plantas daninhas. Em decorrência disso, a busca de conhecimento sobre fatores que influenciam a rapidez de emergência e o crescimento inicial das plantas é altamente desejável, uma vez que são características fisiológicas que promovem a aceleração da ocupação do espaço e a utilização dos recursos nutricionais disponíveis no solo. Dentre os nutrientes essenciais para o crescimento da planta de arroz de terras altas, o nitrogênio (N) é o mais crítico durante as fases iniciais do desenvolvimento e, uma das principais hipóteses é a de que o baixo vigor inicial das plantas é devido a uma baixa eficiência na taxa de absorção/assimilação do N. No ecossistema de terras altas, o nitrato (NO_3^-) é a forma predominante de N mineral. A rota de absorção/assimilação de N-NO_3^- envolve uma série sequencial de reações, sendo que uma das etapas mais críticas do processo é a conversão do NO_3^- a NO_2^- (nitrito), catalisada pela enzima Nitrato Redutase (NR). Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar a atividade da NR em 15 acessos de arroz de terras altas e selecionar os mais responsivos ao N na fase inicial de desenvolvimento da planta. Para tanto, as sementes de arroz foram pré-germinadas por imersão durante 48 horas e transferidas, após cinco dias, para um sistema de crescimento, composto por bandejas em células (areia como meio de crescimento), bandeja célula única e um reservatório de solução nutritiva, modificada para fornecer 40 mg dm_3^{-1} de NH_4NO_3 . O pH, a condutividade elétrica da solução nutritiva e as condições ambientais (temperatura e umidade relativa do ar) foram monitorados diariamente. Dois grupos contendo oito acessos de arroz, a cada 20 dias, foram avaliados num delineamento em blocos casualizados com três repetições. Aos 7 e 14 DAT (dias após o transplante) foi avaliada a altura da planta (cm) e, aos 14 DAT, foi avaliada a atividade da NR da parte aérea da planta de arroz de terras altas, por espectrofotometria UV/Vis a 540 nm, utilizando reagentes colorimétricos que complexam com o produto da reação enzimática (NO_2^-) (formação de um complexo de coloração rosa). A atividade de NR foi expressa em $\mu\text{mol NO}_2^- \text{ h}^{-1} \text{ g}^{-1}$ massa fresca com base em curva de calibração construída a partir da solução padrão estoque, $100 \mu\text{mol L}^{-1}$ de NaNO_2 . O conteúdo de NO_2^- na parte aérea das plantas de arroz de terras altas foi calculado pela referência ao gráfico de calibração, plotado a partir dos resultados obtidos com as soluções-padrão diluídas, 0, 20, 40, 60, 80 e $100 \mu\text{mol L}^{-1}$ de NO_2^- . A altura de plantas variou significativamente entre os genótipos, sendo TOX 503-4-115-B-B (BGA004788) o genótipo de menor altura e BRA042156 (BGA010802) o de maior altura. A atividade de NR dos acessos BRS Pepita (BGA009019) ($0,51 \mu\text{mol NO}_2^- \text{ h}^{-1} \text{ g}^{-1}$ MF), BRA02601 (BGA010791) ($0,56 \mu\text{mol NO}_2^- \text{ h}^{-1} \text{ g}^{-1}$ MF) e BRSGO Serra Dourada (BGA014150) ($0,58 \mu\text{mol NO}_2^- \text{ h}^{-1} \text{ g}^{-1}$ MF) foi significativamente superior aos demais genótipos. Esses resultados sugerem que existe variabilidade genética nos acessos de arroz de terras altas, integrantes da Coleção Nuclear da Embrapa, quanto à eficiência na absorção/assimilação de N. Esse tema fará parte do portfólio de pesquisa da Embrapa Arroz e Feijão, considerando BRS Pepita, BRA02601 e BRSGO Serra Dourada genótipos-piloto para elucidar os mecanismos bioquímicos de maior eficiência na competição pela disponibilidade do NO_3^- no solo.

¹ Estudante de Agronomia da Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gsaraivaswag@gmail.com

² Farmacêutica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tatiana.ferraresi@embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, isabela.furtini@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

⁵ Química, doutora em Fisiologia Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

Desempenho agrônômico de linhagens de arroz irrigado em ensaios de VCU para tipos especiais

Hayra Messias Candido¹, Arthur Geraldo Leão Sanches Jorge², Nayara Ferreira de Alencar³, Ariano Martins de Magalhaes Junior⁴, Priscila Zaczuk Bassinello⁵, José Manoel Colombari Filho⁶

Em qualquer espécie cultivada o desenvolvimento de novas cultivares é ininterrupto, na busca por avanços genéticos, bem como ofertar novas opções ao mercado. Ao longo de décadas, os programas de melhoramento genético de arroz (*Oryza sativa* L.) no Brasil têm priorizado o desenvolvimento de cultivares para o tipo longo-fino, branco polido, uma vez que o país consome esse padrão, mesmo diante da variabilidade de qualidades distintas dos grãos, de modo que qualifica como “tipos especiais” aqueles que diferem do padrão “agulhinha”. A Embrapa e parceiros tem envidado parte dos seus esforços no desenvolvimento de cultivares de arroz de tipos especiais para atender à crescente demanda da segmentação de mercado. Dentre estes, os aromáticos recebem destaque, pois a presença de aroma é considerada uma característica de alta agregação de valor. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônômico de linhagens de arroz aromático dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), conduzidos nos estados de São Paulo e Rio Grande do Sul, em 2014/15 e 2015/16. Os ensaios foram compostos por doze tratamentos, sendo oito linhagens de arroz aromático tipo basmati, desenvolvidas a partir do cruzamento Pusa Basmati x Diwani; uma linhagem (Jasmine 85; registro PI 595927) de arroz aromático tipo jasmine; e mais três cultivares como testemunhas (EPAGRI 109, EMPASC 104 e IRGA 417). Os ensaios foram conduzidos em Guaratinguetá, SP, Pindamonhangaba, SP, Tremembé, SP, Alegrete, RS, Capão do Leão, RS e Santa Vitória do Palmar, RS, adotando o delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições. As parcelas foram compostas de oito linhas de 5 m de comprimento, com espaçamento de 0,17 m entrelinhas. Os resultados das análises de variância, realizadas pelo programa SAS®, revelaram uma precisão experimental satisfatória com coeficientes de variação de 15,9% e 14,7% para produtividade de grãos (PG) nos estados de São Paulo e Rio Grande do Sul, respectivamente. O efeito da interação genótipo x local foi significativo, o que ressalta a existência de linhagens com adaptabilidades diferentes a cada ambiente, tornando, assim, importante a identificação daquelas mais estáveis entre os ambientes. Em São Paulo ocorreu a maior variabilidade das médias dos tratamentos para PG, com valores entre 4.947 kg ha⁻¹ (AE131028) e 8.343 kg ha⁻¹ (EPAGRI 109), enquanto no Rio Grande do Sul variou entre 7.183 kg ha⁻¹ (AE131025) e 9.164 kg ha⁻¹ (IRGA 417). A linhagem AE131175 foi a mais produtiva em São Paulo, com 6.385 kg ha⁻¹, enquanto para o Rio Grande do Sul foi a linhagem AE131022, com 8.962 kg ha⁻¹. Considerando todos os locais, as melhores linhagens para PG e que não diferiram entre si foram: AE131022 (7.518 kg ha⁻¹), AE131175 (7.271 kg ha⁻¹), AE131021 (7.161 kg ha⁻¹) e AE131415 (7.104 kg ha⁻¹). Duas destas têm ciclo precoce (AE131021 e AE131175), como a cultivar IRGA 417; e as demais ciclo médio, com o número de dias para o florescimento (DF) perto de 86 DAS, não havendo linhagens de ciclo tardio como a EPAGRI 109. A altura de plantas (AP) das linhagens variou entre 96 cm e 104 cm e todas possuíam tolerância ao acamamento (AC), sendo 1,7 (AE131021) o maior valor da média observada para notas de AC, com nota 1 para todas as plantas na vertical. As reações de resistência as diferentes doenças foram satisfatórias, com a ocorrência de somente uma linhagem com problemas de susceptibilidade à brusone, a AE131021. Quanto à qualidade de grãos, as linhagens mais produtivas apresentaram grãos translúcidos, com baixa área gessada total (< 20%), satisfatório rendimento de grãos inteiros (> 50%) e elevada relação comprimento/largura dos grãos, chegando até 3,84 (AE131022), o que é muito favorável para qualidade de grãos do arroz aromático tipo basmati. Por fim, destacaram-se as linhagens AE131022, AE131175 e AE131415 como as mais promissoras para serem lançadas como novas cultivares de arroz aromático tipo basmati, estando a decisão final dependente dos testes sensoriais de qualidade de grãos, em andamento nos anos de 2016 e 2017 na UFPel.

¹ Graduada em Agronomia na Uni-Anhanguera, Goiânia, GO, hayra-mess@hotmail.com

² Graduando em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, bolsista do CNPq, arhursamagro@gmail.com

³ Graduada em Engenharia Agrônômica na Faculdade Araguaia, Goiânia, GO, nayara_alencar2312@hotmail.com

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Capão do Leão, RS, ariano.martins@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

Comparação de métodos para quantificação de matéria orgânica do solo

Helena de Castro Côrtes¹, Pedro Augusto de Oliveira Morais², Diego Mendes de Souza³

A Matéria Orgânica do Solo (MOS) é um importante indicador de sua qualidade, já que essa desempenha um papel essencial nos processos de manutenção de macro e microfaunas, agentes que vão garantir a disponibilidade de nutrientes no solo, além de mantê-los em condições estruturais adequadas para o uso. Dessa forma, a análise de MOS é fundamental para fins agrônômicos, dado o seu caráter de diagnóstico das condições de uso do solo e, por isso, sua demanda nos Laboratórios de Análise de solo é cada vez maior. Atualmente o método mais utilizado para quantificação da MOS é o método Walkley-Black que consiste na reação da matéria orgânica por via úmida com dicromato de potássio, seguida da leitura em espectrofotômetro. O método Walkley-Black, embora seja um método bastante utilizado, demanda muito tempo e ainda gera uma quantidade considerável de rejeitos químicos tóxicos que prejudicam o meio ambiente, tornando seu descarte oneroso. Nesse sentido, o objetivo deste estudo é comparar dois métodos de análise de MOS, o método Walkley-Black e a análise por peróxido de hidrogênio, uma alternativa mais limpa e mais rápida, que consiste na análise da MOS por meio da oxidação por peróxido de hidrogênio. Para tanto, duas amostras de solo com teores de MOS contrastantes foram coletadas e analisadas pelos dois métodos, em triplicata, para comparação. A quantificação da MOS pelo método Walkley-Black é realizada adicionando-se 10 ml de dicromato de potássio 0,167 mol L⁻¹ a 0,5 g do solo seco, seguida da adição de 8,0 ml de ácido sulfúrico PA. Após o resfriamento, adiciona-se 12,0 ml de água deionizada. Posteriormente ao repouso de dois dias, coleta-se cerca de 5 ml da solução e realiza-se a leitura no espectrofotômetro. Já a análise por peróxido de hidrogênio, consiste em adicionar 0,5 ml da solução 30% a 0,5 g de TFSA. Após repouso de uma hora, para que ocorra a digestão da matéria orgânica, as amostras são levadas à estufa em temperatura de 110 °C durante uma hora. Por último, as amostras são pesadas e determina-se a massa perdida nesse processo que é relativa ao teor de MOS. Os resultados das análises para o método Walkley-Black foram: 5,075 ± 0,165 g Kg⁻¹ e 31,385 ± 1,484 g Kg⁻¹. Para o método do peróxido os resultados foram: 5,027 ± 0,239 g Kg⁻¹ e 10,634 ± 1,460 g Kg⁻¹. Através dos testes t-student e F, observou-se que não houve diferença estatística entre a média e a variância dos dois métodos somente para a primeira amostra de menor teor de MOS. Porém, para a segunda, com maior teor de MOS, observou-se diferença estatística para a média. Esse resultado é um indicativo que, para solos com maiores concentrações de MOS, é necessária a utilização de um volume maior de peróxido de hidrogênio, suficiente para oxidar toda a MOS presente. Embora não tenha apresentado resultados satisfatórios para uma das amostras, a metodologia de análise de MOS por peróxido de hidrogênio poderá ser otimizada quanto à adição de oxidante e reavaliada em um estudo mais amplo, dadas as suas vantagens de não gerar resíduos tóxicos e de ser mais segura para os laboratoristas em relação ao método Walkley-Black.

¹ Estudante de graduação em Geografia da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helenakortes1414@gmail.com

² Estudante de pós-graduação em Química da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pedro_augusto_04@hotmail.com

³ Mestre em Química, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, diego.souza@embrapa.br

Seleção assistida para o QTL Pup1 para tolerância à deficiência de fósforo em progênies da população base CNA9

Jenyffer Karoline Leite Borges¹, Matheus Moura Quixabeira², Sylvana de Paiva Pinto Costa³, Raquel Neves de Mello⁴, Aluana Gonçalves de Abreu⁵, Tereza Cristina de Oliveira Borba⁶, José Manoel Colombari Filho⁷, Luana Alves Rodrigues⁸

O fósforo (P) é um dos nutrientes minerais mais importantes para o crescimento e desenvolvimento das plantas, sendo o segundo mineral que mais limita a produção de grãos. O Cerrado brasileiro apresenta-se como a região de maior potencial para a expansão da agricultura nacional, porém, caracteriza-se pela existência de fatores limitantes à produtividade, como o baixo teor de fósforo (P) nos solos. Assim, o melhoramento genético para adaptação ao baixo teor de P seria a alternativa de menor custo repassada ao produtor. Foram utilizados três marcadores dominantes (K-41, K-46.1, K-59) para a identificação do QTL Pup1 na população CNA9 em progênies $S_{0;2}$. Estes marcadores estão localizados em um grande indel presente na cultivar Kasalath (tolerante à deficiência de fósforo), estando posicionados nas extremidades (K-41 e K-59) e no meio (K-46.1) do indel. Os marcadores foram analisados em géis de agarose 2,5% e corados com brometo de etídeo (10 mg/ml). Cinco plantas individuais coletadas de cada progênie foram analisadas em bulk para a verificação da presença dos alelos favoráveis à tolerância à deficiência de fósforo, e a cultivar Nipponbare foi utilizada como controle negativo. Entre as 137 progênies avaliadas, somente dez não apresentaram nenhum dos alelos favoráveis para os três marcadores e 27 apresentaram um ou dois alelos favoráveis entre os marcadores. Um total de 100 progênies apresentou a presença dos três alelos favoráveis, fato que pode ser explicado pela seleção anterior baseada em dados derivados de ensaios de campo e que podem ter auxiliado no aumento da frequência dos alelos desejados (a população possui parentais com alelos favoráveis). A disponibilidade de dados referentes à presença de alelos favoráveis será utilizada em conjunto com os dados derivados de ensaios de campo para a complementação das informações de cada progênie e, assim, otimizar o processo de seleção. A próxima etapa de seleção prevê a análise de plantas individuais S_0 , pois cada uma das plantas selecionadas representará todos os alelos presentes dentro das progênies S_1 e S_2 .

¹ Estudante de Biologia da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jenyfferkaroline@gmail.com

² Estudante de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, matheusmoura31@hotmail.com

³ Zootecnista, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, sylvana.costa@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, raquel.mello@embrapa.br

⁵ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

⁶ Engenheira de Alimentos, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

⁸ Bióloga, doutora em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luana.rodrigues@embrapa.br

Multiplicação e avaliação de germoplasma de *Gossypium mustelinum*, incluindo uma população extinta *in situ*, e *G. barbadense*

João Cesar Ferreira Filho¹, Gedeon Dias Lopes², Kalita Cristina Moreira Cardoso³, Francisco Pereira de Andrade⁴, Lucia Vieira Hoffmann⁵

Gossypium mustelinum é uma espécie nativa endêmica do Brasil. Por ser compatível com a espécie cultivada, *G. hirsutum*, é considerada importante como recurso genético. Não foi cultivada ou teve relato de uso. Em expedição da Embrapa a Caicó, em 2015, constatou-se a extinção da população, única do Rio Grande do Norte, que nas expedições de 2003 e 2004 era composta por apenas 11 indivíduos. Em Macururé, na Bahia, haviam sido encontradas plantas adultas em uma única fazenda (Fazenda Barbosa), em três diferentes lagoas, e plantas jovens em outra. Em expedição em 2016, devido à seca prolongada, em duas das lagoas não haviam mais plantas. Como sementes haviam sido coletadas pela Embrapa e armazenadas, é possível manter essas subpopulações *ex situ*. Outra espécie, *G. barbadense*, foi domesticada no Peru e distribuiu-se para o Brasil anteriormente à colonização européia. É mantido em quintais, frequentemente para uso medicinal. A Bacia Amazônica é um importante centro de diversidade. Com o objetivo de conservar as espécies, particularmente das subpopulações extintas *in situ*, e avaliar a diversidade morfológica, foi feito plantio na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO. Plantas de 13 genótipos de *G. barbadense* coletados no estado do Amazonas, em cidades próximas a Manaus, foram plantadas. Sementes de outros 28 genótipos, com média de 251 sementes por genótipo, foram armazenadas. O plantio de *G. mustelinum* permitiu a avaliação pela primeira vez de plantas coletadas na Paraíba e Pernambuco, em comparação com plantas coletadas em Caicó, cidades próximas a Jequié e outras próximas à Feira de Santana. Encontrou-se diversidade quanto ao formato da folha, pilosidade superior e inferior da folha, pilosidade do caule, tamanho da folha e da flor e intensidade da mancha na flor. O início do florescimento da maioria das plantas ocorreu na segunda quinzena de maio, o que pode indicar fotoperiodismo. A colheita e armazenamento das sementes contribuirão para a manutenção da diversidade das espécies.

¹ Graduando em Agronomia no Centro Universitário da Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cesarfilho_agr@hotmail.com

² Técnico Agrícola da Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, gedeon.lobes@embrapa.br

³ Graduanda em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Goiás, Goiânia, GO, kalita.crimoreira@gmail.com

⁴ Engenheiro-agrônomo, pesquisador da Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, francisco.andrade@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Microbiologia Agrícola, pesquisadora da Embrapa Algodão, Campina Grande, PB, lucia.hoffmann@embrapa.br

Caracterização de linhagens elite de feijão carioca quanto à reação ao mofo-branco em campo e em ambiente controlado

José Orlando Pereira Sales¹, José Silva Rodrigues², Helton Santos Pereira³, Leonardo Cunha Melo⁴, Murillo Lobo Junior⁵, Rogério Faria Vieira⁶, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁷

Existem mais de 45 doenças que acometem o feijão-comum no Brasil, entre elas o mofo-branco, doença causada pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary, é considerada uma das mais destrutivas. A utilização de cultivares resistentes tem potencial para contribuir com o manejo integrado do mofo-branco e reduzir custos e riscos associados à produção. Portanto, a identificação de linhagens com resistência fisiológica e de campo (mecanismos de escape associados à resistência fisiológica), pode contribuir para o manejo dessa doença. O objetivo deste trabalho foi caracterizar linhagens pré-comerciais de feijão carioca quanto à reação ao mofo-branco em campo e em ambiente controlado, para identificar fontes de resistência a serem exploradas pelo Programa de Melhoramento de Feijão da Embrapa e seus parceiros. Foram avaliadas dez linhagens elite e duas cultivares de grãos carioca de ciclo normal. O ensaio em ambiente controlado foi instalado em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Cada parcela foi composta de quatro plantas, cultivadas em vaso de 3,6 L. As inoculações foram realizadas quando as plantas atingiram o estágio V4, utilizando o método do canudo modificado. Após as inoculações, as plantas foram mantidas em câmara úmida, com umidade relativa do ar superior a 80% e temperatura média de 20 ± 1 C. A avaliação dos sintomas da doença foi realizada oito dias após a inoculação, por dois avaliadores, com base em uma escala de notas de 1 a 9, em que 1 = plantas sem sintomas e 9 = plantas com necrose generalizada. O ensaio de campo foi instalado na época de plantio de outono/inverno, em 2016, em Oratórios, MG. O ensaio foi conduzido em blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela foi composta por duas linhas de 4 m de comprimento, espaçadas em 0,5 m. A avaliação da severidade do mofo-branco foi realizada quando as parcelas atingiram o estágio R9, com o emprego de escala de notas de 1 a 9, em que 1 = parcelas sem sintomas da doença e 9 = parcelas com 80% a 100% de plantas doentes e/ou 60% a 100% de tecidos infectados. O acamamento de plantas foi avaliado com escala de 1 a 9, em que 1 = parcelas com todas as plantas eretas e 9 = parcelas com todas as plantas acamadas sobre o solo. Foi realizada a análise de variância, e as médias foram agrupadas pelo método de Scott-Knott, a 5% de significância. Foi estimada a associação entre as médias das características avaliadas, em ambiente controlado e no campo, por meio da correlação de Pearson. As linhagens CNFC 15458, RP-1 (BRSMG Uai), CNFC 9500, CNFC 15507 e CNFC 10729, apresentaram as menores médias de severidade, variando de 2,83 a 3,67. A correlação entre a severidade do mofo-branco e o acamamento foi significativa e positiva ($P < 0,01$; $r = 0,65$), ou seja, as linhagens que apresentaram menores médias de severidade de doença foram as mais tolerantes ao acamamento. O segundo grupo foi formado por CNFC 15497, CNFC 15504, CNFC 10762, CNFC 15460, BRS Requite e VC-17, classificadas como suscetíveis, com severidade média variando de 3,83 a 5,00. O segundo grupo também apresentou as maiores médias de acamamento. Os resultados do ensaio com inoculação artificial evidenciaram dois grupos de reação ao mofo-branco. As linhagens CNFC 10729, CNFC 15504, CNFC 15458, CNFC 9500, CNFC 10762 e CNFC 10429 apresentaram médias entre 2,46 e 3,50. O segundo grupo foi formado por VC-17, CNFC 15507, CNFC 15497, BRS Requite e RP-1 (BRSMG Uai), que apresentaram médias de severidade entre 5,56 a 8,00. Observou-se correlação não significativa ($P > 0,05$) entre a severidade do mofo-branco no campo e em ambiente controlado. As linhagens CNFC 15458, CNFC 9500 e CNFC 10729 se destacaram quanto à reação ao mofo-branco em campo e em ambiente controlado, demonstrando terem potencial para utilização como genitores no programa de melhoramento. O fato de não haver correlação significativa entre o desempenho dos genótipos testados em campo e em casa de vegetação demonstra que essas avaliações são complementares e não excludentes, por avaliarem mecanismos distintos de prevenção à doença. Verificamos que mecanismos de escape, só analisados no campo, têm mais peso na resistência geral da planta que apenas a fisiológica.

¹ Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joseorlandosales@hotmail.com

² Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose-jsr@hotmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.lobo@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Epamig, Viçosa, MG, rvvieira@epamig.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

Potencial genético de genótipos para características agronômicas e qualidade de grãos de feijão-comum

José Silva Rodrigues¹, José Orlando Pereira Sales², Kássia Karolline da Silva³, Helton Santos Pereira⁴, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁵, Patrícia Guimarães Santos Melo⁶, Leonardo Cunha Melo⁷

O Brasil é um dos maiores produtores, consumidores e detentores de tecnologias no cenário mundial de feijão-comum. A cultura do feijão tem grande importância social, cultural e econômica, pois além de contribuir para geração de empregos, faz parte da culinária diária do brasileiro. Na escolha de uma nova cultivar devem ser observados critérios que levem em consideração a qualidade nutricional, comercial e comportamentos agronômicos, o que implicará diretamente na aceitação pelos produtores, consumidores e indústria. Diante dessa importância, na escolha de uma nova cultivar deve-se observar, além do comportamento agronômico, a qualidade nutricional e comercial do grão, ampliando a sua aceitação pelos produtores, indústrias e consumidores. Neste contexto, o presente trabalho objetiva avaliar o potencial genético de linhagens elite de feijão-comum para produtividade, adaptação à colheita mecanizada e qualidade comercial e nutricional dos grãos, por meio de estudos que determinem o valor de cultivo dessas linhagens. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados com três repetições e parcelas constituídas de quatro linhas de quatro metros. Foram conduzidos experimentos de avaliação final com 20 genótipos, sendo 15 linhagens elite e cinco cultivares testemunhas. Os ensaios foram avaliados em sete ambientes, em duas épocas de semeadura (inverno e águas) em 2016 e 2017, no Estado de Goiás e no Distrito Federal. Foram avaliados os seguintes caracteres: produtividade de grãos, qualidade comercial de grãos (massa de cem grãos, rendimento de peneira, cor do grão na colheita, cor do grão após o armazenamento e defeitos visuais), qualidade nutricional dos grãos (teores de proteína, ferro e zinco) e adaptação à colheita mecanizada (arquitetura e acamamento). Foram realizadas análises de variância individuais e conjuntas e as médias dos genótipos comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os resultados das análises de variância individuais mostraram que a maioria dos ensaios apresentaram efeitos de genótipos significativos para todas as características, indicando a existência de variabilidade entre os genótipos avaliados e valores de coeficientes de variação inferiores a 25%, indicando adequada precisão experimental. As análises conjuntas para todas as características avaliadas confirmaram a existência de variação entre linhagens, o que confirma a presença de variabilidade genética. Para produtividade de grãos houve destaque para a linhagem CNFC 15853 (2.336 Kg ha⁻¹) não diferindo estatisticamente da testemunha BRS Estilo (2.088 Kg ha⁻¹) e com superioridade à testemunha Pérola (1.979 Kg ha⁻¹). Para rendimento de peneira, as linhagens CNFC 16902 (86,93%) e CNFC 16709 (85,15%), mostraram superioridade à testemunha BRS Estilo (79,32%), que é uma referência de mercado para rendimento de peneira. Na avaliação da massa de cem grãos, destacaram-se as linhagens CNFC 15839 (26,01 g) e CNFC 15801 (25,39 g), com médias muito superiores à testemunha BRS Estilo (23,64 g). No que tange às variáveis relacionadas à adaptação à colheita mecânica, indicada pelas notas de arquitetura e acamamento de plantas, há destaque para a linhagem CNFC 15850, que mostrou adaptação à colheita mecanizada associada à produtividade de grãos. A linhagem CNFC 15839 foi identificada, até o momento, como a mais promissora para indicação como nova cultivar, pois se classificou no primeiro grupo para a maioria das características avaliadas, indicando possuir alto potencial produtivo, grãos graúdos com coloração ideal, alto rendimento de grãos comerciais, adaptação à colheita mecanizada e grãos com adequado valor nutricional. A superioridade de algumas linhagens, para várias características, em relação às cultivares, indicam que o programa de melhoramento genético de feijão da Embrapa Arroz e Feijão vem sendo eficiente em disponibilizar ao mercado cultivares de feijão mais produtivas e superiores em qualidade de grãos às existentes atualmente.

¹ Graduação em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC/CNPq Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose-jsr@hotmail.com

² Graduação em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC/CNPq Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joseorlandosales@hotmail.com

³ Graduação em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC/CNPq Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, kassia_karolline@hotmail.com

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

⁶ Professora associada da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, pgsantos@agro.ufg.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

Maturação de linhagens de amendoim tipo Runner precoces

Kennedy Brunno de Brito Martins¹, Lucas Correia Costa², Jair Heuert³, André Luiz Barbieri³, Walther de Castro Silva⁴, Tais de Moraes Falleiro Suassuna⁵

O desenvolvimento de cultivares de amendoim tipo Runner precoces (com ciclo inferior a 125 dias) é uma das principais demandas dos produtores, visando melhor adaptação ao sistema de produção em áreas de renovação de canavial. A maturação é avaliada por meio da observação da coloração interna das vagens, o mesocarpo. A colheita deve ser feita quando pelo menos 60% das vagens estão maduras, exibindo a coloração do mesocarpo laranja, marrom ou preta. O programa de melhoramento de amendoim da Embrapa gerou diversas populações segregantes de base ampla, obtidas a partir do cruzamento entre cultivares comerciais tipo "Runner" com 135-140 dias de ciclo, que atendem aos padrões da indústria de alimentos, e genótipos com ciclo curto (100 dias) intra e interespecíficos, visando selecionar linhagens que reúnam as características de grãos com o padrão "Runner" e menor ciclo (125 dias ou menos). O objetivo deste trabalho foi avaliar a precocidade de três linhagens avançadas de amendoim, com hábito de crescimento decumbente e grãos tipo Runner, na área experimental da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO. Foi empregado o delineamento em blocos casualizados, com seis repetições, onde foram avaliados seis genótipos, dos quais três eram cultivares comerciais (GRANOLEICO, IAC 503 e IAC OL3) e três eram linhagens avançadas (2013-413OL, 2013-445 e 2015-265OL), totalizando 36 parcelas experimentais. A parcela era composta por duas linhas de 3 m de comprimento, com 15 plantas por metro linear. A maturação foi avaliada aos 125 dias após a emergência em amostras contendo 150 a 200 vagens por parcela, por meio da eliminação do exocarpo com jato pressurizado de água e observação da coloração do mesocarpo. Os dados foram avaliados em porcentagem de vagens maduras. A média geral foi 76%; todas as linhagens estavam maduras aos 125 dias. O menor valor médio foi observado na linhagem 2015-265OL (68,2%), que também apresenta alto teor de ácido oleico, característica importante para o mercado interno e externo. A linhagem mais precoce foi a 2013-445 (85,2%), obtida a partir de seleção em progênies interespecíficas formadas pelos parentes silvestres do amendoim cultivado. A identificação de linhagens precoces permitirá a colheita em períodos inferiores a 120 dias, importante para o cultivo do amendoim em área de renovação do canavial.

¹ Graduando da Faculdade Araguaia, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, kennedybrunno22@gmail.com

² Estudante do Ensino Médio, Colégio Estadual Padre Alexandre de Moraes, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, lucascorreiacosta50@gmail.com

³ Técnico Agrícola da Embrapa Algodão/Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO, jair.heuert@embrapa.br; andre.barbieri@embrapa.br

⁴ Estudante do Ensino Médio, Colégio Estadual Padre Alexandre de Moraes, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, walther.silva123@hotmail.com

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Algodão/Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO, tais.suassuna@embrapa.br

Superexpressão e silenciamento de gene de arroz envolvido na tolerância à brusone: prova de conceito

Lais de Oliveira Leão¹, Rosângela Bevitori²

A brusone, causada pelo fungo *Magnaporthe oryzae*, é considerada a mais importante doença do arroz, pelo seu poder destrutivo à planta. O desenvolvimento de cultivares com maior potencial produtivo e estabilidade de produção em condições ambientais favoráveis ao fungo é crucial para mitigar os impactos negativos da brusone no arroz. Assim, são de particular relevância as tecnologias genômicas que podem aumentar a eficiência do melhoramento convencional pela identificação, isolamento e caracterização de genes envolvidos na resistência do arroz à brusone. Em resultados de pesquisa anterior, foram identificados vários genes associados à resposta do arroz à infecção por *M. oryzae*, dentre eles o RB1 (nome fictício, pois está sujeito a patente, caso seja comprovada a sua função). Neste trabalho o gene RB1 foi utilizado para realizar a prova de conceito em relação à sua função na resistência à brusone. Assim, o objetivo foi superexpressar e silenciar esse gene, via transformação genética, mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, e provar o conceito de funcionalidade no arroz. Em torno de 100 linhagens foram obtidas. Análises de PCR mostram que 75% das linhagens têm inserido em seu genoma o RB1 (para superexpressão) e o micro RNA1 (para silenciamento). As análises de expressão gênica por RT-qPCR e números de cópias do gene inserido estão em andamento. A caracterização funcional do gene será determinada fisiologicamente pela infecção das linhagens com *M. oryzae*. Espera-se que os resultados gerados possam contribuir para disponibilizar o gene caracterizado e também a linhagem cisgênica de arroz expressando resistência à brusone.

¹ Graduanda em Ciências Biológicas na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, lais.olivleao@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosangela.bevitori@embrapa.br

Plantas infestantes de algodão e plantas daninhas em sistemas de produção no Cerrado

Larissa Paiva Lopes¹, Alexandre Cunha de Barcellos Ferreira², Ana Luiza Dias Coelho Borin³, André Luiz Barbieri⁴

A intensificação do uso do solo, com cultivos em safra e segunda safra, é cada vez mais comum no Cerrado brasileiro. O planejamento da rotação e sucessão de culturas do sistema de produção é importante para auxiliar no manejo integrado de plantas daninhas e infestantes de algodão, estas originadas da rebrota dos restos culturais da safra anterior ou da germinação de caroços de capulhos perdidos antes ou durante a colheita. Plantas infestantes de algodão, além de competirem com as culturas em sucessão, são fonte de alimentação e reprodução do bicudo, principal praga da cotonicultura brasileira. O objetivo do trabalho foi avaliar a incidência de plantas rebrotadas de algodão, plantas daninhas e plantas voluntárias de algodão em função de esquemas de rotação e sucessão de culturas em sistemas de produção. Um experimento foi instalado em 2014, na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO, sendo conduzido nas safras 2014/15, 2015/16 e 2016/17, com 15 tratamentos, correspondendo a esquemas de rotação e sucessão de culturas envolvendo soja, milho, algodão, feijão, sorgo e plantas de cobertura, com solo manejado com revolvimento apenas na linha de semeadura. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com quatro repetições. Em 16 de dezembro de 2016, início do ciclo da safra 2016/17, as incidências de plantas daninhas, de plantas voluntárias de algodão e de algodoeiros provenientes da rebrota dos restos culturais, foram avaliadas. Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F, e as médias agrupadas por meio do teste de Scott-Knott, a 5% de significância. A maior incidência de plantas daninhas foi na sucessão algodão safra/pousio - soja/pousio - algodão safra, e as menores incidências foram observadas nos tratamentos que, no período 2015/2016, foram cultivados em segunda safra algodão ou milho consorciado com *Brachiaria ruziziensis*, e milho safra consorciado com *B. ruziziensis*. O algodão cultivado em segunda safra depois de soja precoce, devido ao menor vigor da planta e da produtividade de algodão em caroço, resultou em baixa incidência de plantas voluntárias rebrotadas de algodão na soja em sucessão. O cultivo de milheto semeado no início das chuvas e dessecado após 70 dias para o cultivo do algodão propicia alta incidência de plantas voluntárias e rebrotadas de algodão.

¹ Estudante de graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC CNPq, Embrapa Algodão-Núcleo Cerrado/Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, larissa.paivalopes@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Algodão-Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre-cunha.ferreira@embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Solos, pesquisadora da Embrapa Algodão-Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO, ana.borin@embrapa.br

⁴ Técnico Agrícola da Embrapa Algodão-Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás, GO, andre.barbieri@embrapa.br

Avaliação dos componentes de produtividade em acessos de feijão-comum do pool gênico mesoamericano, cultivado sob deficiência hídrica em campo

Luann Vila Verde de Oliveira Lima¹, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser², Douglas Eterno Louza Sartori³, Millene Gomes de Souza⁴, João Antônio Mendonça⁵, Cleber Moraes Guimarães⁶, Claudio Brondani⁷, Rosana Pereira Vianello⁸

Dentre os grandes problemas que afetam a agricultura, em âmbito global, destacam-se as questões climáticas relacionadas à mudança no regime de chuvas e ao aumento da temperatura. A redução das chuvas e temperatura média mais elevada implica em baixa produtividade de várias culturas, dentre elas, a do feijoeiro. O feijão é uma das leguminosas mais consumidas no mundo e representa a principal fonte de proteínas em diversos estratos populacionais. A identificação de genótipos com maior tolerância à seca representa uma alternativa para reduzir a perda de produtividade devido ao estresse. Este trabalho teve como objetivo avaliar os componentes de produtividade do feijão-comum sob irrigação adequada (controle) e deficiência hídrica em ensaios de campo. Os experimentos foram conduzidos no Sítio de Fenotipagem para Tolerância à Deficiência Hídrica, situado em Porangatu, GO, em 2016. Foram avaliados 324 acessos e quatro testemunhas, utilizando o delineamento de látice quadrado com duas repetições, sendo cada experimento composto por 18 blocos com 18 tratamentos. O experimento controle foi irrigado adequadamente durante todo o ciclo da cultura, enquanto no ensaio com deficiência hídrica foi mantida a irrigação em condições adequadas até 20 dias após a emergência da planta, seguida pela aplicação da lâmina de água, quando o potencial da água no solo, a 15 cm de profundidade, atingia $-0,07$ MPa. Ao término do experimento foi feita a análise dos dados de produtividade de grão (kg ha^{-1}) e massa de 100 grãos (g). As análises estatísticas foram realizadas através do programa R, as estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método REML (Restricted Maximum Likelihood) e a predição dos valores genéticos foram obtidas através do procedimento BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Quanto à produtividade, para o experimento controle, as estimativas máxima e mínima foram de 3.130 kg ha^{-1} e $999,64 \text{ kg ha}^{-1}$, respectivamente, com média de 1.947 kg ha^{-1} . Para massa de 100 grãos, os valores máximo e mínimo, respectivamente, foram de $50,67 \text{ g}$ e $15,68 \text{ g}$, com média de $26,77 \text{ g}$. Para o experimento com deficiência hídrica, as produtividades variaram de 1.575 kg ha^{-1} a $421,48 \text{ kg ha}^{-1}$, com média de $798,8 \text{ kg ha}^{-1}$, enquanto para massa de grãos, variaram de $37,99 \text{ g}$ a $6,63 \text{ g}$, com média de $21,31 \text{ g}$. Essas estimativas demonstram que o estresse de seca imposto foi efetivo e afetou negativamente a produção. Adicionalmente, observou-se que existe contraste genético adequado dentro do pool gênico mesoamericano para seleção de plantas tolerantes à seca para uso do programa de melhoramento de feijão-comum.

¹ Graduando em Ciências Biológicas, Uni-Anhanguera-Centro Universitário de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luannvv@gmail.com

² Mestranda em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Campinas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

³ Graduando em Ciências Biológicas, Pontifícia Universidade Católica de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, losa_3636@hotmail.com

⁴ Graduanda em Agronomia, Uni-Anhanguera-Centro Universitário de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, milleneegomes@gmail.com

⁵ Biólogo, mestre em Agronomia, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Vegetal, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cleber.guimaraes@embrapa.br

⁷ Engenheiro agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

⁸ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

Validação de marcadores moleculares e seleção assistida do gene FGR para presença de aroma em arroz

Matheus Moura Quixabeira¹, Jenyffer Karoline Leite Borges², Sylvana de Paiva Pinto Costa³, Raquel Neves de Mello⁴, Aluana Gonçalves de Abreu⁵, Tereza Cristina de Oliveira Borba⁶, Luana Alves Rodrigues⁷, José Manoel Colombari Filho⁸, Paula Pereira Torga⁹

Em relação aos cereais, o arroz destaca-se como um alimento consumido de forma direta, representando uma importante fonte de energia na dieta básica da população mundial. Devido a isso, a produção e o consumo são sempre monitorados para que o suprimento esteja sempre garantido. Dados da FAO apontam que o consumo per capita mundial poderá chegar a 54,2 kg/pessoa na safra 2016/17, semelhante ao da safra anterior e, segundo a Conab, o consumo no Brasil, em 2015, foi de 12 milhões de toneladas. Em países em que o consumo do arroz é expressivo, a qualidade do grão dita o valor de mercado. A qualidade de grãos assume diversos aspectos e está fortemente relacionada a fatores culturais, porém os seus atributos são definidos pelo rendimento de grãos após o beneficiamento, pela dimensão e pelo formato do grão, e pelas qualidades culinárias, sensoriais e nutricionais. Entre os atributos considerados como fatores de qualidade nos tipos especiais de arroz, a presença de aroma destaca-se como um importante aspecto sensorial. A principal dificuldade no melhoramento de arroz aromático é a seleção dessa característica recessiva dentro de populações segregantes. Para isso, foram desenvolvidos diversos métodos sensoriais e químicos. Nos casos mais simples, estes envolvem cheirar e mastigar os grãos. Porém, a avaliação do aroma através desses métodos é onerosa, pouco confiável e necessita de um painel de analistas. Além disso, a capacidade de distinguir amostras aromáticas de não aromáticas é variável entre os analistas, diminuindo com as sucessivas avaliações, pela saturação dos sentidos ou por danos físicos na língua, causados pela abrasão ao mastigar o grão. Assim, a necessidade de se obter um método preciso e confiável para a determinação do aroma em arroz resultou em muitas pesquisas para o desenvolvimento de marcadores moleculares. Foram utilizados acessos aromáticos e não aromáticos do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz e três marcadores já disponibilizados na literatura, desenvolvidos exclusivamente para a seleção precoce de genótipos aromáticos. Os marcadores foram avaliados utilizando-se controles positivos (confirmação da presença dos alelos) seguindo os métodos de detecção sugeridos por Cordeiro, Jin e Bradbury. Entre os três marcadores, somente um (com amplificação alelo-específica/ASA) apresentou produtos amplificados claros e de fácil leitura. Os acessos utilizados como controle positivo (Gergilim e Jasmine 85) e outros acessos classificados como aromáticos, apresentaram o alelo específico esperado. Após a otimização do ensaio do marcador ASA para o analisador genético 3500xl, o marcador foi utilizado para auxiliar na seleção de plantas individuais detentoras do alelo específico à presença do aroma. Foram analisadas 80 plantas de 24 cruzamentos e, àquelas que apresentaram o alelo desejado, foram pré-selecionadas. A partir dos dados agrônômicos e moleculares, foi possível então selecionar plantas com o perfil desejado para o prosseguimento do processo de seleção.

¹ Estudante de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, matheusmoura31@hotmail.com

² Estudante de Biologia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia-GO, jenyfferkaroline@gmail.com

³ Zootecnista, especialização em Biodiversidade, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, sylvana.costa@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, raquel.mello@embrapa.br

⁵ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

⁶ Engenheira de Alimentos, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

⁷ Bióloga, doutora em Agronomia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luana.rodrigues@embrapa.br

⁸ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

⁹ Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.torga@embrapa.br

Eficiência da seleção de plantas de arroz geneticamente modificado pelo herbicida glufosinato de amônia por meio da análise de PCR

Millene Gomes de Souza¹, Fernanda Raquel Abreu², Douglas Louza³, Ariadna Faria⁴, João Antônio Mendonça⁵, Claudio Brondani⁶

Organismos geneticamente modificados (OGMs) têm o potencial de aumentar o desempenho fenotípico para caracteres de interesse econômico em relação aos observados em genótipos não geneticamente modificados. OGMs de primeira geração envolvem a modificação em genes que conferem herança simples, normalmente associados à tolerância a herbicidas ou resistência a insetos. OGMs de segunda geração são desenvolvidos a partir de genes relacionados a caracteres que envolvem rotas mais complexas, como a tolerância à seca e a produtividade, foco de estudo da área de biotecnologia do arroz na Embrapa Arroz e Feijão. Normalmente, na construção que inclui o gene de interesse é inserido um gene marcador, que pode ser um gene que confere resistência a determinado herbicida e que, após a aplicação deste, somente as plantas transformadas com o gene de tolerância sobrevivem e, por conseguinte, possuem também o gene de interesse. Neste estudo foi realizada a aplicação da solução aquosa do herbicida glufosinato de amônia 2% (m/v: 20 g/L) (produto comercial Liberty), a fim de selecionar plantas da cultivar BRSMG Curinga geneticamente modificadas para o gene Rubisco. Das 400 plantas da geração T1 da cultivar BRSMG Curinga GM submetidas à aplicação do herbicida, 20 morreram (5%). As plantas T0 são hemizigotas, ou seja, possuem apenas uma cópia do gene e, após a autofecundação (geração T1), em teoria, resultam em 25% das sem o gene marcador (morreriam com a aplicação do herbicida), 50% plantas hemizigotas (uma cópia do gene marcador, sem o homólogo), e 25% das plantas com duas cópias do gene marcador no mesmo loco. Portanto, plantas dessas duas últimas classes sobreviveriam à aplicação do herbicida. Como o número de plantas que morreram pela aplicação de herbicida foi inferior ao esperado, três hipóteses são consideradas: 1) Os eventos possuem mais de uma cópia do gene introduzida pela transformação e o percentual de plantas tolerantes ao herbicida se daria pela multiplicação das probabilidades, 2) por desvio de amostragem, ocasionado pela utilização de poucas plantas em determinados eventos, ou 3) pela aplicação não eficiente do herbicida, pois a dose recomendada foi a descrita na literatura. Se a última hipótese for a verdadeira, implicaria na realização de atividades de pesquisa com material genético inadequado, resultando na perda de tempo e de recursos. Para resolver esse problema, estão sendo realizadas análises de PCR, com primers desenhados para amplificar especificamente o gene Rubisco, inserido no genoma do arroz (um primer está localizado na sequência promotora, o outro no próprio gene). O template da reação será o DNA do tecido foliar das plantas que sobreviveram à aplicação do herbicida e, caso a aplicação tenha sido realizada de modo eficiente, elas deverão conter a banda resultante da amplificação da região-alvo.

¹ Estudante de Graduação em Agronomia na Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, milleneegomes@gmail.com

² Estudante de Pós-Graduação em Ciências Biológicas na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fernanda.rma@gmail.com

³ Estudante de Graduação em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, losa_3636@hotmail.com

⁴ Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aryaddnafv@hotmail.com

⁵ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

Impacto do uso de diferentes fontes de N sintético sobre a emissão de gás de efeito estufa e a produtividade do feijoeiro

Misma Marques Martins¹, Izabela Fonseca Teodoro², Márcia Thais de Melo Carvalho³, Janaina de Moura Oliveira⁴, Beata Emöke Madari⁵

O solo é formado por água, ar e elementos minerais e orgânicos (incluindo macro e microorganismos) que compõem a matriz para o sustento da vida. Os organismos do solo são os responsáveis por decompor matéria orgânica e disponibilizar os nutrientes essenciais, como nitrogênio (N), fósforo (P) e potássio (K), para as plantas. O feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*) ainda não é capaz de realizar uma simbiose eficiente com bactérias do solo fixadoras de N. Portanto, para a produção de feijão, alimento básico na dieta do brasileiro, é necessário o uso de fontes sintéticas de N. Porém, o manejo do N sintético no sistema produtivo nem sempre é eficiente, acarretando perdas que podem gerar impacto negativo sobre o ambiente. As perdas de N no sistema produtivo podem ocorrer por emissão, volatilização ou lixiviação. A emissão de óxido nitroso (N₂O) está relacionada à atividade de microrganismos no solo, e a volatilização de amônia (NH₃), que é uma fonte de emissão indireta de N₂O, está relacionada à hidrólise da ureia, a forma de N sintético mais utilizado nos sistemas de produção de grãos no Brasil. As perdas de N por volatilização são importantes, pois geralmente a adubação nitrogenada é feita em cobertura sobre o solo. O N₂O é um gás de efeito estufa relacionado ao aquecimento global, cujo potencial de aquecimento é até 310 vezes maior do que o dióxido de carbono (CO₂) num período de permanência de 100 anos na atmosfera. Por isso, a emissão total em CO₂ equivalente é calculada como 310 vezes a emissão total de N₂O. Neste sentido, é necessário avaliar as perdas gasosas de N no sistema produtivo, visando diminuir o impacto negativo sobre o ambiente. Novas fontes de N sintético estão sendo testadas a fim de mitigar as perdas de N no sistema produtivo. Estas fontes incluem proteção química e física da ureia. O objetivo deste estudo foi avaliar o uso de diferentes fontes de N sintético sobre a emissão total de gás de efeito estufa (N₂O + NH₃) e a produtividade do feijoeiro irrigado em sistema de plantio direto no Cerrado goiano. Foram avaliadas duas safras de feijão-comum irrigado durante os meses de inverno no Cerrado (entre maio e agosto). O experimento foi conduzido em Latossolo Vermelho argiloso na Fazenda Capivara, da Embrapa Arroz e Feijão. O desenho experimental foi de blocos ao acaso com quatro repetições. Os tratamentos foram controle (sem N) e cinco diferentes fontes de N sintético, aplicado no plantio e em cobertura a lanço ao longo da safra. A emissão total é a soma dos fluxos de N₂O e NH₃ monitorados ao longo da safra do feijoeiro, utilizando câmaras estáticas. A análise dos fluxos foi feita em laboratório por meio de cromatografia gasosa para N₂O e via titulação para NH₃. A emissão total foi maior para os tratamentos com ureia e ureia com proteção química e física. Em geral, 96% da emissão total mensurada ocorreu na forma de NH₃. A emissão total nos tratamentos com sulfato de amônio e nitrato de amônio foi equivalente àquela do tratamento controle, que não recebeu adubação nitrogenada. A produtividade do feijoeiro foi maior para todos os tratamentos que receberam adubação nitrogenada do que no tratamento controle, porém não houve diferença significativa entre as fontes nitrogenadas. No entanto, quando a produtividade relativa é calculada (relação entre as quantidades de grãos produzidos e CO₂ equivalente emitido), os tratamentos com ureia e ureias protegidas foram menos eficientes do que os tratamentos com sulfato e nitrato de amônio e até mesmo do tratamento controle. Assim, podemos dizer que as fontes ureia e ureias protegidas podem gerar um impacto negativo maior no sistema produtivo e sobre o ambiente do que as outras fontes sintéticas de N testadas.

¹ Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mismamartins10@gmail.com

² Graduanda em agronomia, Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, izabela.fonseca@colaborador.embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Solos e Nutrição de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcia.carvalho@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Solos e Nutrição de Plantas, bolsista de pós-doutorado do CNPq na Embrapa Arroz e Feijão, janainamouraol@gmail.com

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Solos e Nutrição de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, beata.madari@embrapa.br

Clonagem e análise de variabilidade de *Bean golden mosaic virus*, no Estado de Goiás

Naíze Motta Bertholdo¹, Gesimária Ribeiro Costa Coelho², Josias Correa de Faria³

O *Bean golden mosaic virus* (BGMV) é o vírus causador do mosaico-dourado, responsável por prejuízos consideráveis em lavouras de feijão-comum. A variabilidade genética deste vírus é considerada baixa, e em geral existem poucas substituições nucleotídicas, de acordo com a localidade de origem dos isolados. Para analisar a variabilidade genética de geminivirus isolados do Estado de Goiás foram coletadas duas amostras de folhas de feijão-comum com sintomas típicos de infecção por BGMV, uma delas em Luziânia, GO, e outra em Santo Antônio de Goiás, GO. Foi realizada a extração de DNA e, em seguida, PCR com primers universais para geminivírus. Posteriormente, foi realizada, a partir do DNA total, uma reação de RCA para amplificação dos genomas virais. O produto dessa amplificação foi digerido com enzima de restrição HindIII, a qual espera-se digerir apenas o componente A do BGMV. Igualmente, o plasmídeo pBSKS (+) foi preparado com a mesma enzima para a clonagem do fragmento obtido. Ambos os produtos de digestão foram submetidos a uma reação de ligação, usando a enzima T4DNA ligase, com o produto da ligação usado para transformação de células competentes de *E. coli*, pelo método de choque térmico. As células foram plaqueadas em meio LB contendo ampicilina, na presença de IPTG e X-gal, e incubadas a 37 °C. As colônias brancas (candidatas a transformantes) obtidas foram cultivadas em meio LB líquido na presença de ampicilina e estas foram submetidas ao miniprep para a obtenção do plasmídeo recombinante. Estes foram digeridos com HindIII para verificação da presença do inserto. Seguiu-se com o sequenciamento das pontas dos clones usando o analisador automático ABI 3500 (Applied Biosystems) e primers universais para geminivirus. As sequências obtidas foram analisadas quanto à sua qualidade, usando o software Chromas, e submetidas ao BLASTn para identificá-las quanto à semelhança em relação a isolados existentes no banco de dados do NCBI. As sequências foram também submetidas a um alinhamento entre si, usando o software ClustalΩ. Ambas as amostras foram positivas para BGMV no PCR. Foram obtidos três clones do isolado de Luziânia e dois clones do isolado de Santo Antônio de Goiás. As sequências obtidas usando-se o primer pAV1c715 geraram maior identidade para ambos isolados, com a sequência do DNA-A de BGMV isolado em Cristalina (BR:Cri:16:12) enquanto as sequências obtidas usando-se o primer pAC1v1978 geraram maior identidade também com o isolado de DNA-A de BGMV de Cristalina, porém um isolado diferente (BR:Cri:13:12). A matriz de identidade gerada pelo ClustalΩ mostrou os isolados de Luziânia e de Santo Antônio de Goiás com identidade superior a %. Os dados obtidos estão de acordo com a literatura, de forma que isolados do mesmo Estado apresentam grande semelhança, e a variação destes entre si é pequena, sugerindo que, a população de BGMV é bastante uniforme. Isso se deve à baixa taxa de recombinação, já descrita em BGMV, em relação a outros geminivirus. É importante manter o monitoramento das populações virais para que os programas de melhoramento possam atender a demandas atuais e, no caso do BGMV, para que o FGM resistente ao vírus se mantenha eficaz.

¹ Graduanda em Biotecnologia da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, naize.bertholdo@colaborador.embrapa.br

² Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, gesimaria.coelho@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Fitopatologia/Biotecnologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, josias.faria@embrapa.br

Produção e caracterização nutricional de *tempeh* a partir de feijão branco (*Phaseolus vulgaris* L.)

Rayane de Jesus Vital¹, Aline Oliveira Colombo², Rosângela Nunes Carvalho³, Priscila Zaczuk Bassinello⁴

Alimentos saudáveis e diversificados têm sido o principal alvo da indústria alimentícia no desenvolvimento de novos produtos. A globalização dos sabores, aliada à curiosidade por novos tipos e disponibilidade de alimentos, torna atrativa a ampliação de produtos funcionais, entre os quais os alimentos fermentados. Seguindo essa tendência, uma alternativa aos consumidores é o *tempeh*, alimento originário da Indonésia, produzido pela via de fermentação sólida da soja, pelo fungo *Rhizopus oligosporus*. É um produto atrativo pela textura, sabor e propriedades nutricionais, consumido normalmente frito, cozido ou assado, podendo atuar como substituto da carne, devido à quantidade de proteínas. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi desenvolver *tempeh* à base de feijão branco, sem tegumento, determinando suas propriedades nutricionais. A cepa de *Rhizopus oligosporus* foi adquirida da Coleção de Culturas Tropicais da Fundação Tropical de Pesquisas e Tecnologia André Tosello, em Campinas, SP. A cultivar utilizada foi a BRS Ártico, colhida na safra de inverno/2015, na fazenda Capivara, em Santo Antônio de Goiás, GO. Após a colheita, os grãos foram expurgados, selecionados apenas os grãos inteiros e sadios e armazenados em sacos de polietileno até a utilização para a fabricação do produto. A produção do *tempeh* de feijão foi realizada no Laboratório de Tecnologia de Alimentos da Faculdade FAMA, em Anápolis, GO, baseando-se no método tradicional testado para a fabricação do produto, com modificações. A caracterização nutricional foi realizada através de métodos oficiais: Teor de umidade, determinado por gravimetria com secagem em estufa a 105 °C, até peso constante; teor de cinzas, avaliado por método gravimétrico de incineração em forno mufla a 500 °C; teor de lipídeos, determinado pela extração contínua em aparelho Soxhlet, usando éter etílico como solvente; teor de nitrogênio total, obtido pelo método de micro-Kjeldahl, empregando-se o fator 6,25 para conversão em proteína; fibra alimentar total, analisada pelo método gravimétrico-enzimático; e teor de carboidratos, calculado por diferença. O valor energético do produto foi estimado usando fatores de conversão de 4 kcal/g para proteína e carboidrato, e 9 kcal/g para lipídio. Os taninos foram determinados pelo método da vanilina-HCl. Os resultados obtidos foram tratados no programa Statistica 7.0, sendo expressos como média e desvio padrão. Baseando-se nesta pesquisa, o consumo de 100 g de *tempeh* de feijão contribui, em média, com 23,34 g de proteína, 55,57 g de carboidrato, 1,29 g de lipídio, 17,39 g de fibras totais e 2,40% de cinzas em base seca. Levando em conta que o público de maior consumo do *tempeh* não utiliza carne em sua dieta (veganos e vegetarianos), este não estaria desfavorecido em relação ao aporte proteico, tendo ainda que a proteína do *tempeh* é de fácil absorção, pois se sabe que o fungo melhora a digestibilidade proteica do produto. Em relação ao conteúdo lipídico, baixos teores foram detectados. O *tempeh* apresentou um valor energético total de 326,98 kcal/dia, fornecendo uma boa quantidade calórica em apenas 100 g. Em países da Ásia, o uso de *tempeh* ou da sua farinha é incentivado em políticas públicas para combate à desnutrição, devido ao seu valor energético. Um indivíduo adulto sadio precisa ingerir cerca de 25 g de fibra/dia, segundo a RDA. No *tempeh* de feijão a quantidade de fibra é relevante, com valor de 17,39 g/100 g de produto, e o benefício do consumo desse componente é o auxílio no tratamento da obesidade, garantindo sensação de saciedade e melhoria do trânsito intestinal. Para a análise de taninos, o *tempeh* demonstrou resultados insignificantes, como esperado para o feijão branco, além do que fatores como a fermentação e a retirada da casca do feijão diminuem significativamente o conteúdo de fatores antinutricionais. Portanto, o *tempeh* de feijão branco (BRS Ártico) além de ser um produto inovador, apresentou um bom conteúdo nutricional e demonstrou ter propriedades funcionais, devido à quantidade de fibras. Pode ser considerado uma alternativa de alimentação saudável, e a fabricação fomenta a produção de novos produtos elaborados a partir do feijão, dando um novo enfoque ao tradicional alimento da mesa do brasileiro.

¹ Estudante de graduação em Nutrição da Universidade Paulista, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rayanevitalnutri@gmail.com

² Mestranda em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, colomboaline@yahoo.com.br

³ Engenheira de Alimentos, mestre em Ciência Animal, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosangela.carvalho@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

Pós-Graduação

Estrutura das comunidades *Fungi* e *Bacteria* em solos sob sistemas de integração lavoura-pecuária

Priscila Ferreira dos Santos Goulart¹, Murillo Lobo Junior²

Os sistemas ILP são definidos como métodos de rotação periódica de culturas e pastagens na mesma área. É possível que muitos dos benefícios dos sistemas ILP sejam mediados por microrganismos do solo, porém, o conhecimento sobre a estrutura, composição e função da comunidade microbiana em áreas de ILP é ainda incipiente. Compreender como a ILP afeta a diversidade e estrutura da comunidade microbiana do solo fornecerá informações que incentivem o aperfeiçoamento e a adoção do sistema. Este estudo avaliou a estrutura das comunidades de *Fungi* e *Bacteria* em solos manejados em sistemas ILP implementados na safra 2000/2001. A área avaliada constou de seis talhões sob sequeiro e uma área irrigada por pivô central, dividida em quatro quadrantes, sob rotações com braquiária (*Urochloa brizantha*), arroz de terras altas, soja, milho e um consórcio de milho com braquiária, conhecido como Sistema Santa Fé. Amostras de solo da camada 0-10, coletadas em 2015 e 2016, foram obtidas para extração de DNA total e analisadas por *Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism* (T-RFLP). As comunidades de *Fungi* e *Bacteria* foram avaliadas respectivamente pela amplificação dos genes 18S-28S rRNA da região ITS e 16S rRNA, e tratadas com endonucleases *HinfI* e *AluI* para *Fungi*, e *HhaI* e *MspI* para *Bacteria*. Foram encontrados 448 fragmentos terminais de restrição para *Fungi* e 287 para *Bacteria*. De acordo com a análise de coordenadas principais (PCoA) e índice de similaridade de Bray-Curtis, foi possível observar mudanças na estrutura da comunidade fúngica em resposta às culturas adotadas na rotação. No ano de 2015, com o uso da enzima *AluI*, observou-se a resposta da comunidade *Fungi* à introdução da braquiária no sistema irrigado, enquanto que em sequeiro esta separação foi maior com o cultivo de soja. A separação de comunidades pela rotação de culturas não foi observada no ano seguinte, porém, foram mantidos os grupos distintos para as áreas em sequeiro, irrigada e mata. A introdução do Sistema Santa Fé na área irrigada por pivô central alterou a estrutura da comunidade bacteriana, que aparentemente se recupera em seguida com o estabelecimento da pastagem nos anos seguintes. Sem a presença do Sistema Santa Fé no sistema irrigado em 2016, houve um melhor agrupamento das comunidades dentro de cada ambiente irrigado, de sequeiro e da mata. A PERMANOVA e a análise de similaridade (ANOSIM) confirmaram as semelhanças e as diferenças entre os grupos gerados pela PCoA, revelando a dissimilaridade entre as comunidades dos ambientes antropizados e a área de vegetação nativa. O método T-RFLP e as análises estatísticas foram eficientes para a caracterização da estrutura da comunidade *Bacteria* e *Fungi* em solos sob ILP, atendendo ao objetivo proposto de entender como essas rotações entre culturas aplicadas num sistema já consolidado atuam sobre as comunidades microbianas. Concluiu-se que o manejo do sistema ILP altera a estrutura da comunidade de *Fungi* e *Bacteria*. Irrigação e rotações de cultura afetam essas comunidades que são distintas entre si, após 15 anos nesse sistema, e também diferentes das encontradas em área de vegetação nativa. A comunidade de fungos reage mais nitidamente do que as bactérias à troca de espécies cultivadas nos sistemas de rotação de culturas.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscilafito@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.loblo@embrapa.br

Supressão da brusone nas panículas de arroz de terras altas com o uso de micronutrientes indutores de resistência

Alan Carlos Alves de Souza¹, Leilane Silveira D'Ávila², Thatyane Pereira de Sousa³, Amanda Chaibub⁴, Carlos de Sousa Silva⁵, Adriana Mendonça Barbosa⁶, Marina Teixeira Arriel⁷, Marta Cristina Corsi de Filippi⁸

O controle da brusone (*Magnaporthe oryzae*) no cultivo do arroz de terras altas é um desafio a produtores e pesquisadores, principalmente em áreas de cultivos extensivos. O uso de micronutrientes indutores de resistência disponíveis no mercado mostra-se como alternativa de controle sustentável das doenças do arroz. Além do papel de nutrição, esses micronutrientes agem como indutores de resistência, ativando a produção de compostos de defesa na planta, quando em situação de estresse biótico e/ou abiótico. Tendo em vista a inserção de indutores de resistência no manejo integrado da brusone, este trabalho teve como objetivo comparar a eficiência de fungicidas e micronutrientes indutores de resistência, aplicados separadamente e em misturas, na supressão da brusone nas panículas, no cultivo de arroz de terras altas. O experimento foi instalado em condições de campo, na Fazenda Capivara da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO, durante a safra 2016/2017. O delineamento experimental foi de blocos inteiramente casualizados, com nove tratamentos e quatro repetições. Utilizou-se a cultivar BRS Primavera. Cada parcela foi composta por quatro linhas de cultivo, com 5 m de comprimento. Os nove tratamentos basearam-se em: 1 - controle, 2 - Fulland[®] (fósforo, enxofre e cobre), 3 - Dephensor[®] (fósforo, potássio e silício), 4 - Trifloxistrobina/Tebuconazol, 5 - Triciclazol, 6 - Fulland[®] + Trifloxistrobina/Tebuconazol, 7 - Fulland[®] + Triciclazol, 8 - Fulland[®] + Trifloxistrobina/Tebuconazol + Triciclazol, e 9 - Dephensor[®] + Fulland[®] + Trifloxistrobina/Tebuconazol + Triciclazol. Todos os produtos foram aplicados por pulverização foliar, aos 40, 60 e 75 dias após o plantio. A severidade da brusone nas panículas foi avaliada aos 80 dias após o plantio, de acordo com escala diagramática, e os dados submetidos à análise estatística. Os resultados mostraram diferença significativa entre os tratamentos. Destacou-se o tratamento composto por Dephensor[®] + Fulland[®] + Trifloxistrobina/Tebuconazol + Triciclazol, apresentando 84,5% de supressão em relação ao controle, seguido dos tratamentos contendo Triciclazol, Fulland[®] + Trifloxistrobina/Tebuconazol + Triciclazol, e Dephensor[®], com 82,5%, 79,64% e 72,52% de supressão, respectivamente. O presente trabalho está em fase de conclusão e os dados de produção estão em desenvolvimento. O uso de micronutrientes indutores de resistência são alternativas eficientes no controle da brusone, podendo ser inseridos no manejo integrado da doença em arroz de terras altas, minimizando os custos com fungicidas e aumentando a eficiência do controle.

¹ Engenheiro-agrônomo, doutorando em Fitopatologia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, alanceresino@yahoo.com.br

² Engenheira-agrônoma, doutoranda em Fitopatologia, Universidade de Brasília, Brasília, DF, leilane_agronomia@hotmail.com

³ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, thatyane_hotmail.com

⁴ Bióloga, doutoranda em Fitopatologia, Universidade de Brasília, Brasília, DF, amandachaibub@gmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, carlossilva367@gmail.com

⁶ Graduanda em Agronomia, Faculdade UniEvangélica, Anápolis, GO, adrianamendoncabarbosa@gmail.com

⁷ Engenheira-agrônoma, mestranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, marina.arriel@hotmail.com

⁸ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

Utilização do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) na elaboração de *tempeh*

Aline Oliveira Colombo¹, Rayane de Jesus Vital², Rosângela Nunes Carvalho³, Priscila Zaczuk Bassinello⁴

Alimentos saudáveis e diversificados têm sido o principal alvo da indústria alimentícia no desenvolvimento de novos produtos. Seguindo essa tendência, uma alternativa para os consumidores é o *tempeh*, alimento indonésio, tradicionalmente produzido de soja através da fermentação sólida do fungo *Rhizopus oligosporus*. O *tempeh* é excelente fonte proteica, possui substâncias bioativas, antioxidantes e reduz os fatores antinutricionais. O *tempeh* pode ser produzido por outros substratos, porém não é comum, no entanto, há um interesse no alternativo. O Brasil, sendo um importante produtor e detentor de tecnologias para a produção de feijão, torna-se propício no incentivo às pesquisas utilizando essa matéria-prima, pois contribui com o conhecimento científico e o pioneirismo na fabricação de *tempeh* à base de feijão carioca. É importante promover produtos com feijão envelhecido que, geralmente, são rejeitados pelos consumidores, pois fortalecem a cadeia produtiva, principalmente para pequenos agricultores. O objetivo deste trabalho foi desenvolver o *tempeh* a partir de feijão envelhecido, observando sua fermentação e determinando suas propriedades nutricionais e funcionais. O feijão utilizado foi o comum carioca, cv. Pérola, safra 2015, apresentando *hard-to-cook* e escurecimento enzimático, e a soja convencional, BRS 284, safra 2015. A cepa de *Rhizopus oligosporus* foi obtida da Coleção de Culturas Tropicais da Fundação Tropical de Pesquisas e Tecnologia André Tosello, em Campinas, SP. O *tempeh* comercial de soja foi obtido do fabricante Tempeh Totale, em Rezende, RJ. Para a produção do *tempeh* foram preparados a suspensão de fungos, contagem de células e o inóculo. O tempo de fermentação foi monitorado visualmente. O *tempeh*, sem tegumento, foi elaborado em diferentes proporções, 50% feijão/soja (TFS) e 100% feijão (TF) e os resultados comparados com o produto comercial de 100% soja (TS). Foram analisados o conteúdo de proteína bruta, extrato etéreo, carboidratos totais e atividade antioxidante, por DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazil) e ABTS [2,2'-azino-bis (3-etilbenzotiazolin) 6-ácido sulfônico]. O delineamento foi inteiramente casualizado e o tratamento estatístico efetuado no software SISVAR®, sendo os resultados expressos em média, realizando-se a análise de variância (ANOVA) e a comparação pelo teste Tukey ($p < 0,05$). Quanto aos resultados, a produção do inóculo contendo 10^6 esporos/mL foi suficiente para a fermentação dos grãos. O TF obteve bom desempenho em relação à eficiência da fermentação ao longo do tempo, totalizando 24 horas, enquanto o TFS teve sua fermentação completa com 30 horas, já apresentando pontos escuros que demonstram que o fungo se desenvolve com mais rapidez na soja, sendo necessário tempo maior para o feijão. Valores de proteínas (g/100 g): TFS (33,05^b), TF (22,71^c) e TS (59,05^a); lipídios (g/100g): TFS (11,36^b), TF (1,6^c) e TS (24,89^a); carboidratos totais (g/100g): TFS (52,75^b), TF (73,11^a) e TS (14,02^c). Em todas as análises, as amostras apresentaram diferenças significativas entre si. Vale ressaltar que o TS possui maiores valores de lipídios e proteínas, e o TF maior valor de carboidratos. A atividade antioxidante por DPPH apresentou TFS (13,40%), TF (14,77%) e TS (11,28%) e ABTS expresso em $\mu\text{mol Trolox/g}$ de amostra liofilizada TFS (20,60^b), TF (18,66^c) e TS (79,12^a), demonstrando que o TF possui maior poder antioxidante que o TS. As análises demonstraram que o TFS obteve valores intermediários, se comparado aos resultados de TF e TS. De acordo com os dados, a fabricação de *tempeh* de feijão se torna viável em termos de produção, fermentação e qualidade nutricional, o que poderá propiciar o aproveitamento de feijões depreciados comercialmente por quebras durante o beneficiamento, escurecimento ou com presença de *hard-to-cook*.

¹ Mestranda em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, colomboaline@yahoo.com.br

² Graduada em Nutrição na Universidade Paulista, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rayanevitalnutri@gmail.com

³ Engenheira de Alimentos, mestre em Ciência Animal, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosangela.carvalho@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

Supressão da brusone foliar a partir de diferentes formas de aplicação do agente biológico *Cladosporium* sp.

Amanda Abdallah Chaibub¹, Thatyane Pereira de Sousa², Leila Garcês de Araújo³, Marta Cristina Corsi de Filippi⁴

A brusone é a principal doença do arroz e pode causar perdas de até 100% na produtividade. O controle é realizado através da aplicação de fungicidas, o qual muitas vezes é usado de forma indiscriminada. Portanto, devido à crescente busca por métodos sustentáveis, o controle biológico torna-se um método efetivo dentro do manejo integrado. *Cladosporium* sp. já foi relatado como agente biológico para diversas doenças, como a sarna da macieira e a ferrugem do trigo. O objetivo do trabalho foi determinar a eficiência da aplicação de um isolado de *Cladosporium* sp. na semente, no solo e na parte aérea de plantas de arroz. Os ensaios foram conduzidos em casa de vegetação com a cultivar Primavera, em delineamento inteiramente casualizado e três repetições, desafiadas com o patógeno após a emissão da terceira folha. Os tratamentos consistiram em: 1 a 5 - microbiolização, com suspensão aquosa, obtida a partir de placas de *Cladosporium* sp. em meio BDA, de sementes de arroz por 24 horas em agitador, nas concentrações (6×10^6 , 5×10^5 , 2×10^5 , 5×10^3 e 5×10^1 con mL⁻¹); 6 a 8 - aplicação do micélio no solo, nas concentrações 2,5 g, 5 g e 10 g por bandeja, obtido através do crescimento em meio líquido BD (batata-dextrose), por três dias em agitador; 9 - pulverização foliar 48 horas antes do desafio (5×10^5 con mL⁻¹) com *M. oryzae* (3×10^5 con mL⁻¹); 10 - controle *M. oryzae* (3×10^5 con mL⁻¹); e 11 - Água. Realizaram-se coletas do solo nos tratamentos com *Cladosporium* sp. no momento da avaliação da severidade de brusone foliar, oito dias após o desafio, para determinar a presença e a permanência do agente biológico. Observou-se que o tratamento que recebeu a pulverização foliar com *Cladosporium* sp., oito dias após a inoculação desafiadora com *M. oryzae*, suprimiu a doença em 87,5%, apresentando 3,9% de área foliar afetada, enquanto o controle apresentou 30,1%. A pulverização foliar demonstrou, em estudos anteriores, aumento da atividade de enzimas relacionadas à defesa da planta, como quitinase, β -1,3-glucanase, lipoxigenase, fenilalanina amônia-liase e peroxidase. No isolamento de microrganismos do solo não foi encontrada a presença de *Cladosporium* sp. Esse agente reside predominantemente na superfície foliar, o que pode explicar os resultados obtidos, sendo este o habitat original de onde o microrganismo foi isolado. Portanto, a recomendação ideal para a aplicação e a introdução como agente biológico é via foliar.

¹ Bióloga, doutoranda em Fitopatologia do Instituto de Biologia da Universidade de Brasília, Brasília, DF, amandachaibub@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutoranda em Agronomia da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, thatyane_@hotmail.com

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, professora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, leilagarcesaraujo@gmail.com

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

Caracterização genética por modelos mistos de uma população de linhas puras recombinantes de arroz irrigado

Ana Letycia Basso Garcia¹, João Antônio Mendonça², Douglas Eterno Louza Sartori³, Mariana Rodrigues Feitosa Ramos⁴, Claudio Brondani⁵

O aumento da produtividade em arroz é um desafio para os programas de melhoramento do mundo todo. Uma alternativa para identificar linhagens mais produtivas, ou mesmo descobrir genes correlacionados à produtividade e seus componentes, é conhecer e explorar o pool gênico de populações provenientes de cruzamentos entre genótipos ainda pouco utilizados no melhoramento, como materiais introduzidos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar uma população de linhas puras recombinantes (RILs), provenientes do cruzamento entre Maninjau x Epagri 108. Foram avaliadas 296 RILs em experimentos conduzidos em Goianira, GO, Boa Vista, RR, e Pelotas, RS, no ano de 2016. Em Goianira e em Boa Vista os ensaios foram implantados em delineamento alfa-látice (17x18) e em Pelotas utilizado BAF (Blocos Aumentados de Federer). Foram coletados dados referentes à produtividade (PD) e altura (AP) nos três locais, além de dias até o florescimento no Distrito Federal, em Roraima e Goiás, e peso de 100 grãos (PG), no Rio Grande do Sul e Goiás. Os dados foram analisados via modelos mistos, através da análise de deviance. Os componentes de variância foram estimados via REML/BLUP, e ainda os parâmetros genéticos e coeficientes de correlação entre caracteres, bem como os parâmetros estatísticos CV_e , CV_g , CV_r e acurácia seletiva. A análise de interação $G \times E$ foi feita com base no método da MHPRVG. Foram estimadas as distâncias genéticas entre as linhagens de maior valor genotípico em cada local e os parentais do cruzamento, através de um painel de 24 marcadores SSR. Para Boa Vista e Goianira, a maioria das linhagens mais produtivas foram similares ao genitor Epagri 108. A maioria dos efeitos aleatórios do modelo estatístico adotado foi significativa. A produtividade se revelou com herdabilidade moderada (0,67), enquanto os caracteres DF, AP e PG apresentaram alta herdabilidade ($>0,90$). Foi verificada correlação positiva significativa entre os caracteres PD e PG e DF e AP, porém esses dois últimos apresentaram correlação negativa significativa com a produtividade. Nove RILs se destacaram pela MHPRVG, com desempenho superior a 30% em relação à média geral. Elas são, portanto, recomendadas para uso do programa de melhoramento. A RIL 105 foi classificada como a de melhor estabilidade, adaptabilidade e produtividade, simultaneamente. Os resultados indicam que a população tem alta variabilidade genética para os caracteres avaliados e pode ser utilizada tanto na seleção de genótipos de alto desempenho produtivo, quanto em estudos para detecção de QTLs relacionados a esses caracteres, em múltiplos locais.

¹ Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, letyciabasso@gmail.com

² Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

³ Estudante de Graduação em Ciências Biológicas da Pontifícia Universidade Católica de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, losa_3636@hotmail.com

⁴ Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marianaramosagro@hotmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

Resistência constitutiva em diferentes acessos de arroz à *Diatraea saccharalis* (Fabricius) (Lepidoptera: Crambidae)

Ana Paula Pelosi¹, Flávio Gonçalves de Jesus², Anderson Rodrigo da Silva³, José Francisco Arruda e Silva⁴, José Alexandre Freitas Barrigossi⁵

A broca da cana-de-açúcar, *Diatraea saccharalis* (Fabricius) é também uma praga de arroz (*Oryza sativa* L.) que ocorre de norte a sul da América. Os produtores de arroz enfrentam uma tarefa difícil de gerenciar esta praga devido à grande variedade de hospedeiros alternativos e o curto período de tempo para o controle com inseticidas porque as larvas entram no colmo rapidamente após a eclosão dos ovos. No Brasil, a *D. saccharalis* infesta as culturas de arroz em áreas altas e irrigadas das regiões Sul, Oeste e Norte. Uma estratégia importante para reduzir a perda de rendimento no arroz devido à infestação da broca da cana-de-açúcar é a integração de cultivares com diferentes níveis de resistência com outras táticas de controle, como evitar o cultivo de arroz perto da cana-de-açúcar e campos de milho ou outras gramíneas hospedeiras, e reduzir o uso de nitrogênio, que pode aumentar a susceptibilidade das plantas a pragas. Estudos que identificam fontes de resistência a essa praga no Brasil são limitados e poucos têm investigado os acessos de arroz utilizado em programas de melhoramento como potenciais doadores de genes de resistência. O objetivo deste trabalho foi avaliar a resistência de 35 acessos de arroz à infestação de broca da cana-de-açúcar (*Diatraea saccharalis* Fabricius). Dois experimentos foram conduzidos (de junho a agosto de 2014 e de janeiro a abril de 2015) em blocos ao acaso com cinco repetições constituídas por dez plantas, cada uma infestada com duas larvas de *D. saccharalis*, totalizando 20 larvas por replicação. A infestação ocorreu na pré-floração (60 dias após a emergência da planta), colocando larvas neonatas na bainha foliar das plantas de arroz (duas larvas por planta). Trinta dias após a infestação, as plantas foram cortadas no nível do solo e levadas ao laboratório, onde foram determinados os sinais de ataque. Os dados foram submetidos à análise de variância univariada e multivariada, quando significativo; as médias foram comparadas utilizando o teste de Scott-Knott ($\alpha = 0,05$). Realizou-se uma análise discriminante canônica para investigar a relação de distância entre acessos e a relação entre estes e as variáveis resposta, número de lagartas vivas (NLV), peso médio das lagartas (PML), diâmetro externo do colmo (DE), diâmetro interno do colmo (DI), número total de colmos (NTC), número de colmos atacados (NCA) e porcentagem de colmos atacados (PCA). Para a definição dos grupos, com base em variáveis de resistência, utilizou-se uma análise de agrupamento de pares não ponderados com média aritmética (UPGMA) baseada na matriz de distância generalizada de Mahalanobis. Quanto aos resultados, a sobrevivência e o desenvolvimento das larvas variaram entre os acessos. Várias características morfológicas da planta de arroz foram associadas à resistência à broca da cana-de-açúcar, como fatores morfológicos e anatômicos. Além disso, essas características podem estar associadas à resistência às brocas do colmo. Os acessos Suyai 20, IR40 e Chiang Tsao Pai Ku exibiram resistência a *D. saccharalis* com base nas medições NLV, PML, DI, NTC e PCA. Os acessos IR 54 e Confiança também apresentaram resistência, de acordo com parâmetros previamente avaliados, com menores percentuais de colmos atacados, 37% e 35%, respectivamente. A análise multivariada mostrou que os acessos Bonança, Confiança, Carolina, Ti Ho Hung, Rizzoto, IAC 899, Sigadis, Mearin, Carajás e IRAT 124 foram agrupados com a cultivar IAC 47, conhecida como suscetível a *D. saccharalis*. Nossos resultados indicam que as características morfológicas do arroz são importantes para a seleção de acessos resistentes.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Fitossanidade, Instituto Federal Goiano, Urutai, GO, ana.pelosi@ifgoiano.edu.br

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Entomologia, docente do Instituto Federal Goiano, Urutai, GO, flavio.jesus@ifgoiano.edu.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Estatística e Experimentação Agrícola, docente do Instituto Federal Goiano, Urutai, GO, anderson.silva@ifgoiano.edu.br

⁴ Técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.arruda-silva@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.barrigossi@embrapa.br

Identificação de marcadores SNPs associados à tolerância à deficiência hídrica em arroz por meio de sequenciamento de DNA por captura (CaptureSeq)

Ariadna Faria Vieira¹, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser², Tereza Cristina de Oliveira Borba³, Anna Cristina Lanna⁴, Rosana Pereira Vianello⁵, Leandro Gomide Neves⁶, Claudio Brondani⁷

O arroz (*Oryza sativa* L.) é o segundo cereal mais consumido do mundo, sendo o Brasil o nono maior produtor mundial. A previsão é de que o crescimento da população não acompanhe o aumento da produção do arroz considerando a área atual de cultivo. A solução para isso, além do aumento gradativo em produtividade, será incorporar novas áreas no sistema de cultivo de sequeiro e, com isso, o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes à deficiência hídrica se tornará imperativo. Para alcançar esse objetivo, a identificação de genes e a sua posterior introdução no pool gênico de programas de melhoramento de arroz são etapas fundamentais. O objetivo deste trabalho foi identificar genes relacionados à tolerância à deficiência hídrica em arroz a partir de dados de sequenciamento de DNA e avaliação fenotípica em experimento de campo. Para isso, foram selecionados inicialmente 2.500 genes candidatos diferencialmente expressos na seca, obtidos em trabalho anterior por nosso grupo de pesquisa, por meio da técnica de sequenciamento de RNA (RNAseq). Por meio da técnica de sequenciamento por captura (CaptureSeq), os 2.500 genes foram utilizados para analisar 300 acessos de arroz de terras altas da Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa. Para cada gene foram desenhados dois conjuntos de sonda e pares de *primers*, um para a fita sense e outro para a fita anti-sense do DNA. Esses genes, portanto, foram amplificados no genoma do arroz, capturados pela sonda respectiva, e sequenciados em equipamento Illumina Hi-Seq 2500. As sequências foram então filtradas por qualidade e, em seguida, alinhadas com o genoma de referência (Nipponbare) e, a partir desse alinhamento (programa GATK), gerados os marcadores SNPs e InDels. Foram identificados ao todo 16.055 SNPs a partir dos dados de sequenciamento dos 2.500 genes e 300 acessos. Como resultado, foram identificados SNPs oriundos de três genes capazes de discriminar os indivíduos tolerantes dos suscetíveis à seca, considerando a avaliação dos acessos em três experimentos na Estação Experimental de Fenotipagem de seca (Porangatu, GO). Esses três marcadores serão convertidos em ensaios TaqMan para uso rotineiro na seleção assistida para tolerância à deficiência hídrica na Embrapa Arroz e Feijão.

¹ Estudante de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aryadnafv@hotmail.com

² Analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

³ Engenheira de Alimentos, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tereza.borba@embrapa.br

⁴ Química, doutora em Ciências Agrárias, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

⁵ Bióloga, doutora em Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

⁶ Engenheiro Florestal, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da RAPiD Genomics, Gainesville, Flórida, Ineves@rapids-genomics.com

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

Caracterização de isolados de *Xanthomonas* patogênicos ao feijão-comum no Brasil

Bruna Alicia Rafael de Paiva¹, Marisa Ferreira², Adriane Wendland³

Dentre as doenças de origem bacteriana, o crestamento-bacteriano-comum (CBC) é a que apresenta maior importância na cultura do feijoeiro. As estirpes de *Xanthomonas* patogênicas ao feijoeiro formam um grupo geneticamente heterogêneo, dividido em quatro linhagens genéticas distintas (GL). Uma dessas linhagens corresponde à *X. fuscans* subsp. *fuscans* (Xff), e as outras três (GL1, GL2 e GL3) agrupam estirpes classificadas como *X. axonopodis* pv. *phaseoli* (Xap). Diferentes técnicas de detecção podem ser empregadas para demonstrar a presença da bactéria na planta hospedeira. A PCR é amplamente utilizada com múltiplas aplicações em diagnóstico de doenças de plantas, incluindo várias doenças bacterianas. Dependendo dos iniciadores específicos, pode-se detectar um único patógeno ou vários membros de um grupo de patógenos relacionados. Os objetivos deste estudo foram: estabelecer uma coleção de isolados de *Xanthomonas* do feijoeiro, das regiões produtoras brasileiras, validar sua identificação via PCR quadriplex e caracterizá-los quanto à patogenicidade. Foram realizadas coletas em lavouras de Minas Gerais, Mato Grosso, Paraná, Goiás, São Paulo, Rio Grande do Sul e Distrito Federal, entre os anos de 2007 a 2017. As amostras coletadas foram submetidas a isolamento no laboratório e, após 48h de crescimento em meio de cultura, as colônias com características típicas do gênero foram purificadas em meio de cultura YDC e em seguida preservadas. Todos os isolados coletados foram testados para patogenicidade nas cultivares suscetíveis BRS Ártico e Rosinha G-2. Para confirmar a identidade dos isolados foi realizada PCR-multiplex com os iniciadores X4c/X4e, AM1F/AM1R, AM2F/AM2R, e Xf1/Xf2, sendo os três primeiros conjuntos específicos para os patógenos Xap e Xff e o último apenas para Xff. Foram obtidos 191 isolados, dos quais 69 foram identificados como Xap, 60 Xff e 62 apresentaram resultado negativo para PCR específica. A patogenicidade dos isolados Xap, Xffe dos que foram considerados *Xanthomonas* sp. (PCR negativos) foi confirmada pela indução, nas cultivares suscetíveis, de sintomas foliares típicos do CBC. Os resultados sugerem que o CBC é causado por um complexo de patógenos, que pode incluir outra espécie, além de Xap e Xff.

¹ Doutoranda em Fitopatologia, Universidade de Brasília, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, brunaalicia@hotmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, professora da Universidade de Brasília, Brasília, DF, marisavf@unb.com

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriane.wendland@embrapa.br

Desenvolvimento de uma Coleção Nuclear Base de Arroz

Bruna Carla Fagundes Crispim¹, Aluana Gonçalves de Abreu², Erico de Campos Dianese³, Paulo Hideo Nakano Rangel⁴

O Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa (BAG Arroz) possui um acervo de 27.006 acessos. A conservação e o uso sustentável desse germoplasma é uma das questões mais importantes para o nosso país. Além do aumento da população brasileira, as mudanças climáticas em curso deverão pressionar para modificações significativas em nossa agricultura. O acesso à variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma de culturas de importância econômica, como o arroz, tem sido incrementado nos últimos anos. Os dois principais motivos foram o acesso a técnicas de caracterização por marcadores moleculares e a necessidade de ampliação da base genética dos materiais utilizados pelos programas de melhoramento dessas espécies, devido à estagnação dos patamares de produtividade alcançados. Dessa forma, o acesso às informações da variabilidade genética em nível de DNA tem permitido determinar com precisão o nível de similaridade entre genótipos e a possibilidade de se inferir o grau de relacionamento genético entre eles, antes impossível de ser determinado utilizando apenas os descritores morfológicos mínimos. Entre as características agrônomicas, focadas pelos programas de melhoramento de arroz, o desenvolvimento de linhagens com resistência estável à brusone, é uma das mais importantes. A partir desse questionamento, buscou-se desenvolver uma Coleção Nuclear Base de Arroz (CNBA), oriunda da Coleção Acessos de Arroz (CAA), composta por variedades tradicionais brasileiras, fontes internacionais de resistência à brusone, acessos da coleção nuclear temática para tolerância à seca e acessos introduzidos, com a finalidade fenotípica para resistência à brusone. A CAA, constituída por cerca de 1.561 acessos, foi genotipada utilizando um chip de DNA (*Illumina BeadChip* OSBR), composto de 3.742 SNPs distribuídos pelos 12 cromossomos da espécie. Com o objetivo de se avaliar a existência de subgrupos (*indica* e *japônica*), os 1.561 genótipos foram avaliados através do software Structure. Valores a posteriori dos parâmetros de interesse foram obtidos utilizando-se dos procedimentos de Monte Carlo, baseados em Cadeias de Markov, implementados neste software. Para tanto foram descartados os primeiros 10.000 passos (burn-in) do processo de randomização, tendo sido utilizados 100.000 passos para a amostragem final. Durante o processo de estimação admitiu-se a possibilidade de ocorrência de genótipos resultantes de cruzamentos entre subpopulações (*admixture model*). O software Structure Harvester v. 0.6, foi utilizado para se determinar o número efetivo de subgrupos (K) na população. Foram avaliados valores de K entre 2 e 4, com dez repetições para cada. A partir da genotipagem foram selecionados 301 acessos, divididos em quatro subgrupos, todos compostos pelos indivíduos mais divergentes de cada critério. O primeiro subgrupo foi selecionado com base em informações sobre resistência à brusone coletadas na literatura científica; o segundo foi composto por uma amostra de variedades tradicionais de arroz coletadas em todo o território brasileiro; o terceiro, de acessos de arroz *indica* e *japônica* oriundos de várias partes do mundo; e o quarto, de acessos que compõem a coleção nuclear temática para tolerância à seca, a fim de agregar valor a essa coleção. Os dados obtidos permitiram a) classificar os acessos de acordo com o background genético (*indica* e *japônica*); (b) selecionar os acessos mais divergentes geneticamente; c) identificar os acessos duplicados e realizar testes formais de identidade genética; e d) desenvolver uma Coleção Nuclear de Base de Arroz (CNBA), composta por uma amostra de cerca de 20% da CAA, que retém cerca de 80% da diversidade genética que será fenotipada para resistência à brusone. A CNBA será fenotipada com os patótipos mais prevalentes de *Magnaporthe oryzae*, com a finalidade de desenvolver uma Coleção Nuclear Temática de Arroz para resistência à brusone.

¹ Engenheira-agrônoma, doutoranda em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, brunacarlafagundes@hotmail.com

² Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

³ Engenheiro Florestal, doutor em Fitopatologia, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, edianese@ufg.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br

Efeito da micorriza na resistência à brusone em duas cultivares de arroz

Carlos de Sousa Silva¹, Leila Garcês Araújo², Kellen Cristhina Inácio de Sousa³, Alan Carlos Alves de Souza⁴, Priscila Ferreira Teodoro⁵, Marta Cristina Corsi de Filippi⁶

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais produzidos e consumidos no mundo, sendo o principal problema biótico da cultura a brusone (*Magnaporthe oryzae*). Agentes bióticos ou abióticos são capazes de despertar respostas de defesa nas plantas, que podem ser mais efetivas em cultivares que possuam resistência parcial, como a cultivar BRS Sertaneja. Os fungos micorrízicos, como *Waitea circinata*, estão associados a plantas vasculares, promovendo incremento da absorção de água e elementos nutricionais do solo, além de otimizar a resistência aos estresses bióticos e abióticos. *W. circinata* é conhecida por suprimir a brusone das folhas do arroz. O objetivo do trabalho foi comparar o efeito da interação entre micorriza *W. circinata* e as cultivares de arroz de terras altas Primavera e BRS Sertaneja, na supressão da brusone foliar. Em delineamento inteiramente casualizado, sementes destas cultivares, previamente desinfestadas, foram semeadas em bandejas plásticas (15 x 30 x 10 cm), contendo 3 kg de solo adubado. O isolado micorrízico *W. circinata* foi cultivado em meio BDA (Batata-Dextrose-Ágar) por onze dias; após este período teve o micélio removido e macerado em almofariz com auxílio de pistilo previamente esterilizado e as sementes foram microbiolizadas na suspensão obtida, na concentração de 5 g/L água destilada, durante 24 horas a 28 °C a 120 rpm. O ensaio foi constituído de seis tratamentos e três repetições, T1 - sementes da cultivar Primavera microbiolizadas com a suspensão da micorriza *W. circinata*, T2 - sementes da cultivar Primavera microbiolizadas e plantas regadas com a suspensão da micorriza *W. circinata* aos 18 dias após o plantio, T3 - controle (semente da cultivar Primavera microbiolizadas e regadas com água), T4 - sementes da cultivar BRS Sertaneja microbiolizadas com a suspensão da micorriza *W. circinata*, T5 - sementes da cultivar BRS Sertaneja microbiolizadas e plantas regadas com a suspensão da micorriza *W. circinata* aos 18 dias após o plantio, e T6 - controle (sementes da cultivar BRS Sertaneja microbiolizadas e regadas com água). O isolado de *M. oryzae* (8731) foi obtido da Coleção de Microrganismos Funcionais da Embrapa Arroz e Feijão e previamente selecionado por ser virulento para ambas as cultivares utilizadas. No estágio V3, as plantas de arroz foram inoculadas por pulverização foliar, com uma suspensão de 3×10^5 conídios.mL⁻¹. Sete dias após a inoculação, quantificou-se a porcentagem de área foliar afetada com o auxílio de uma escala de notas. Os tratamentos T2 e T5, em que as sementes das cultivares foram microbiolizadas e tiveram suas plantas regadas com a suspensão da micorriza *W. circinata*, aos 18 dias após o plantio, destacaram-se, apresentando 4,13% e 2,13% de área foliar com brusone, quando comparados com os controles que apresentaram 51,58% e 36,88%, respectivamente, da área foliar doente. Independente do tratamento, a micorriza *W. circinata* na cultivar BRS Sertaneja suprimiu a brusone foliar com maior eficiência, destacando a importância da resistência parcial no processo de indução de defesa da planta.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, carlossilva367@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutora em Agronomia, professora/pesquisadora da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, leilagarcesaraujo@gmail.com

³ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, bio.kcisbr@gmail.com

⁴ Doutorando em Fitopatologia, Universidade Federal de Lavras, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alanceresino@yahoo.com.br

⁵ Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscilaeanaluiza@yahoo.com

⁶ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

Análise de QTLs do cruzamento IRAT 122 (*japonica*) x Araguaia (*japonica*)

Daniany Rodrigues Adorno Silva¹, Adriano Pereira de Castro², Antônio Carlos Centeno Cordeiro³, Daniel Fernandez Franco⁴, Francisco Pereira de Moura Neto⁵, Claudio Brondani⁶

Cultivado e consumido em todos os continentes, o arroz (*Oryza sativa* L.) destaca-se pela produção e área de cultivo, desempenhando papel estratégico tanto no aspecto econômico quanto no social. Um dos principais desafios para os programas de melhoramento dessa cultura é o aumento do potencial produtivo de cultivares comerciais. Para o desenvolvimento de linhagens e cultivares superiores é necessário que sejam incorporados alelos superiores em genitores dos programas de melhoramento. Uma das alternativas para a identificação da variabilidade genética útil é a realização de cruzamentos envolvendo genitores pouco aparentados e a genotipagem e fenotipagem de populações segregantes derivadas desses cruzamentos, com uma posterior análise de QTL (locos de caracteres quantitativos). O objetivo deste trabalho consiste na identificação de genes e combinações alélicas que estejam associadas à produtividade de grãos e a massa de 100 grãos em arroz por meio de análises de QTLs, utilizando mapa genético de alta resolução baseado em marcadores SNPs. A população avaliada consiste de 212 RILs (linhagens puras recombinantes) na geração F7. Essa população é derivada do cruzamento IRAT 122 (*japonica*) x Araguaia (*japonica*), que apresentaram na geração F2 alta capacidade específica de combinação (CEC) para o caráter produtividade de grão em relação a outros cruzamentos avaliados em estudo prévio. Os caracteres avaliados foram o número de dias até o florescimento, altura de planta (cm) e produtividade. O delineamento experimental foi o Látice quadrado 16 x 15 com duas repetições. A média da floração das RILs foi de 94 dias após o plantio, com o resultado indicando médias similares a dos genitores, que foi de 93 dias após o plantio. A média para altura de plantas das RILs foi de 124,63 cm, valor similar à média dos genitores, que foi de 124,5 cm, e a produtividade média das RILs foi de 5.725,3 kg ha⁻¹, sendo que a produtividade dos genitores foi de aproximadamente 6.062,5 kg ha⁻¹. A genotipagem das RILs será realizada via DArTseq, que irá gerar um banco de dados de marcadores SNP (polimorfismo de base única) e, quando analisados juntamente com os dados fenotípicos dos caracteres, será realizado o mapeamento de QTL. Ao final, espera-se obter marcadores SNPs relacionados aos caracteres avaliados para uso na seleção assistida ou seleção genômica no programa de melhoramento genético de arroz da Embrapa.

¹ Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, daniany.rodrigues@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Roraima, Boa Vista, RR, antonio.cordeiro@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Sistemas de Produção Agrícola Familiar, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, daniel.franco@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, mestre em Fitotecnia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, francisco.moura@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

A eficácia da política de garantia de preços mínimos no Brasil

Douglas Parahyba de Abreu¹, Marcelo Dias Paes Ferreira², Alcido Elenor Wander³

Um fator intrínseco à produção agropecuária é a sazonalidade de preços dos produtos agrícolas causada pelo excesso de oferta no período de safra e escassez no período de entressafra, acentuada por uma demanda relativamente constante ao longo do ano. As bruscas oscilações dos preços agrícolas, em tese, justificam a intervenção do Governo Federal nos mercados agrícolas via Política de Garantia de Preços Mínimos (PGPM), como fonte de garantia de renda mínima ao produtor rural e para questões de segurança alimentar. Diante da histórica atuação da PGPM no Brasil e pelos elevados valores que o Governo Federal vem destinando aos seus instrumentos, se faz necessário um estudo que vise medir a eficácia dos instrumentos da PGPM, sendo este, portanto, o objetivo deste trabalho. Os objetivos específicos são identificar o que a literatura entende por “eficácia”, quando este termo se refere à PGPM, bem como encontrar uma metodologia apropriada que meça essa eficácia. O período escolhido para análise foi de 2000 a 2016, levando em consideração a disponibilidade dos dados. Os dados foram disponibilizados pela Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) e informam quando, onde e quais instrumentos de PGPM foram utilizados. Por entender que geram intervenção direta no mercado de preços agrícolas apenas os seguintes instrumentos, foram selecionados: O Prêmio Equalizador Pago ao Produtor Rural (PEPRO); O Prêmio para o Escoamento de Produto (PEP); e a Aquisição do Governo Federal (AGF). Sendo a eficácia da PGPM entendida, a partir da literatura levantada, como uma capacidade da intervenção em elevar os preços de mercado. A metodologia escolhida, considerada mais apropriada para este tipo de teste, foi um modelo de intervenção, ou seja, inclusão de variável binária nos modelos de séries temporais da classe Autorregressivos Integrados de Média Móvel (ARIMA ou, com componente sazonal, SARIMA). Os resultados parciais, a partir de revisão bibliográfica, apontam problemas históricos na condução da PGPM, desde o cálculo dos preços mínimos, da disposição geográfica com que os instrumentos são executados e a quantidade de recursos destinados às intervenções. Desta forma, espera-se encontrar intervenções estatisticamente não significantes, ou seja, demonstrando que os instrumentos da PGPM analisados não conseguiram (pelo menos em sua maioria) elevar os preços de mercado dos produtos agrícolas quando acionados. As implicações desses resultados levam a duas considerações, uma com relação aos próprios instrumentos e outra relacionada à metodologia utilizada. Caso os instrumentos não sejam eficazes, mesmo quando realizam aportes considerados “suficientes” para elevar os preços, considerar-se-á que o Governo deveria desativar tais instrumentos no sentido de buscar uma alocação mais eficiente para esses recursos que, de forma equivalente, poderiam garantir renda ao produtor, como, por exemplo, com o seguro rural. A segunda implicação é que o modelo de intervenção utilizado não é capaz de captar as expectativas dos agentes que transacionam nos mercados agrícolas, por exemplo, ao definir um preço mínimo, será que o Governo é capaz de “convencer” o mercado a praticar preços acima daquele valor? E em que grau essa relação ocorre? Será que a ausência de preços mínimos faria com que o mercado praticasse recorrentes preços abaixo dos preços mínimos? Essas questões revelam a limitação do presente trabalho e abrem janelas para verificações futuras.

¹ Bacharel em Ciências Econômicas, mestrando em Agronegócio, Universidade Federal de Goiás, bolsista FAPEG, Goiânia, GO, abreu.douglas@gmail.com

² Bacharel em Gestão do Agronegócio, doutor em Economia Aplicada, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, marcelo.ferreira@ufg.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Agrárias, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alcido.wander@embrapa.br

Avaliação da expressão de genes candidatos para tolerância à deficiência hídrica em arroz de terras altas na plataforma de fenotipagem SITIS

Fabianna Ferreira dos Santos¹, Anna Cristina Lanna², Claudio Brondani³, João Antônio Mendonça⁴, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁵, Rosana Pereira Vianello⁶

O arroz de terras altas (*Oryza sativa* L.) é uma alternativa agrícola com menor demanda hídrica que o arroz irrigado, cultivado com lâmina de água. O objetivo deste estudo foi avaliar 25 genótipos de arroz de terras altas, cultivados em dois ambientes contrastantes de água no solo (com e sem deficiência hídrica), quanto ao parâmetro de produtividade e à expressão diferencial de 22 genes previamente identificados como responsivos em condições de deficiência hídrica. O delineamento experimental na SITIS foi látice 5x5 com doze repetições (colunas de solo por genótipo), sendo seis colunas destinadas ao tratamento controle e seis colunas destinadas ao tratamento com deficiência hídrica, para cada um dos 25 genótipos. Ao término do ciclo da cultura foram realizadas as avaliações dos componentes de produção (número de grãos cheios, número de espiguetas estéreis e massa de 100 grãos) e produtividade. Quanto ao parâmetro de produtividade avaliado, observou-se um forte contraste entre os genótipos, com redução de produtividade variando de 7,7% a 90,8% nas variedades cultivadas sob estresse, em relação às respectivas variedades cultivadas com irrigação normal. Os valores médios de produtividade (g/coluna) variaram de 44 a 170 no tratamento irrigado, e de 4 a 86 na condição de deficiência hídrica. Dentre os 25 genótipos avaliados, sete apresentaram redução de produtividade maior que 50% e foram categorizados como sensíveis, 17 mantiveram uma redução menor do que 50% e foram considerados tolerantes à deficiência hídrica. Dos 24 genótipos avaliados, nove destacaram-se como produtivos no tratamento controle e sob deficiência hídrica. Os 25 genótipos variaram quanto à produtividade na presença da deficiência hídrica, sendo passíveis de serem explorados em nível genético quanto à expressão diferencial de genes candidatos potencialmente relacionados com a tolerância à deficiência hídrica. Para a análise molecular de expressão gênica foram selecionados 12 genótipos, com maior contraste quanto a tolerância à deficiência hídrica, avaliados em quatro épocas distintas durante a aplicação da restrição hídrica, 24 horas após o corte de irrigação no estágio de desenvolvimento R1 (diferenciação da panícula); após cinco dias sem irrigação; no estágio R5 (enchimento do grão); após dez dias com reposição de 50% da água evapotranspirada pelas plantas do tratamento controle; e 48 horas após o restabelecimento da irrigação, no estágio R8 (maturação fisiológica). Os resultados da extração do RNA total revelaram padrões de qualidade e quantidades adequados para as análises de expressão gênica. Os valores médios para as razões de absorvância 260 nm/280 nm foram de 2,050; 2,059; 1,995 e 2,023 e 260 nm/230 nm de 1,765; 1,404; 1,357 e 1,398 (primeira a quarta coletas, respectivamente), indicando uma ligeira redução da pureza das amostras quando submetidas a períodos mais prolongados de deficiência hídrica. As médias da concentração final das amostras foram 581, 303, 402 e 400 ng/ μ l (primeira a quarta coletas, respectivamente), indicando uma redução no período da segunda coleta, em que a restrição hídrica permaneceu por cinco dias. A análise de expressão gênica diferencial dos 22 genes nos 12 genótipos de arroz de terras altas está sendo conduzida na plataforma Biomark™ (Fluidigm) para posterior determinação dos perfis com expressão diferencial. Os resultados darão subsídios para ampliar o conhecimento dos mecanismos genéticos responsivos nas condições de deficiência hídrica e, conseqüentemente, identificar os genes mais responsivos na presença de déficit hídrico para o desenvolvimento de marcadores para seleção assistida, aumentando com isso, a eficiência no melhoramento genético de arroz de terras altas.

¹ Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fabianna_bio@hotmail.com

² Química, doutora em Ciências Agrárias, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

⁴ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

⁵ Farmacêutica, mestre em Genética e Biologia Molecular, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

⁶ Bióloga, doutora em Genética Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

Metodologia para detecção rápida de resistência de *Trichoderma* spp. ao fungicida Carbendazim

Fernanda Yoshida¹, Elder Tadeu Barbosa², Renan Macedo¹, Tariane Alves Machado¹, Murillo Lobo Junior³

Os agentes de controle biológico de doenças podem ser afetados pela exposição a produtos fitossanitários, utilizados na produção agrícola convencional. É possível que os fungicidas, inseticidas e herbicidas matem os conídios do agente de biocontrole *Trichoderma* spp., causando a redução de sua eficiência no campo. Por ser importante obter isolados com resistência aos insumos especialmente danosos a este bioagente, o objetivo deste trabalho foi desenvolver uma metodologia rápida para seleção de isolados de *Trichoderma* spp. resistentes ao Carbendazim, fungicida sistêmico de amplo espectro de ação. O método proposto utiliza microplacas de poliestireno transparentes com 96 poços e o corante Alamar Blue (AB), um indicador de viabilidade celular solúvel em água, atóxico a fungos e humanos. Quando o patógeno é exposto a um fungicida e é capaz de utilizá-lo como única fonte de carbono, ocorre a redução do corante, sendo esta reação colorimétrica, de intensidade variável, com passagem da cor azul à rosa, que caracteriza a maior resistência ao fungicida. Para ajustar o método, foram analisados 79 isolados de *Trichoderma* spp. da coleção de fungos e microrganismos funcionais da Embrapa Arroz e Feijão, provenientes de diversos estados do Brasil, como Bahia, Goiás, Minas Gerais, Paraná, São Paulo e Tocantins. Foram avaliadas três concentrações de inóculo do antagonista (1×10^5 , 10^6 e 10^7 conídios de *Trichoderma* spp. mL⁻¹), e o fungicida Carbendazim nas concentrações de 10, 100 e 1000 ppm suspensos em meio líquido Czapek com 0,05% de ágar. Com as combinações entre as suspensões de conídios e soluções dos fungicidas e testemunhas em esquema fatorial 4×4 , cada isolado foi submetido a 16 tratamentos. Para as testemunhas, foi utilizada água destilada autoclavada e meio Czapek + 0,05% de ágar. Os ensaios foram realizados com a distribuição de 60 μ l de suspensão de conídios + 10 μ l do corante AB + 140 μ l da suspensão do fungicida em cada poço das microplacas. Em seguida, as placas foram vedadas e incubadas no escuro, a 25 °C. Foram realizadas leituras em espectrofotômetro, após 72, 96 e 120 horas, com absorbância em 570 e 600 nm estimada com auxílio do programa Gene 5 2.0. Após a leitura das absorbâncias, a porcentagem de redução do AB foi estimada conforme a fórmula: % de redução do AB = $[(O2 \times A1) - (O1 \times A2)] / [(R1 \times N2) - (R2 \times N1)] \times 100$, onde ; O2 = coeficiente de extinção molar (E) de AB oxidado a 600 nm; A1 = absorbância de poços de teste em 570 nm; O1 = E de AB oxidado (azul) a 570 nm; A2 = absorbância de poços de teste em 600 nm; R1 = E de redução de AB (rosa) em 570 nm; N2 = absorbância do controle negativo a 600 nm; R2 = E de redução de AB em 600 nm; e N1 = absorbância do controle negativo em 570 nm. Após a análise de variância dos resultados, verificou-se que a reação é afetada pelas concentrações de inóculo e de fungicida, e também pelo tempo de incubação ($p < 0,001$), com interação entre estes fatores. Observou-se que a maioria dos isolados apresentaram alta sensibilidade ao fungicida, encontrando-se apenas 15% de resistentes ao Carbendazim em 1000 ppm. De acordo com testes de agrupamento e análise da distância euclidiana dos *Trichodermas* resistentes com os seus locais de origem, não há relação entre resistência e origem geográfica dos isolados. O método proposto demonstrou ser rápido e eficiente na detecção de resistência de *Trichoderma* spp. ao fungicida Carbendazim, além de apresentar baixo custo, com pouca necessidade de espaço físico e de mão-de-obra e baixa geração de resíduos tóxicos, em comparação com o contrário do método laboratorial mais utilizado, que utiliza meio agarizado em placas de Petri.

¹ Estudante de pós-graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fernandayoshida@gmail.com

² Farmacêutico, assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, elder.barbosa@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.lobo@embrapa.br

Qualidade física e culinária de grãos especiais do tipo aromático

Fernando Araujo Ribeiro¹, Priscila Zaczuk Bassinello², José Manoel Colombari Filho³, Renilda Aparecida Ferreira⁴, Rosângela Nunes Carvalho⁵

Recentemente, têm surgido pesquisas, cruzamentos e seleção de linhagens genéticas e variedades de arroz de tipo especial que fornecem maior lucratividade e valor agregado à cadeia produtiva e maior rentabilidade ao produtor. Esses grãos são denominados como especiais porque apresentam peculiaridades em um ou mais aspectos relacionados ao grão como tamanho, forma e aroma. Um composto volátil simples, 2-acetil-1-pirrolina (2AP), comprovadamente é o principal responsável pelo aroma do arroz. No arroz aromático, o 2AP pode ser detectado em todas as partes da planta, exceto nas raízes. O 2AP também está presente em variedades de arroz não perfumadas, mas em uma concentração muito mais baixa. As variedades de arroz perfumado são muitas vezes descritas como "popcorn-like". O Jasmine tailandês e Basmati indiano são os tipos mais amplamente reconhecidos e desejados pelos consumidores e atraem preço "premium" no mercado, além disso, a demanda global por arroz perfumado está aumentando. Dessa forma, este trabalho propõe identificar a presença e intensidade de aroma e caracterizar a qualidade física e culinária de grãos aromáticos visando o desenvolvimento desse tipo especial de arroz. Foram analisadas amostras do ensaio de campo conduzido em 2015/16, em Goianira, GO, na Fazenda Palmital, da Embrapa Arroz e Feijão, composto por 56 tratamentos, sendo 52 acessos de arroz aromático do Banco Ativo de Germoplasma (BAG Arroz) da Embrapa e quatro testemunhas que contemplam os padrões não aromáticos e aromáticos de referência no mercado brasileiro e internacional (IRGA 417, EMPASC 104, IAC 500 e Jasmine 85). Após colheita, as amostras foram limpas, classificadas e seguiram para o beneficiamento em moinho de prova e os grãos polidos foram avaliados quanto ao grau de polimento. Realizou-se o teste de alongação por paquímetro digital dos grãos crus e cozidos, a fim de proporcionar uma avaliação do potencial de expansão de volume. A análise de aroma foi baseada em metodologia subjetiva, que extrai o aroma pelo uso de solução alcalina em grãos crus, o qual é classificado por comparação ao aroma padrão, por indivíduos treinados. Utilizou-se escala de intensidade de aroma (intenso, medianamente intenso, pouco intenso ou ausente) para classificação dos acessos. A maior parte dos acessos foram classificados em longo e fino. Os resultados de alongação do grão obtidos revelaram que variaram de 1,52 a 2,44 mm, que corroboram com a literatura que indica que grãos aromáticos possuem qualidade única de alongamento igual ou superior a 1,9 mm, quesito esse que promove maior exportação. No que se refere ao aroma, 32% das amostras apresentaram-se com aroma intenso, 48% medianamente intenso, 20% pouco intenso e 0% ausente. Mesmo considerando que os tipos especiais possuem maior valor agregado e, por consequência, maior valor de mercado, sua produção é pouco significativa no Brasil, e a maior parte deles é importada apenas para atender à pouca demanda. Porém, atualmente, há uma maior busca do consumo de arroz de tipos especiais por nichos específicos de mercado, seja por associação a tradições culturais de alguns povos ou mesmo por serem oferecidos em restaurantes especializados ou étnicos. A diversidade fenotípica de cultivares de arroz aromático asiático não foi estudada amplamente e são inexistentes parâmetros de qualidade para os grãos aromáticos. Conclui-se quanto aos materiais que apresentaram alongação, que a maioria mostrou-se intenso a medianamente intenso quanto ao aroma e que, a qualidade dos grãos avaliados contribuirá com a abertura de novos nichos de mercado no Brasil e, a partir desses levantamentos, permitirá uma referência para as próximas seleções. É essencial para o desenvolvimento da produção de arroz aromático que os programas de melhoramento aperfeiçoem as cultivares para atender à demanda dos consumidores, entendendo e levantando o impacto sobre a qualidade aromática dos grãos, bem como a relação entre a qualidade aromática e componentes de rendimento.

¹ Mestrando em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, fernandoribeiro_nutri@hotmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.colombari@embrapa.br

⁴ Assistente do laboratório de grãos e subprodutos da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, renilda.ferreira@embrapa.br

⁵ Engenheira de Alimentos, mestre em Ciência Animal, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosangela.carvalho@embrapa.br

Estimação do progresso genético em população de seleção recorrente de feijão-comum de grãos tipo carioca

Filipe Cavalcante Farias¹, Danilo Almeida¹, Patrícia Guimarães Santos Melo², Leonardo Cunha Melo³

Uma das dificuldades para um possível incremento no potencial produtivo das cultivares de feijão-comum tem sido a exigência do mercado consumidor por cultivares com grãos tipo carioca. Esta exigência reduz as fontes de germoplasma a serem utilizados, limitando a variabilidade genética disponível aos programas de melhoramento. O método de seleção recorrente é eficiente e, portanto, recomendável para caracteres quantitativos como a produtividade de grãos ou quando se deseja associar vários caracteres em uma cultivar. A eficiência da seleção recorrente está na capacidade de geração e manutenção da variabilidade ao longo dos diferentes ciclos, possibilidade de cruzamento entre vários genitores e a garantia de maior oportunidade de recombinação das progênes superiores, permitindo o aumento da frequência de alelos favoráveis gradativamente. Além de possibilitar a inclusão de cultivares na recombinação, mesmo que o programa já esteja em andamento é possível a obtenção de linhagens superiores a cada ciclo seletivo. O progresso genético pode ser definido com as alterações obtidas em relação ao desempenho dos genótipos avaliados nos ciclos da seleção recorrente, para caracteres de interesse. Os objetivos deste trabalho foram avaliar o potencial das famílias obtidas em cada ciclo e estimar o progresso genético em dois ciclos de seleção recorrente para os caracteres produtividade de grãos, acamamento e arquitetura. Foram avaliadas as 20 melhores famílias do ciclo CI, 20 do CII e três testemunhas (BRS Cometa, BRS Pontal e BRS Estilo) na safra das águas de 2016, em Goiânia, GO, na área experimental da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás. Os tratamentos foram dispostos em blocos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 4 m, espaçadas de 0,5 m. O progresso genético foi obtido pela diferença entre as médias de produtividade, arquitetura e acamamento das 20 progênes do CII e do CI. A produtividade foi obtida pela colheita dos grãos da área útil de cada parcela que, após a secagem e a medição da umidade, foi feita a correção para 13% e o resultado convertido para quilos por hectare. As notas de arquitetura e acamamento foram obtidas por uma escala de notas utilizada pela equipe de pesquisa da Embrapa Arroz e Feijão. Houveram diferenças significativas entre as famílias de cada ciclo, para todos os caracteres, indicando que a variabilidade foi mantida nos dois ciclos. O progresso genético, apesar dos resultados serem preliminares, pois estão previstos mais ensaios, foi de 27% para o caráter produtividade de grãos, 1,60% para arquitetura de planta e 6,02% para o acamamento.

¹ Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fariasufmt@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, docente da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, pgsantos@gmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

Método GGE-GIS: adaptação e recomendação de cultivares via mapas e covariáveis ambientais

Germano Martins Ferreira Costa Neto¹, Adriano Pereira de Castro², Alexandre Bryan Heinemann³, João Batista Duarte⁴

A interação genótipo x ambiente (GE) é um fenômeno estatístico-biológico decorrente da interação multifatorial e não-aditiva entre genótipo e o meio no qual se encontra (conjunto de fatores ambientais). O adequado estudo desse fenômeno ainda é um grande desafio biométrico e logístico, impactando diretamente na avaliação do valor de cultivo e uso (VCU) e na recomendação de cultivares. Métodos para estudo da adaptabilidade e estabilidade, que suportam a tomada de decisão nesse processo, possuem baixa capacidade preditiva, baixo ajuste ou difícil interpretação dos conceitos genético-quantitativos. Como consequência dessas limitações, alguns melhoristas optam pela recomendação genotípica baseando-se apenas na média fenotípica do caráter prioritário, dispensando o uso direto de informações adicionais sobre sua adaptação. Diante dessa realidade, foi desenvolvido um método que integra fatores de importância ecofisiológica, tais como temperatura do ar e radiação solar, e modelos biométricos para estudo da adaptação fenotípica, utilizando-se, ainda, uma simples abordagem gráfica. O procedimento consiste na decomposição das matrizes de efeitos genéticos e de interação GE ($G + GE$) via regressão por quadrados mínimos parciais e covariáveis ambientais, regionalizadas por local de avaliação, no modelo: $G + GE = VG + VA + \text{resíduo}$, em que VG é o efeito genético médio e VA o valor adaptativo. Desse modo, espera-se captar padrões de respostas genotípicas que expliquem a variância presente na matriz $G + GE$. Para a obtenção de dados climáticos, automatizamos o processo usando Sistemas de Informação Geográfica (GIS). O uso de GIS possibilitou a elaboração de três mapas temáticos com alta resolução (8,8 km x 8,8 km), denominados de “adaptação regionalizada”, “genótipo vencedor por região” e “superioridade do germoplasma experimental em relação as cultivares comerciais”. Por esse motivo, denominamos o método por GGE-GIS. Os dados necessários para a utilização do método GGE-GIS são: (1) matriz de médias genotípicas por local ou ambiente; e (2) arquivo contendo o nome ou as coordenadas dos locais de avaliação na rede experimental. Os resultados podem ser interpretados pelo ordenamento das estimativas de VG, para fins de seleção para adaptação ampla; e visualmente, pelo mosaico de cores ilustrando as classes de adaptação presentes nos mapas temáticos (representação de $VG + VA$). Esta última permite o diagnóstico de quatro tipos de conceitos de estabilidade (I, II, III e IV), além da adaptabilidade sob condições ambientais específicas. Por fim, o método possibilita avaliar a atuação regional do programa de melhoramento, identificando regiões onde ganhos genéticos são reduzidos, isto é, onde há dificuldade em recomendar novas cultivares. Para o desenvolvimento e a validação do método, foram utilizados dados oriundos de 28 ensaios de VCU do Programa de Melhoramento de Arroz de Terras altas, envolvendo 34 materiais elite em sete Estados brasileiros, no biênio 2012-2013. A capacidade preditiva dos mapas foi avaliada em esquema de validação cruzada, a partir do comparativo entre as predições do modelo completo e do modelo obtido por 1000 arranjos (jackknife) contendo 24 ambientes. Desse modo, foi possível constar alta precisão (erro preditivo = 290 kg ha⁻¹. $r = 0,7$) na predição do desempenho genotípico em ambientes não-amostrados. O método GGE-GIS representa uma nova visão para suporte na tomada de decisão do melhorista que lida com a interação GE em programas de melhoramento com extensas e heterogêneas regiões-alvo. A principal restrição do método está na representatividade espacial dos locais de avaliação. Isto decorre da sensibilidade do modelo ao número de locais avaliados e, principalmente, a sua distribuição dentro das condições edafoclimáticas da região-alvo. Ensaios pouco distribuídos ou em menor número, impossibilitam a boa amostragem das condições ambientais da região-alvo, limitando, assim, a qualidade preditiva e a precisão dos modelos.

¹ Engenheiro-agrônomo, mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, germano.cneto@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriano.castro@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, jbduarte@ufg.br

Atividade inseticida de óleos essenciais in natura e nanoencapsulados sobre *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae)

Karla de Castro Pereira¹, Dannilo Vono Moura da Rocha², Eliane Dias Quintela³, Daniel José da Silva⁴, Cristiane de Melo Cazal⁵, Fabiano Guimarães Silva⁶

Pesquisas científicas mostram a crescente busca por produtos naturais com efeito inseticida. Dentre esses, os óleos essenciais de origem vegetal oferecem características interessantes por serem seletivos, biodegradáveis e menos tóxicos aos organismos não-alvos. Adicionalmente, o processo de nanoencapsulação fornece uma atrativa ferramenta por proteger os compostos ativos contra a degradação por fatores abióticos, além de oferecer um sistema de liberação controlada. Até o presente não há registros na literatura sobre o efeito inseticida dos óleos essenciais dos frutos de *Zanthoxylum rhoifolium* Lam. e *Zanthoxylum riedelianum* Engl. (Rutaceae) sobre *Bemisia tabaci* Genn. (Aleyrodidae). O objetivo deste trabalho foi avaliar a atividade dos óleos essenciais in natura e nanoencapsulados dos frutos de ambas as espécies vegetais sobre a mortalidade de ninfas de *B. tabaci*. O método de nanoprecipitação foi utilizado no preparo das suspensões de nanoesferas de PCL (poli- ϵ -caprolactona) obtendo uma eficiência de encapsulação $\geq 85\%$ para *Z. rhoifolium* e de $\geq 90\%$ para *Z. riedelianum*. No primeiro bioensaio o óleo essencial nanoencapsulado dos frutos de *Z. rhoifolium* na concentração de 1,5% matou 84,3% das ninfas de segundo ínstar e foi significativamente maior que a forma in natura (65%). No segundo bioensaio não foram observadas diferenças significativas na mortalidade de ninfas de segundo ínstar para o óleo in natura e o nanoencapsulado de *Z. rhoifolium*, nas doses de 1,0% e 1,5%. Já o óleo essencial in natura dos frutos de *Z. riedelianum* foi mais eficiente que os nanoencapsulados, matando 62%, 73%, 86% e 85% de ninfas de segundo ínstar, para as concentrações de 0,25%; 0,5%; 1,0% e 1,5%, respectivamente. A dose de 1,5% dos óleos essenciais de ambas as espécies vegetais causaram a mortalidade de ninfas, semelhantemente ao Benevia®. Sendo assim, os óleos essenciais dos frutos de *Z. rhoifolium* e de *Z. riedelianum* têm potencial para utilização no controle de *B. tabaci*.

¹ Doutoranda em Biotecnologia e Biodiversidade, Universidade Federal de Goiás/Instituto Federal Goiano, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, karla.castro@ifgoiano.edu.br

² Graduando em Agronomia, Uni-Anhanguera, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, dannilovono@hotmail.com

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, eliane.quintela@embrapa.br

⁴ Graduando em Licenciatura em Química, Instituto Federal Sudeste de Minas Gerais, aluno de iniciação científica, Barbacena, MG, danieljose95@ymail.com

⁵ Química, doutora em Química de Produtos Naturais, docente do Instituto Federal Sudeste de Minas Gerais, Barbacena, MG, criscasal@yahoo.com.br

⁶ Licenciado em Ciências Agrícolas, doutor em Agronomia, docente e pró-reitor de pesquisa, pós-graduação e inovação do Instituto Federal Goiano, Rio Verde, GO, fabianoifgoiano@gmail.com

Adaptação de isolados mutantes de *Magnaporthe oryzae* resistentes ao fungicida azoxistrobina (G143A) associados a lavouras de arroz no Brasil

Leilane Silveira D'Ávila¹, Adalberto Corrêa Café Filho², Marta Cristina Corsi de Filippi³

A dinâmica da competição e adaptação entre isolados sensíveis e resistentes a fungicidas pode determinar se a característica da resistência se estabelecerá na população do patógeno. Na literatura não há conclusões sobre possíveis perdas de características devido à adaptação em mutantes G143A de *Magnaporthe oryzae*, no campo. Tendo em vista o manejo da resistência de isolados de *M. oryzae*, é necessário caracterizar e compreender a dinâmica de competição entre os isolados resistentes, nas fases iniciais de seu desenvolvimento. O objetivo deste trabalho foi caracterizar isolados de *M. oryzae* resistentes ao grupo das estrobilurinas (Qol), portadores da mutação G143A, quanto à adaptabilidade. Foram realizados três ensaios compostos por oito tratamentos e três repetições, em delineamento inteiramente casualizado. Primeiramente foi examinada a sensibilidade *in vitro* (inibição do crescimento micelial e germinação de conídios) a azoxistrobina, de um grupo de 98 isolados provenientes de áreas de arroz com histórico de inúmeras aplicações de fungicidas. Em seguida, foi realizada a extração do DNA dos isolados, amplificação da região do citocromo b e posterior digestão com as enzimas Styl e Fnu4HI (para detecção dos isolados portadores das mutações F129L e G143A, respectivamente). Oito isolados representativos foram caracterizados quanto à agressividade em plantas de arroz em casa de vegetação e mensurados os parâmetros epidemiológicos (produção de inóculo, período de latência, tamanho de lesão e intensidade de esporulação). Nestes ensaios, os mutantes foram comparados a um isolado do tipo selvagem (guy11). Todos os isolados apresentaram crescimento em meio BDA suplementado com azoxistrobina ($10 \mu\text{g mL}^{-1}$), mas o crescimento relativo médio variou de 38,4% a 94,4% do crescimento em meio não suplementado. No ensaio de germinação de esporos, todos os isolados germinaram na dose de $10 \mu\text{g mL}^{-1}$ de azoxistrobina, porém com diferentes níveis de redução na germinação dependente do isolado (variando de 28,5% a 65,4% de germinação relativa). Até então foram detectados 12 isolados portadores da mutação G143A. Observaram-se diferentes padrões de agressividade dos isolados (a média de severidade da brusone foliar variou de 2,4% a 25,8%). A produção de inóculo variou de 1×10^2 a 3×10^6 conídios mL^{-1} . O período de latência não diferiu estatisticamente entre os isolados, e o tamanho da lesão variou, assim como a esporulação destas. A presença da mutação, condicionada pela resistência aos inibidores da Qol, parece provocar uma perda de adaptabilidade do isolado, visto que constatamos diferentes perfis dos mutantes que, na maioria, apresenta uma redução de agressividade, assim como perda de adaptabilidade comparada com o isolado selvagem.

¹ Estudante de doutorado em Fitopatologia da Universidade de Brasília, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, silveiraleilane@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Fitopatologia, professor associado da Universidade de Brasília, Brasília, DF, cafehilh@unb.br

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

Voláteis emitidos por plantas de arroz sadias e danificadas por *Tibraca limbativentris* Stal. e *Glypheidomyia spinosa* Campos & Grazia

Lucas Adjuto Ulhoa¹, José Alexandre Freitas Barrigossi², Maria Carolina Blassioli Moraes³, Raul Alberto Laumann⁴, Miguel Borges⁵

Evolutivamente, as plantas desenvolveram a habilidade de reconhecer e responder ao ataque de insetos. Plantas danificadas por herbivoria emitem uma mistura de voláteis diferentes de plantas sem injúria. Tais voláteis são produzidos pelas plantas por indutores presentes na saliva dos insetos. Os voláteis de plantas induzidos por herbivoria (VPIH) são usados para se defenderem da praga, sendo essa defesa direta ou indireta. Na defesa direta os VPIH agem diretamente sobre o agressor, podendo funcionar como deterrentes de alimentação, por exemplo. Na defesa indireta age atraindo os inimigos naturais da praga para as plantas. Estudos relacionados à comunicação química entre insetos e plantas constituem um importante passo para o desenvolvimento de ferramentas que possam ser aplicadas no manejo integrado de pragas. A identificação dos VPIH e suas interações com os insetos, sejam eles herbívoros ou inimigos naturais, é muito importante para selecionar plantas mais adaptadas ao ambiente que apresenta pressão de pragas e até fornecer informações para desenvolver medidas alternativas de controle. Este trabalho teve como objetivo identificar e quantificar os voláteis liberados por plantas de arroz submetidas à injúria imposta por dois percevejos importantes para a cultura: *Glypheidomyia spinosa* e *Tibraca limbativentris*. A imposição da injúria nas plantas de arroz foi feita infestando-se as plantas com duas fêmeas virgens de cada espécie de percevejo. Para garantir que os insetos produzissem injúria suficiente para causar alterações fisiológicas nas plantas, os percevejos foram mantidos em jejum durante 24 horas antecedentes à infestação. Os voláteis foram coletados das plantas a cada 24 horas, durante cinco dias consecutivos, usando um sistema de aeração, em adsorvente químico Porapak Q. Os voláteis foram eluídos usando *n*-hexano e analisados por CG-EM e CG-DIC. Foram realizadas seis repetições para cada um dos três tratamentos: Plantas sem injúria, plantas com injúria de *T. limbativentris* e plantas com injúria de *G. spinosa*. Os resultados das análises químicas permitiram a identificação de 35 compostos voláteis nos três tratamentos, dentro destes, 26 tiveram a produção induzida, principalmente relacionada com as plantas injuriadas por *T. limbativentris*. Os 35 compostos pertencem à classe de voláteis verdes de planta, monoterpênicos e sesquiterpênicos. A análise dos componentes principais aplicada à mistura de voláteis produzidos pelos três tratamentos ao longo dos cinco dias, mostrou separação desses três a partir de 72 horas após o início da injúria. Estudos estão sendo conduzidos para avaliar a influência dos voláteis no comportamento dos herbívoros e dos inimigos naturais. Os resultados obtidos até o momento, mostraram que as plantas de arroz respondem ao dano de herbivoria através da produção de voláteis, e que a resposta é específica à espécie que está provocando a injúria.

¹ Engenheiro-agrônomo, mestrando em Fitossanidade na Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luc2090@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, jose.barrigossi@embrapa.br

³ Química, doutora em Química Analítica, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, carolina.blassioli@embrapa.br

⁴ Biólogo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, raul.laumann@embrapa.br

⁵ Biólogo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, miguel.borges@embrapa.br

O escurecimento de grãos em feijão-comum com diferentes origens é controlado pelo mesmo gene?

Ludivina Lima Rodrigues¹, Kássia Karolline da Silva², Samara Rayane Pereira de Moraes³, Mário Henrique Rodrigues Mendes Torres⁴, Leonardo Cunha Melo⁵, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁶, Helton Santos Pereira⁷

O escurecimento dos grãos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ocorre durante o armazenamento e pode resultar em perda significativa de valor do produto. O feijão tipo carioca é o preferido do mercado consumidor brasileiro, enquanto que o tipo pinto é um dos preferidos no mercado Norte-americano. A linhagem 1533-15, de grãos tipo pinto, e a cultivar BRSMG Madrepérola, de grãos tipo carioca são genótipos que mantêm a coloração clara por maiores períodos de tempo em relação a outros genótipos. Devido à essa característica, esses genótipos são denominados como de escurecimento lento (EL), enquanto que a maioria das outras linhagens e cultivares são referidos como de escurecimento normal (EN). No caso dos genótipos 1533-15 e BRSMG Madrepérola, o escurecimento dos grãos é controlado por um gene, com dominância do alelo que confere o EN. Entretanto, não se sabe se o gene que controla essa característica nos dois genótipos é o mesmo. Como esses genótipos são bastante diferentes com relação aos caracteres de importância agrônoma, inclusive tipo de grão (forma, tamanho e tipo) e região de cultivo, esses genes podem ser diferentes. Assim, o objetivo deste trabalho foi constatar se os genes que controlam o escurecimento dos grãos nos genótipos BRSMG Madrepérola e 1533-15 são diferentes ou se é o mesmo gene, por meio de um teste de alelismo. Foram realizados cruzamentos entre os dois genótipos e obtidas as gerações F_1 e F_2 . Todas as plantas (genitores e progênies) foram conduzidas em telado com sistema de irrigação por gotejamento, em Santo Antônio de Goiás, GO. As plantas da geração F_1 foram checadas com marcadores microssatélites para garantir que não houvesse mistura de sementes provenientes de autofecundações, na formação da geração F_2 . Uma vez que o escurecimento é expresso no tegumento, que é um tecido materno, a determinação do fenótipo das plantas F_2 de uma população segregante requer fenotipagem das sementes na geração $F_{2:3}$. Foram obtidas sementes F_1 de seis indivíduos, sendo confirmada a natureza híbrida destes por meio de marcador microssatélite contrastante entre os genitores. A população F_2 foi formada por 67 progênies, nas quais foi avaliado o tegumento das sementes $F_{2:3}$ obtidas de cada planta. Após a colheita, parte das sementes de cada progênie F_2 foi armazenada em embalagens de polietileno transparente, nas condições de temperatura e umidade ambiente, monitoradas por *datalogger* (modelo AK174 AKSO[®]), no período de agosto a dezembro, em um galpão. A avaliação do escurecimento foi realizada aos 45, 90 e 130 dias pós-colheita, por meio de uma escala de notas, variando de 1 a 5: 1-grãos com a cor do tegumento (GCT) muito clara; 2-GCT intermediária tendendo para clara; 3-GCT intermediária sem tendência; 4-GCT intermediária tendendo para escura; e 5-GCT muito escura. As progênies que obtiveram notas menores que 3 foram consideradas como de EL, e as que obtiveram notas maiores ou iguais a 3 foram consideradas de EN. Os genitores e todas as progênies F_2 receberam nota 1 aos 45 dias de armazenamento e nota 2 aos 130 dias, com exceção de duas progênies que continuaram com nota 1 aos 130 dias de armazenamento. A ausência de segregação em geração F_2 indica que o gene que controla o escurecimento dos grãos nos dois genótipos é o mesmo. Para confirmação, os dados foram analisados por testes de X^2 e componentes genéticos de variância. Na análise de X^2 , os dados não se adequaram ao modelo monogênico de segregação mendeliana (3:1) e também a modelos de interações gênicas epistáticas com dois genes (15:1; 9:7; 13:3). Nos resultados dos componentes de variância, a variância genética da população F_2 foi zero. Considerando a natureza da variabilidade genotípica da população F_2 , o número mínimo de genes estatisticamente estimados foi zero. Conclui-se que não existem genes segregantes controlando o caráter, confirmando que o gene responsável pelo escurecimento dos grãos é o mesmo na cultivar BRSMG Madrepérola (carioca) e na linhagem 1533-15 (pinto).

¹ Engenheira-agrônoma, mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ludivina_rodrigues@hotmail.com

² Estudante de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, kassia_karolline@hotmail.com

³ Engenheira-agrônoma, mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, samararpmorais@gmail.com

⁴ Biólogo, doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mariohenriquetorres@hotmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

Características morfofisiológicas e produtividade de arroz irrigado afetadas por épocas e sítios

Marcos Paulo dos Santos¹, João Rodrigo de Castro², Silvio Steinmetz³, Alencar Junior Zanon⁴, Alexandre Bryan Heinemann⁵

Fatores como temperatura, radiação solar, precipitação e nutrientes influenciam diretamente o crescimento e o desenvolvimento da cultura de forma distinta durante o seu ciclo. Entre os fatores abióticos, temperatura e radiação solar exercem grande influência sobre a produção e o acúmulo de assimilados. Isso deve-se, principalmente, à sua amplitude ao longo do ano nos locais de cultivo no Brasil. Objetivou-se neste estudo determinar os impactos ambientais de épocas e locais de cultivos nas características morfofisiológicas e na produtividade de grãos de genótipos contrastantes de arroz irrigado. Os experimentos foram realizados em dois ambientes, tropical, em Goianira, GO, e subtropical, Pelotas, RS e Cachoeirinha, RS. As cultivares avaliadas foram BRS Catiana, BRS Jaçanã, BRS Pampa, BRS 7 Taim e Irga 424. Os ensaios foram implantados em delineamento de blocos completos casualizados (DBC), com quatro repetições, tendo como fatores os genótipos, épocas e locais de semeadura. Em ambas as localidades coletou-se dados de temperatura de estações agrometeorológicas para determinação das unidades de calor efetivo diário (HU , $^{\circ}C.d^{11}$), que foi determinado em função das temperaturas cardinais (temperatura base ($T_b = 10^{\circ}C$); temperatura ótima ($T_o = 29^{\circ}C$); temperatura máxima ($T_H = 37^{\circ}C$), acima da qual não ocorre o desenvolvimento fenológico) e das temperaturas máximas e mínimas diárias observadas (T_{Me} T_m). As temperaturas cardinais foram determinadas por meio de uma função de minimização do erro do quadrado médio entre o número de dias observado (experimentos de campo) e o número de dias simulados, utilizando as taxas de desenvolvimento fenológico (DVR) para os períodos vegetativo, reprodutivo e enchimento de grãos. Dados de radiação solar global também foram coletados. A partir dos valores diários das unidades de calor efetivo "HU" determinou-se o total de graus-dia acumulados (GDA) em cada fase de desenvolvimento, época de semeadura e local de cultivo. Para isso quantificou-se as datas de emergência, iniciação da panícula, floração e maturidade de colheita. Avaliou-se o acúmulo de biomassa, partição de assimilados, eficiência no uso da radiação (EUR) e a produtividade relativa de grãos. A EUR foi calculada por meio do coeficiente angular da regressão linear entre a biomassa seca total acumulada e a radiação fotossinteticamente ativa acumulada (RFA), em $MJ m^{-2}$, assumindo-se que a RFA corresponde a 50% da radiação solar global diária incidente média. Com o intuito de identificar a resposta da produtividade de grãos de arroz frente ao acúmulo de graus-dia e de radiação global em cada fase de desenvolvimento da planta, as diferenças nas produtividades das cultivares foram minimizadas pela utilização da média padronizada, denominadas de "produtividade relativa de grãos". A EUR decresceu na semeadura em novembro, em Goianira, GO, enquanto que, em Cachoeirinha, RS, não houve variação na EUR no período outubro-dezembro. A partição de assimilados não diferiu entre cultivares. Para o ambiente subtropical foram obtidas altas produtividades para as semeaduras de outubro a dezembro. Já no ambiente tropical ocorreu queda de produtividade na semeadura em novembro. Essa redução está correlacionada aos menores acúmulos de temperatura mínima na fase reprodutiva. Observou-se que maiores acúmulos de graus-dia e de radiação solar na fase reprodutiva e de enchimento de grãos contribuíram para o alcance de altas produtividades de grãos em ambos os ambientes, tropical e subtropical. Assim, é importante que o zoneamento agroclimático indique períodos de semeadura que otimizem o acúmulo de graus-dia e radiação solar nessas fases.

¹ Engenheiro-agrônomo, mestre em Agronomia, doutorando da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcospaulo_agronomo@hotmail.com

² Mestre em Meteorologia, doutorando em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joaorodrigo2005@gmail.com

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências da Água e Manejo, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, silvio.steinmetz@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia, professor adjunto da Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, alencarzanon@hotmail.com

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Irrigação e Drenagem, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alexandre.heinemann@embrapa.br

Análise comparativa para a produtividade em arroz por populações segregantes de Epagri 108 x Irat 122 avançadas por Bulk e SSD

Mariana Rodrigues Feitosa Ramos¹, João Antônio Mendonça², Francisco Pereira de Moura Neto³, Claudio Brondani⁴

O arroz possui extensa variabilidade genética armazenada em bancos de germoplasma do mundo todo. O esforço e o custo operacional em manter esse germoplasma disponível é justificado com a realização de estudos que identifiquem nesse germoplasma genes úteis aos programas de melhoramento da cultura. Uma das alternativas para analisar essa variabilidade de modo eficiente é o estabelecimento de Coleções Nucleares, que devem conter genótipos representativos da maior parte da variabilidade genética da coleção completa, com um número mínimo. A Coleção Nuclear de Arroz da Embrapa (CNAE), composta de 550 acessos, foi concebida para conhecer a extensão da variabilidade genética e fenotípica presente no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) e para inferir o uso potencial dos acessos mais produtivos como fonte geradora de linhagens elite para o programa de melhoramento de arroz da Embrapa. Os acessos mais produtivos dentro dos estratos, divididos em variedades tradicionais, linhagens e cultivares, foram cruzados entre si, gerando mais de 190 combinações dialélicas, a fim de determinar a capacidade combinatória desses acessos. Dentre esses cruzamentos, o Epagri 108 (indica) x Irat 122 (japônica) apresentou alta capacidade específica de combinação tanto na geração F₂ quanto na geração F₇, avançado pelo método SSD (descendente de semente única), que é oneroso pela necessidade de manter isoladamente as famílias a campo e durante o processamento das sementes. O avanço de geração pelo método de Bulk é mais fácil de conduzir, pois permite colher as sementes de várias plantas de um cruzamento (Bulk), e avançar uma amostra dessas sementes. O objetivo desse trabalho, portanto, foi comparar a produtividade das linhagens avançadas por SSD (F₈) com a produtividade das linhagens avançadas por Bulk (F_{7:8}). Adicionalmente, todas as linhagens estão sendo analisadas por marcadores SNPs, obtidos pela técnica de DArTseq, o que possibilitará inferir a distância genética entre elas e comparar o percentual da variação fenotípica explicada pelos QTLs para produtividade identificados nos dois conjuntos de linhagens (derivadas dos métodos Bulk e SSD). No momento (maio de 2017) as 158 linhagens de cada cruzamento estão sendo avaliadas em experimento na Fazenda Palmital, no delineamento látice triplo 18x18, com duas repetições. Esse mesmo ensaio será repetido na safra 2017/2018, com a finalidade de se estimar os efeitos genótipo x ano e QTL x ano para a produtividade. Esperamos resultados promissores que possam contribuir com o programa de melhoramento da Embrapa.

¹ Estudante de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marianaramosagro@hotmail.com

² Técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, francisco.moura@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

Ajuste de escalas de classificação de arroz cozido para avaliação de pegajosidade e dureza

Marília Araújo Silva¹, Tamillys Cientelly de Lellis Albernaz Luz², George Von Borries³, Rosângela Nunes Carvalho⁴, Priscila Zaczuk Bassinello⁵

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais cultivados e consumidos em todo o mundo e é importante fonte de nutrientes. Na dieta dos brasileiros, o arroz na forma de grão branco cozido é um dos alimentos mais presentes, e a aceitação do produto está associada a grãos longo-finos e translúcidos, de boa qualidade culinária, determinada pelo bom rendimento de panela, rápido cozimento e presença de grãos secos e soltos após o cozimento, permanecendo macios mesmo após o resfriamento. O teste de cocção em arroz é um dos parâmetros de qualidade muito utilizados por programas de melhoramento genético e indústrias de beneficiamento como forma de avaliar o comportamento culinário das cultivares lançadas e/ou novas linhagens em estudo. Normalmente, simula-se na metodologia o cozimento caseiro e realiza-se o teste sensorial. A análise sensorial permite a quantificação dos atributos de maior importância na qualidade culinária do arroz, por meio da utilização de uma equipe de provadores selecionados e treinados para este fim, elegendo aquelas linhagens mais promissoras. O objetivo deste trabalho foi ajustar e redefinir as notas e padrões da escala sensorial de classificação da textura do arroz cozido. As amostras foram obtidas em comércio local e selecionadas com base no comportamento de panela já conhecido, e foram codificadas de forma aleatória em 362, 856 e 125. Para determinação dos padrões foi realizado o pré-teste de cocção em panela de alumínio e em panela elétrica. O produto da cocção foi avaliado principalmente quanto à influência da temperatura, cocção uniforme dos grãos e influência do sal e do óleo, e o teste em panela elétrica apresentou condições mais satisfatórias. Para o preparo das amostras do pré-teste os grãos foram cozidos em panela elétrica de dois litros, na proporção de 1:2 (arroz/água), seguindo o procedimento operacional padronizado. Após três semanas, para a determinação dos padrões a escala de sete pontos foi ajustada para cinco pontos visando a avaliação de pegajosidade e dureza. Para o atributo pegajosidade foram definidos: 1- muito solto; 2- solto; 3- ligeiramente solto/pegajoso; 4- pegajoso; e 5- muito pegajoso. Para o atributo dureza foram definidas as seguintes notas: 1 Muito macio; 2 Macio; 3 Ligeiramente macio/firme; 4 Firme; e 5 Muito firme. Para determinação dos padrões do atributo pegajosidade, conforme a nova escala de classificação, foram definidas três referências com diferentes concentrações de amido utilizando a amostra 125 representando as notas 2 (solto), 3 (ligeiramente solto/pegajoso) e 4 (pegajoso). Para padronizar as notas 1 (muito solto) e 5 (muito pegajoso), foram utilizadas as amostras 362 e 856, respectivamente. Para determinar os padrões do atributo dureza, foram definidas quatro referências, conforme a concentração de água, utilizando o arroz 125. Para a nota 5 (muito firme) foi utilizado o arroz 362 como referência. O teste de cocção em panela elétrica, além de ser um sistema fechado, é possível ter um controle maior de água e temperatura e sua cocção acontece de maneira uniforme. Outra vantagem em utilizar a panela elétrica foi a não utilização de óleo e sal, o que permite justificar o seu uso também em caráter industrial, visando maior controle do processo com menos interferência externa para cocção das amostras, pois influenciam de forma direta na qualidade e comercialização do produto. O ajuste e determinação de novas notas e padrões é muito importante para alinhar as demandas das indústrias e facilitar sua aplicação em rotinas analíticas intensas, visto que as novas notas buscam diminuir a chance de erros dentro do teste de cocção, principalmente por se tratar de uma análise subjetiva, que depende de um painel sensorial bem treinado.

¹ Nutricionista, mestranda em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antonio de Goiás, GO, marília.nutrichief@gmail.com

² Engenheira de alimentos, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tamillys.luz@embrapa.br

³ Doutor em Estatística, Universidade de Brasília, Brasília, DF, gborries@unb.br

⁴ Engenheira de Alimentos, mestre em Ciência Animal, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosangela.carvalho@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Ciência de Alimentos, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscila.bassinello@embrapa.br

Avaliação do efeito e diferentes doses e formas de aplicação do inoculante no feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Matheus Messias de Oliveira¹, Elen Pereira de Paiva², Patryc Jhonathas Neves da Silva³, Rodrigo Martins da Silva⁴, Marcos Antônio Rodrigues de Oliveira⁵, Wilson Luiz de Oliveira Primo⁶, Enderson Petrônio de Brito Ferreira⁷

A busca por novas tecnologias sustentáveis para a produção do feijão-comum é grande, pois é cada vez maior a necessidade de aumentar a produção com redução dos riscos ambientais. A área cultivada com feijão-comum no Brasil é de cerca de três milhões de hectares em três diferentes safras. Estima-se que o uso de fertilizante nitrogenado na cultura seja em torno de 25 kg ha⁻¹ de N. Considerando a área total cultivada e que a ureia possui 45% de N, estima-se que o uso anual de ureia no Brasil é em torno de 167 mil toneladas. Além do risco ambiental associado, esse uso de fertilizante nitrogenado representa um custo de cerca de R\$230 milhões. Uma alternativa para a redução dos riscos ambientais e dos custos de produção está no emprego de bactérias fixadoras de N como inoculante do feijão-comum. Contudo, algumas questões relacionadas ao correto uso do inoculante necessitam ser elucidadas. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes doses e formas de aplicação do inoculante na nodulação, no crescimento e na produção de grãos de feijão-comum. O estudo foi conduzido na Fazenda Capivara, da Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio de Goiás, GO. Conforme Köppen, a área apresenta o clima Aw, tropical de savana, megatérmico. A área possui o solo classificado como Latossolo vermelho-escuro, textura argilosa fase cerradão subperenifólio. O experimento de campo foi conduzido em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições, tendo 14 diferentes tratamentos, sendo: 1- Turfa contendo 10⁸ células g⁻¹, 2- Turfa contendo 10¹⁰ células g⁻¹, 3- Turfa contendo 10¹² células g⁻¹, 4- Turfa contendo 10¹⁴ células g⁻¹, 5- Pulverização do sulco com 10⁸ células g⁻¹, 6- Pulverização do sulco com 10¹⁰ células g⁻¹, 7- Pulverização do sulco com 10¹² células g⁻¹, 8- Pulverização do sulco com 10¹⁴ células g⁻¹, 9- Pulverização da semente com 10⁸ células g⁻¹, 10- Pulverização da semente com 10¹⁰ células g⁻¹, 11- Pulverização da semente com 10¹² células g⁻¹, 12- Pulverização da semente com 10¹⁴ células g⁻¹, 13- Testemunha (sem nenhum inoculante e sem N), e 14- TN (80 kg ha⁻¹ de N). Foram avaliados o número de nódulos (NN - n^o de planta⁻¹), a massa de nódulos secos (MNS - mg planta⁻¹), a massa de raiz seca (MRS - mg planta⁻¹), a massa da parte aérea seca (MPAS - g planta⁻¹), o número de vagens (NV - n^o planta⁻¹), o número de grãos (NG - n^o planta⁻¹) e a produção de grãos (PG - kg ha⁻¹). Foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos para os parâmetros avaliados, exceto para o NV. Entre os tratamentos avaliados a Turfa contendo 10¹² células g⁻¹ foi o único tratamento que apresentou valores elevados para todos os parâmetros avaliados, com PG de 3.257,72 kg ha⁻¹. Contudo, a pulverização da semente com 10¹⁴ células g⁻¹ apresentou PG de 3.481,10 kg ha⁻¹.

¹ Engenheiro ambiental, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, messyas023@gmail.com

² Graduanda em Engenharia Agrônômica, Universidade Federal de Goiás, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, eelen.r@hotmail.com

³ Graduando em Engenharia Agrônômica na UniEvangélica, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ticaodabahia@hotmail.com

⁴ Graduando em Engenharia Agrônômica na Faculdade Araguaia, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rodmarts@hotmail.com

⁵ Cientista social, assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcos.oliveir@embrapa.br

⁶ Assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, wilson.primo@embrapa.br

⁷ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, enderson.ferreira@embrapa.br

Determinação da relação ótima entre carbono e nitrogênio para o cultivo da linhagem *Pseudomonas fluorescens* (BRM 32111)

Maythsulene Inácio de Sousa Oliveira¹, Marina Teixeira Arriê², Marcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes³, Marta Cristina Corsi de Filippi⁴, Valácia Lemes Silva-Lobo⁵, Edmilson Cardoso da Conceição⁶

A rizobactéria *Pseudomonas fluorescens* (BRM 32111) tem o potencial de promover o crescimento e suprimir a brusone em plantas de arroz. No desenvolvimento de um produto microbiano, a fermentação é a principal etapa, sendo assim, alguns fatores desta etapa devem ser controlados, como aeração, temperatura, pH e nutrientes, pois interferem diretamente no processo fermentativo e, conseqüentemente, na obtenção da biomassa. Objetivou-se determinar os parâmetros fisiológicos relacionados: 1- crescimento de *P. fluorescens* (BRM 32111), através da análise da curva de crescimento bacteriano; e 2- a relação quantitativa entre carbono (C) e nitrogênio (N), necessários para o máximo rendimento do processo fermentativo. O ensaio 1 foi realizado em triplicata e em delineamento inteiramente casualizado. Constituiu-se de Erlenmeyers de 500 mL, contendo 200 mL de meio mínimo (M9) modificado (glicose contendo relação carbono e nitrogênio 3:1) inoculados com 1 mL de suspensão bacteriana, mantidos a 28 °C, sob agitação constante a 150 rpm. Para obter a curva de crescimento microbiano, leituras foram realizadas em espectrofotômetro, no comprimento de onda de 620 nm, a cada uma hora, durante 72 horas, e os dados das medidas da leitura óptica foram adequados à equação $k = Ln(A/A_0).t^{-1}$, em que: "A₀" é a absorvância no tempo zero e "A" é a absorvância no tempo "t". O ensaio 2 investigou a relação carbono nitrogênio (C:N) utilizando um desenho experimental fatorial 2² completo (RCCD), com oito réplicas no ponto central, totalizando dezesseis ensaios. Glicose e cloreto de amônia foram utilizados como fontes de carbono e nitrogênio, respectivamente, em cinco proporções: 3,1:1; 3,5:1; 4,5:1; 5,5:1 e 5,9:1 e o pH ajustado para 6,6; 7,0; 8,0; 9,0 e 9,4. Para condução do ensaio, Erlenmeyers de 250 mL com 100 mL de meio mínimo, contendo a relação C:N 4,5:1, pH 8,0, foi inoculado com três alçadas de colônia bacteriana e mantido sob agitação constante a 150 rpm por 24 horas a 30 °C. Posteriormente, transferiu-se 1 mL da suspensão para cada um dos 16 Erlenmeyers, com os respectivos tratamentos. As avaliações foram realizadas a cada 24 horas, durante 72 horas, em espectrofotômetro, no comprimento de onda 620 nm. Os testes foram realizados aleatoriamente e os dados foram analisados estatisticamente usando o software Action®, com 95% de nível de confiança. A curva de crescimento foi considerada para a obtenção da densidade óptica celular e determinação do estado fisiológico das células, sendo a taxa de crescimento de 0,302 h⁻¹. A partir da curva de crescimento obtida, observou-se que as células entram em fase exponencial após aproximadamente cinco horas, enquanto para atingir a fase estacionária foram necessárias em torno de dez horas. A análise dos fatores (C:N e pH) para a resposta do crescimento bacteriano foi realizada e observada através das curvas de superfície de resposta. As análises demonstraram que a proporção C:N ótima para o crescimento da linhagem BRM 32111 encontra-se entre 4,0:1 a 4,5:1 e o pH próximo a 8,0. Além disso, o planejamento fatorial indicou que a interação entre C:N e pH influenciou diretamente no crescimento da linhagem estudada. De modo geral, as células bacterianas necessitam de uma relação C:N 3:1, no entanto, esta proporção varia de acordo com a espécie estudada. Diante da busca pela otimização do processo e o desenvolvimento de um bioproduto comercial, encontramos a relação de C:N e pH ótimas.

¹ Doutoranda em Inovação Farmacêutica, Universidade Federal de Goiás, bolsista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, maythsulene@gmail.com

² Mestranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marina.arriel@hotmail.com

³ Farmacêutico, mestre em Bioquímica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcio.cortes@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, valacia.lobo@embrapa.br

⁶ Doutor em Ciências Farmacêuticas, professor da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, edcardosoufg@gmail.com

Identificação molecular das espécies de mosca-branca *Bemisia tabaci* Gennadius (1889) de diferentes regiões agrícolas do Brasil

Muriel Rizental¹, Priscilla Monteiro dos Santos², Aluana Gonçalves de Abreu³, Eliane Dias Quintela⁴

Bemisia tabaci (Gennadius, 1889) (Insecta: Hemiptera: Aleyrodidae), popularmente conhecida como mosca-branca, distinguiu-se entre mais de 1.000 espécies de moscas-brancas do mundo pela sua adaptabilidade, taxa de desenvolvimento, reprodução, interação com endossimbiontes, resistência a inseticidas e potencial de dano, principalmente devido à transmissão de vírus às plantas cultivadas, ornamentais e frutíferas. Trinta e três biótipos foram identificados em diferentes partes do mundo e, posteriormente, foi sugerido que *B. tabaci* é um complexo de pelo menos 24 espécies crípticas, ou seja, morfologicamente idênticas, porém geneticamente diferentes e, por isso, isoladas reprodutivamente entre si, que estão em constante evolução. No Brasil, pelo menos três espécies de *B. tabaci* estão presentes: Middle East-Ásia Minor 1 - MEAM1 (biótipo B), New World e New World 2 (biótipo A) e a Mediterranean - MED (biótipo Q). A propagação é favorecida pelo sistema de produção agrícola do Brasil, estabelecendo-se em algodão, feijão, tomate, soja e diversas outras culturas. O objetivo deste trabalho foi identificar as espécies do complexo *B. tabaci* que ocorrem em diferentes regiões brasileiras, para diagnosticar a ocorrência de novas espécies bem como verificar o deslocamento de outras espécies dentro do complexo *Bemisia* em áreas agrícolas, utilizando um fragmento do DNA mitocondrial. Foram realizadas coletas de adultos de mosca-branca no Paraná, Santa Catarina, Rio Grande do Sul, Goiás, São Paulo, Minas Gerais, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Bahia, Ceará, Maranhão, Piauí, Pará, Roraima, Tocantins e no Distrito Federal. Para cada amostra foram retiradas quatro fêmeas adultas previamente armazenadas em álcool 92,8 GL a -20 °C. Para a extração do DNA, cada fêmea foi macerada individualmente em um microtubo de 1,5 ml com tampão de extração de 60 ml (10 mM Tris-HCl, pH 8, 1 mM EDTA, 0,3% Triton X-100, 60 µg/mL proteinase K). O homogeneizado foi incubado durante 15 minutos a 65 °C e, em seguida, a 95 °C, durante dez minutos. As amostras foram armazenadas a -20 °C. Posteriormente foi realizada a amplificação de um fragmento da Citocromo oxidase do DNA mitocondrial em um volume total de 10 µL contendo: 1 µL DNA de *B. tabaci*; 5,0 µL de Master Mix, 0,6 µL de cada primer. A PCR consistia em: desnaturação inicial de 95 °C por 15 minutos; anelamento por 40 ciclos de 30 segundos a 94 °C; 90 segundos a 48 °C; e 90 segundos a 72 °C, e extensão a 72 °C por 5 minutos. Oito µl de cada produto de amplificação foi cortado com a enzima de restrição *Taq I* e tampão fornecido pelo fabricante a 65 °C durante duas horas. O produto da digestão foi submetido à eletroforese em gel de agarose a 1,5% e corado com brometo de etídio, usando o LowRanger 100bp como marcador. Os três biótipos já descritos no Brasil foram encontrados nos locais amostrados de forma aleatória. A maior parte das amostras analisadas era composta pelo biótipo B. Os resultados obtidos auxiliarão na tomada de decisão do manejo integrado de moscas-brancas nas diversas regiões agrícolas do Brasil.

¹ Doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, muriel.rizental@gmail.com

² Graduanda em Biologia, Uni-Anhanguera, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscillamonteiro38@gmail.com

³ Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, eliane.quintela@embrapa.br

Desenvolvimento de kits moleculares para a identificação do transgene que confere resistência ao *Bean golden mosaic virus* (BGMV) em genótipos de feijão

Nara Cristina Teixeira¹, Livia Teixeira Duarte², Márcio Vinícius de Carvalho Barros Cortes³, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁴, Josias Correa de Faria⁵, Adriane Wendland⁶

O mosaico dourado, causado por *Bean golden mosaic virus* (BGMV) é considerado a principal virose do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) por provocar redução de 40% a 100% na produtividade dos grãos. O percentual de perdas varia em função da época de infestação e da variedade plantada, no entanto, foi criada pela Embrapa a primeira cultivar transgênica com efetiva resistência ao BGMV, a BRS FC401 RMD. Para assegurar das características transgênicas da cultivar mediante surgimento de doenças com sintomas similares ao BGMV, ou mesmo em relação a eventuais contaminações entre lotes de sementes convencionais e transgênicas, torna-se necessário a aplicação de um método de detecção molecular rápido e que possa ser facilmente executado. A PCR (Reação Polimerase em Cadeia) é uma importante ferramenta para detecção molecular, porém, devido ao alto custo gerado com aparelhos e mão-de-obra, esta se torna inviável. Recentemente foi desenvolvida uma metodologia de amplificação molecular isotérmica tecnicamente mais simples, rápida e econômica, a LAMP (Loop-Mediated Isothermal Amplification), que permite identificar o alvo de forma segura, em decorrência do uso de iniciadores específicos, baseados em regiões exclusivas do genoma. A técnica apresenta vantagens como, alta sensibilidade devido ao reconhecimento de seis regiões do alvo, especificidade, agilidade, economia e segurança no diagnóstico. Portanto, objetiva-se com este trabalho aplicar uma técnica de amplificação molecular isotérmica para diferenciação de plantas transformadas e não transformadas, que seja prática, de baixo custo e que facilite a interpretação direta dos produtos por meio da diferenciação por corantes, dispensando o uso de aparelhos. Para adequação à técnica de amplificação foram realizadas adaptações do método de extração de DNA rápido, nos quais foram conduzidos ensaios com folhas e sementes de feijão trituradas manualmente, excluindo o uso de centrífugas. Para fins comparativos, o DNA alvo também foi extraído pelo método modificado de Dellaporta, e ambos foram quantificados em aparelho Nanodrop. Foi estabelecido, de acordo com a especificidade, um conjunto de *primers* ideal para a identificação da região transformada, sendo otimizada a concentração de uso, a temperatura de anelamento e o tempo mínimo de amplificação. A amplificação foi conduzida sob temperatura constante, em aparelho termobloco. Para facilitar a interpretação dos produtos de amplificação a olho nu foram testados diversos corantes indicadores e intercalantes, e foi selecionado para a condução dos testes, em conjunto com a metodologia, o que apresentou maior discrepância entre amostras. É considerável a redução do tempo de execução e dos custos, em comparação com a PCR, devido ao uso de temperaturas constantes, e a interpretação direta dos resultados por meio da mudança de coloração em amostras positivas, dispensando o uso de termocicladores, de cubas de eletroforese e de foto documentadores. A interpretação dos resultados a olho nu facilita o controle de plantas e sementes em ambientes como laboratórios, armazéns e cooperativas com mínima infraestrutura, influenciando positivamente sobre o direcionamento adequado de lotes, seja para o plantio, consumo ou descarte. Este Kit está sendo testado e será validado pela Embrapa Arroz e Feijão para reconhecimento e diferenciação das linhagens transgênicas resistentes ao BGMV.

¹ Estudante de doutorado no Programa de Pós Graduação em Biotecnologia e Biodiversidade da Rede Pró-Centro-Oeste - Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, naracristina015@hotmail.com

² Mestre em Ciências Farmacêuticas, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, livia.duarte@embrapa.br

³ Farmacêutico, mestre em Bioquímica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcio.cortes@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia/Biotecnologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, josias.faria@embrapa.br

⁶ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriane.wendland@embrapa.br

Uso de aplicativo para smartphones na análise de solo: classificação e análise granulométrica do solo

Pedro Augusto de Oliveira Morais¹, Diego Mendes de Souza², Beata Emöke Madari³, Márcia Thais de Melo Carvalho⁴

A textura do solo representa as proporções das partículas minerais menores que 2 mm, areia, argila e silte, que se diferenciam por seus diâmetros. Tal parâmetro é de grande interesse na agricultura, pois fornece informações valiosas para o cultivo e para o manejo do solo, assim como para a irrigação e para a adubação. Dessa forma, a análise textural é bastante requisitada aos laboratórios de análise de solos, entretanto as metodologias mais utilizadas apresentam algumas desvantagens, como a baixa operacionalidade, o alto custo de implementação e o uso de reagentes químicos oxidantes. Portanto, métodos de quantificação da textura do solo mais eficientes devem ser desenvolvidos. Nesse sentido, este trabalho testa uma nova metodologia de análise e classificação textural do solo, mais rápida, não destrutiva e de baixo impacto ambiental, pois as análises são realizadas sem nenhum tipo de tratamento químico, por meio do aplicativo *Photometrix*, ferramenta de análise colorimétrica a partir de imagens digitais, disponível para smartphones. O teste foi conduzido com 15 amostras de solo de granulometria diversificada, analisadas pelo método da pipeta. Em seguida, uma curva de calibração para a areia e outra para a argila, utilizando dez amostras do conjunto total, foi construída utilizando o aplicativo. Os coeficientes de determinação (r^2) obtidos foram 0,9523 para areia e 0,8837 para argila. A partir da curva de calibração, estimaram-se os teores de argila e areia das cinco amostras restantes. Os resultados em paralelo obtidos pelo método da pipeta (referência) e pelo aplicativo *Photometrix* para os teores de argila foram 66,848% e 64,097%; 57,327% e 56,101%; 69,473% e 68,750%; 68,729% e 70,124%; 70,240% e 70,092%. Já os teores de areia obtidos pelo método da pipeta e pelo aplicativo foram 32,009% e 33,823%; 39,624% e 40,380%; 29,518% e 30,007%; 28,899% e 28,881%; 27,514% e 28,907%. Por intermédio do teste $F_{(P=0,05, 2, 2)}$ e teste $t_{(\alpha=0,05, v, 2)}$ não se observou diferença estatística significativa entre as variâncias e os teores médios de areia e argila obtidos pelos dois métodos. Após a estimativa da granulometria, as cinco amostras foram classificadas quanto à textura, utilizando o diagrama de fases triangular de Atterberg, aceito pela Sociedade Brasileira de Ciência do solo. Houve 100% de acerto para a classificação textural obtida pelos resultados do aplicativo, quando comparado à classificação dada pelos resultados do método da pipeta. Isso indica que a análise textural do solo através do aplicativo de smartphone *Photometrix* possui a mesma precisão que a metodologia usual, o método da pipeta. O aplicativo *Photometrix* é uma alternativa promissora, pois é simples, de baixo custo e não gera resíduos.

¹ Estudante de pós-graduação em Química da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, pedro_augusto_04@hotmail.com

² Mestre em Química, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, diego.souza@embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Ciência do Solo, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, beata.madari@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Ciência do Solo, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcia.carvalho@embrapa.br

Fluxos de N₂O na cultura do arroz irrigado em razão de novas fontes de fertilizante nitrogenado aplicadas em cobertura

Priscilla Mendonça de Lacerda¹, Beáta Emöke Madari², Alberto Baêta dos Santos³, Luís Fernando Stone⁴, Mellissa Ananias Soler da Silva⁵

A rizicultura hoje possui uma dupla meta, garantir a segurança alimentar e a proteção ambiental, e um dos manejos utilizados para obter alta produtividade é a adubação nitrogenada, sendo esta realizada no Brasil, majoritariamente na forma de ureia, em que o N é facilmente volatilizado. Além disso, devido principalmente aos processos de nitrificação e desnitrificação, há emissões de óxido nitroso (N₂O), um dos gases de efeito estufa que, apesar de sua baixa concentração, possui alto poder de aquecimento global (PAG), sendo 310 vezes maior que o gás carbônico (CO₂). Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar diferentes fontes nitrogenadas, a fim de se obter menores emissões de N₂O. Para tal, estabeleceu-se um delineamento em blocos ao acaso, com quatro tratamentos e quatro repetições, sendo quatro fontes de N (ureia pastilhada com sulfato de amônio, ureia pastilhada com enxofre elementar, ureia comercial - NitroGold e ureia comum - perolada) e a testemunha (sem aplicação de N em cobertura), totalizando assim 54 parcelas, em que 20 parcelas (7,5 x 5,5 m cada) foram avaliadas para as emissões. O experimento foi conduzido na Fazenda Palmital, da Embrapa Arroz e Feijão, em Goianira, GO, com coordenadas 16° 43' 33" S, 49° 38' 33" W e 785 m de altitude média, sob um Latossolo Amarelo Eutrófico plíntico, sendo a cultivar utilizada a BRS Catiana. O clima da região, de acordo a classificação climática de Wilhelm Köppen, é do tipo Aw, com temperatura média anual do ar de 23,0 °C, precipitação pluvial média anual de 1.485 mm e a média anual da umidade relativa do ar de 71%. A adubação de plantio foi realizada conforme a necessidade demonstrada na análise de solo e a adubação de cobertura foi feita em 02 de dezembro de 2016, para as quatro fontes de N, sendo 120 kg ha⁻¹ a dose total de N recomendada. Para a testemunha foi realizada apenas adubação na semeadura, com 15 kg ha⁻¹ de N-ureia. As coletas de gases foram realizadas no período de 11 de novembro de 2016 a 23 de março de 2017, pelo método da câmara estática fechada, no intervalo entre 8h e 10h da manhã, a cada sete dias, e nos tempos 0min, 15min e 30min após o fechamento da câmara, ressaltando que em datas de eventos como adubação, inundação e drenagem, a amostragem foi feita diariamente, durante uma semana. As concentrações de N₂O foram determinadas por um cromatógrafo gasoso e os cálculos de fluxos por meio da função Hutchinson & Mosier (HM). Os resultados dos fluxos de N₂O evidenciam um pico para todos os tratamentos, 23 de novembro, mesmo após iniciar a inundação, em 19 de novembro; após isso, as emissões foram reduzidas. Destaca-se que os tratamentos com aplicação de N via ureia pastilhada + enxofre elementar e a testemunha foram os que apresentaram menores picos de emissão, e os tratamentos com ureia comercial e ureia comercial + S (NitroGold) as maiores emissões. Na análise do N₂O acumulado, verificou-se que as concentrações acumuladas com ureia comercial + S apresentaram os maiores níveis, seguidas pela ureia comercial. Já as emissões acumuladas do tratamento com ureia + enxofre elementar foram equivalentes às da testemunha, outro resultado importante, pois, além de ser uma forma de adubação nitrogenada que apresenta menores emissões de N₂O, fornece enxofre à planta, um elemento também limitante ao desenvolvimento das culturas. Portanto, conclui-se que a ureia pastilhada associada a enxofre elementar demonstrou as menores emissões no período avaliado e a ureia comum + S, apresentou os maiores fluxos de N₂O.

¹ Tecnóloga em Gestão Ambiental, doutoranda em Agronomia na Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, priscillalacerda@live.com

² Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Ciência do Solo, pesquisadora Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, beata.madari@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitotecnia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, alberto.baeta@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Agronomia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, luis.stone@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, mellissa.soler@embrapa.br

Uso de microcosmo para avaliar o controle da podridão radicular seca do feijão-comum em ambiente representativo da doença

Renan da Silva Macedo¹, Alexandre Siqueira Coelho², Murillo Lobo-Junior³

Experimentos em condições controladas podem apresentar condições ambientais que não representam o melhor contexto do campo e, com isso, seus resultados podem não ser extrapolados para agroecossistemas. Este trabalho demonstra as vantagens de construir um ambiente mais representativo (microcosmo) para a avaliação de doenças radiculares, como a podridão radicular seca do feijão-comum. Com o objetivo de aumentar a semelhança do ambiente em condições controladas às condições naturais, avaliamos o controle químico e biológico da podridão radicular seca em diferentes ambientes (microcosmos). Foram realizados nove experimentos em delineamento inteiramente ao acaso com três repetições, em casa de vegetação, durante um ano. Uma estação climatológica foi instalada dentro da casa de vegetação para avaliação das condições ambientais - altamente correlacionada ($r > 0.9$, $P < 0.0001$) com a temperatura e umidade relativa externas. A cultivar Pérola foi semeada em vasos de 2 kg com 100 g de solo infestado com 5×10^4 propágulos por grama de solo do isolado CNPAF-FUS-0320 de *Fusarium solani*, de alta agressividade, sempre 30 dias antes de cada semeadura. Os tratamentos aplicados às sementes foram um bioproduto à base de *Trichoderma harzianum*, o fungicida químico carboxin + thiram e a combinação de ambos. Para comparação, sementes não tratadas foram semeadas em solo infestado e sem infestação. Todas as plantas foram removidas quando a planta sem tratamento em solo não infestado atingiu o estágio V3. Os ensaios foram conduzidos em quatro faixas de capacidade de água disponível do solo definidas em 50%-60%, 80%-90%, 110%-120% e 140%-150%, utilizando a equação de Van Genuchten. O controle de cada faixa foi realizado através da pesagem dos vasos em intervalos de 24 a 48 horas. A capacidade de água disponível e os tratamentos de sementes foram considerados fatores fixos em um esquema fatorial cruzado. Os ambientes foram considerados como fator aleatório. Foram utilizados modelos lineares mistos por máxima verossimilhança restrita e contrastes para verificar o incremento de massa seca da parte aérea, da raiz, da área foliar e da arquitetura da raiz nos tratamentos. O incremento significa a eficiência do controle com referência à planta doente. A arquitetura de raiz é um índice representado pelo primeiro eixo de uma análise de componentes principais resumindo a variação do número de pontas, de cruzamentos, de forquilha, do comprimento total e das raízes mais finas e dimensão fractal avaliados no WinRhizo®. Os BLUEs (melhores estimadores lineares não viesados) foram utilizados para elencar os tratamentos, e os melhores preditores lineares não viesados (BLUPs) para avaliar o efeito do ambiente. Os BLUPs também foram utilizados como variável de resposta em uma regressão múltipla, com médias de temperaturas máxima e mínima do solo e médias de umidade relativa máxima e mínima do ar. Como são preditores colineares, uma análise de comunalidade foi utilizada para avaliar a contribuição em comum e única dos preditores para explicação do modelo. Todas as variáveis de crescimento foram afetadas pela variação de temperatura do solo e umidade relativa do ar ($P < 0.0001$). Os efeitos em comum dos preditores apresentam maior contribuição, comparados aos efeitos isolados, responsáveis pela severidade da doença. A combinação umidade relativa mínima média e máxima média, apresentou maior poder de explicação sobre o peso seco da raiz ($R^2 = -0.55$), peso seco da parte aérea ($R^2 = 0.51$), área foliar ($R^2 = 0.54$) e arquitetura da raiz ($R^2 = 0.82$). O tratamento biológico de sementes combinado com o químico, promoveu o crescimento do feijoeiro, corroborando com resultados de campo da literatura. As condições ambientais que aumentam a eficiência do controle são também as mesmas que favorecem o desenvolvimento da doença. As plantas apresentaram baixo crescimento em condições secas e de baixa temperatura, independentemente do tratamento e da doença.

¹ Doutorando em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, renans.macedo@gmail.com

² Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Genética e Melhoramento de Plantas, professor do Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, alexandre_coelho@ufg.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.lobo@embrapa.br

Avaliação do uso de linhagens mutantes de *Trichoderma harzianum* Aquo e Δ Epl-1 no crescimento do feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Renata Silva Brandão¹, Marcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes², Murillo Lobo Junior³, Cirano José Ulhoa⁴

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma espécie cujos grãos compõem uma importante fonte proteica na alimentação humana. Seu desenvolvimento pode ser afetado por interações benéficas com microrganismos que protejam as plantas ou que promovam o seu crescimento, com ambas as possibilidades sob investigação para aumento de produtividade nesses cultivos. Um exemplo dessa interação ocorre entre o feijoeiro e as espécies do fungo *Trichoderma* spp., utilizado com sucesso no controle de fitopatógenos. Mais recentemente, investiga-se também o potencial de colonização do sistema radicular pelo bioagente e a promoção do crescimento de plantas. As possibilidades de exploração das relações planta \times microrganismo são muitas, e modificações genéticas podem ser realizadas para melhor compreender seu funcionamento, como o desenvolvimento de isolados de *Trichoderma* spp. mutantes que superexpressam aquaporinas. As aquaporinas são pequenas proteínas que pertencem à antiga família de proteínas intrínsecas principais, com membros em animais, microrganismos e plantas. A sua superexpressão é uma opção para se estimar alterações no controle biológico, pois foi sugerido que as aquaporinas auxiliam na sobrevivência do fungo ao fornecer proteção da membrana celular contra choques osmóticos. Outra possibilidade de investigação é o silenciamento de genes e a verificação do desempenho do bioagente e sua interação com as plantas. A proteína Δ Epl-1, por exemplo, está envolvida no processo de micoparasitismo contra fungos fitopatogênicos, na proteção da parede celular, no reconhecimento, no enrolamento nas hifas hospedeiras e na expressão de proteínas de defesa nas plantas de feijão. O objetivo deste estudo foi avaliar os aspectos fisiológicos relacionados ao crescimento de plantas de feijão-comum, inoculadas com as linhagens de *Trichoderma* mutantes Aquo e Δ Epl-1. O experimento foi desenvolvido no Laboratório de Enzimologia da Universidade Federal de Goiás e no Laboratório de Microbiologia da Embrapa Arroz e Feijão. As linhagens de *Trichoderma harzianum* utilizadas nos ensaios foram cultivadas em grãos de arroz parboilizado em Erlenmeyer (250 mL) umedecidos com água destilada a 60% e autoclavados (121 °C; 40min). Sementes da cultivar BRS Estilo foram tratadas com as linhagens mutantes Aquo que superexpressam a proteína aquaporina, e mutantes com o gene Δ Epl-1 deletado e o isolado silvestre ALL-42, um conhecido promotor de crescimento de plantas, utilizado como padrão comparativo para as análises juntamente com a testemunha não-tratada. Após a semeadura em vasos com solo adubado, as plantas foram conduzidas em casa de vegetação até o florescimento pleno e, posteriormente, encaminhadas para análise. Para determinação da área foliar foi utilizado o medidor Area Meter modelo LI3100, enquanto as análises morfológicas do sistema radicular foram feitas por meio do sistema WinRHIZO Pro 2007. A massa seca das amostras foi estimada após a secagem a 60 °C por 72 horas. Os resultados obtidos referentes à área foliar, comprimento radicular, volume da raiz e massa seca apresentaram aumento (ANOVA $p < 0,05$) nas plantas tratadas com *T. harzianum* mutante Aquo, em relação aos demais tratamentos, com ganhos de 31%, 25%, 33% e 27%, respectivamente, em comparação à testemunha. Além de demonstrar efeitos sobre o crescimento de plantas, esses mutantes serão investigados quanto à indução de resistência ao mofo-branco, doença causada por *Sclerotinia sclerotiorum*.

¹ Doutoranda em Biotecnologia e Biodiversidade, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, brandaobio@hotmail.com

² Farmacêutico, mestre em Bioquímica, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcio.cortes@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.lobo@embrapa.br

⁴ Biólogo, doutor em Genética e Bioquímica de Microorganismos, professor titular da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, ulhoa@ufg.br

Seleção de progênies de feijão RMD com resistência múltipla a viroses

Rodrigo de Souza Silva¹, Josias Correa de Faria², Marcelo Sfeir de Aguiar³, Helton Santos Pereira⁴, Leonardo Cunha Melo⁵, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁶

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é a leguminosa de grãos comestíveis mais importante na dieta humana, sendo um alimento rico em proteínas, carboidratos e minerais. O feijão é cultivado em praticamente todas as regiões do mundo, com grande relevância social e econômica, principalmente nos países da América Latina, África e Ásia. O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de grãos de feijão-comum, sendo o seu cultivo realizado em todo o país por pequenos, médios e grandes produtores. Apesar do progresso genético obtido nas últimas décadas, o feijão ainda apresenta rendimento de grãos abaixo do seu potencial produtivo. O grande número de doenças que acometem a cultura é, certamente, um dos fatores que comprometem a qualidade e o rendimento de grãos. Entre essas doenças destacam-se as viroses, em virtude dos altos danos causados, como o mosaico-dourado (*Bean golden mosaic virus* - BGMV), o mosaico-comum (*Bean common mosaic virus* - BCMV) e o mosqueado-suave-do-caupi (*Cowpea mild mottle virus* - CPMMV). Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar progênies de feijão RMD, portadoras do transgene que confere resistência ao mosaico-dourado, com grãos carioca no padrão comercial, plantas adaptadas à colheita mecânica direta e com resistência múltipla a viroses (BGMV, BCMV e CPMMV). Foram avaliadas 39 progênies de feijão RMD, sendo dez derivadas da população BRS Estilo × CNFCT 16206, nas gerações F_{4,6}RC₄ e F_{5,7}RC₃, e 29 derivadas da população BRS Sublime × F₁RC₃ (BRS Estilo × CNFCT 16206), nas gerações F_{3,6} e F_{4,6}. As progênies de RMD, além das cultivares testemunhas BRS Estilo, BRS FC402 e BRS FC401 RMD, foram avaliadas em campo na época de plantio das águas de 2016, na Embrapa Arroz e Feijão, em Santo Antônio do Goiás, GO. O ensaio foi instalado em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, sendo cada parcela composta de três linhas de 3,0 m, com dez sementes por metro, espaçadas em 0,45 m. As características avaliadas foram severidade do BGMV, nas testemunhas convencionais (BRS Estilo e BRS FC402), do CPMMV, nas progênies RMD e na testemunha BRS FC401 RMD, e do crestamento-bacteriano-comum (CBC), em todos os genótipos avaliados. Também foi avaliada a arquitetura e o acamamento de plantas. Foram realizadas análises de estatística descritiva, em que a normalidade dos dados foi verificada por meio do teste de Shapiro-Wilk ($p > 0,05$), análise de variância (ANOVA) e de comparação de médias pelo método de Scott-Knott ($p < 0,05$). A homogeneidade de variância foi testada por meio de gráfico boxplot ($p < 0,05$). Houve variabilidade genética entre as progênies para todas as características avaliadas. Todas as progênies foram resistentes ao BGMV e ao BCMV, além de apresentarem arquitetura média $\leq 5,0$ e tolerância ao acamamento $\leq 4,0$. Vinte e uma progênies apresentaram reação média ao CPMMV $\leq 3,0$, sendo sete destas com reação média ao CBC $\leq 4,5$. Há potencial de extração de linhagens elite de feijão RMD com grãos tipo carioca, adaptação à colheita mecânica direta e com resistência múltipla a viroses, a partir das progênies avaliadas, as quais irão originar a próxima cultivar de feijão RMD.

¹ Engenheiro-agrônomo, doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiário da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio do Goiás, GO, rodrigo-souza.silva@colaborador.embrapa.br

² Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Biotecnologia Vegetal, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio do Goiás, GO, josias.faria@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio do Goiás, GO, marcelo.sfeir@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio do Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio do Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio do Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

Emissão de N_2O oriundo do uso de diferentes fontes de N em sistema de produção de arroz de sequeiro

Rubia Santos Corrêa¹, Maria da Conceição Santana Carvalho², Márcia Thais de Melo Carvalho³, Beáta Emöke Madari⁴

Após a revolução industrial foram observados incrementos significativos nas concentrações de gases de efeito estufa (GEE), especialmente de dióxido de carbono (CO_2), na atmosfera terrestre. Os GEE têm a função de reter o calor que é gerado a partir da radiação solar que incide sobre a terra. Por isso, o aumento da concentração de GEE está relacionado ao aumento da temperatura média da terra, contribuindo para o fenômeno do aquecimento global. Entre os GEE, o óxido nitroso (N_2O) destaca-se por possuir um potencial de aquecimento global até 286 vezes maior do que o CO_2 , num período de 20 anos na atmosfera. Cerca de 95% da emissão de N_2O é proveniente da atividade de microrganismos no solo, sendo o uso da adubação nitrogenada na atividade agrícola uma importante fonte de emissão. A ureia é a fonte de N sintético mais utilizada por representar o menor custo por kg de N aplicado. Portanto, o objetivo deste estudo foi quantificar os fluxos de N_2O do solo cultivado com arroz de sequeiro fertilizado com ureia e ureias com proteção química ou física. Foram avaliados a emissão total e o fator de emissão de N_2O , a produtividade de grãos e a eficiência de uso do adubo nitrogenado. A pesquisa foi desenvolvida na Fazenda Capivara, da Embrapa Arroz e Feijão, localizada no município de Santo Antônio de Goiás, GO. O experimento foi conduzido em Latossolo vermelho no período de 2 de novembro de 2014 e 10 de novembro de 2015, compreendendo uma safra de arroz de sequeiro. A cultivar de arroz utilizada foi a Sertaneja. O delineamento do experimento foi em blocos completos ao acaso, com quatro repetições dos seguintes tratamentos: (1) controle (sem aplicação de N); (2) ureia comum (45% N); (3) ureia + polímero (43% N); (4) ureia + NBPT (45% N); (5) ureia + Cu e B (46% N); e (6) ureia + zeólita (36% N). A adubação nitrogenada (dose de 60 kg N ha^{-1}) foi dividida em duas aplicações de cobertura. Os fluxos de N_2O aos 0min, 15min e 30min após a incubação do solo, foram coletados utilizando câmaras estáticas manuais. A emissão total de N_2O foi calculada como a integração dos fluxos de N_2O ao longo de um ano. O fator de emissão de N_2O para adubação nitrogenada foi calculado como a relação entre a perda de N na forma de N_2O e a quantidade total de N aplicado. Para o cálculo do fator de emissão a perda de N é a diferença entre o total das emissões de N_2O no tratamento com e sem adubação nitrogenada (controle). A eficiência de uso da adubação nitrogenada foi avaliada por meio da emissão total de N_2O , expressa por unidade de grão produzido ($g N-N_2O kg de grão^{-1}$). A emissão total de N_2O ($kg ha^{-1}$) foi maior no tratamento com ureia + Cu e B (2,59) do que nos tratamentos controle (1,61), ureia + polímero (1,95), e ureia + NBPT (1,94). Consequentemente, o fator de emissão ($kg N_2O kg^{-1}$ de N aplicado) para o tratamento ureia + Cu e B foi maior (0,81) do que para os tratamentos ureia + polímero (0,28) e ureia + NBPT (0,27). A produtividade de grãos de arroz ($kg ha^{-1}$) no tratamento com ureia + Cu e B foi significativamente maior (6.422) do que no tratamento controle (5.517). Não foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos quanto à eficiência de uso do adubo nitrogenado. Entre as ureias com proteção química, a ureia + NBPT mostrou-se a melhor alternativa para a mitigação da emissão de N_2O . As fontes ureia + NBPT e ureia + polímero foram mais efetivas na redução da emissão de N_2O quando comparada com a ureia + Cu e B. Porém, nas condições deste estudo, não foi observada diferença significativa para a emissão de N_2O e a produtividade de grãos de arroz entre os tratamentos com ureia comum e ureias protegidas.

¹ Doutoranda em Agronomia do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rubiascorreagyn@gmail.com

² Engenheira-agrônoma, doutora em Solos e Nutrição de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, maria.carvalho@embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, marcia.carvalho@embrapa.br

⁴ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Ciência do Solo e Nutrição de Plantas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, beata.madari@embrapa.br

Teste de alelismo para resistência à antracnose entre as cultivares de feijão carioca BRS Horizonte e BRS Cometa

Samara Rayane Pereira de Moraes¹, Ronair Jose Pereira², Adriane Wendland³, Leonardo Cunha Melo⁴, Helton Santos Pereira⁵, Thiago Lívio Pessoa Oliveira de Souza⁶

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das espécies vegetais de maior importância agrônômica mundial, em virtude de sua ampla distribuição geográfica e de seu elevado valor nutricional. O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de grãos de feijão, sendo que a classe comercial carioca ocupa cerca de 70% do mercado nacional. Entretanto, a produtividade média da cultura no país ainda deixa a desejar. Essa situação, em grande parte, é explicada pelo grande número de pragas e doenças que acometem a cultura. Entre as doenças, destaca-se a antracnose, causada pelo fungo *Colletotrichum lindemuthianum*, que impacta negativamente a produtividade dessa leguminosa a ponto de ocasionar perdas de até 100% na produção. Para o manejo eficiente dessa doença, a utilização de cultivares resistentes representa uma ferramenta fundamental, em virtude de sua eficácia, facilidade e baixo custo de adoção. No entanto, a alta variabilidade genética de *C. lindemuthianum* é um desafio para os programas de melhoramento genético, cujos objetivos incluem o desenvolvimento de cultivares com resistência efetiva e durável. Deste modo, a combinação ou introgressão simultânea (piramidação) de distintos alelos de resistência torna-se uma estratégia de melhoramento recomendada. Diante disso, o presente estudo objetivou testar a relação alélica entre genes de resistência à antracnose presentes nas cultivares de feijão carioca BRS Horizonte e BRS Cometa, ambas resistentes em campo. Os genitores e a população F₂ derivada do cruzamento BRS Horizonte × BRS Cometa foram avaliadas quanto à reação à antracnose em ambiente controlado. As plantas foram inoculadas com o patótipo CI 672 (raça 89) de *C. lindemuthianum*, em solução de água destilada autoclavada com concentração ajustada para 1,2 × 10⁶ conídios/mL, acrescida de 0,03% de um espalhante adesivo (Tween 20). Os sintomas da doença foram avaliados aos sete dias após a inoculação, com base em uma escala de notas contendo nove graus de reação. A análise estatística foi realizada com o auxílio do Programa Genes, utilizando o teste de qui-quadrado (χ^2) para aferir a hipótese de segregação independente (15R :1rr). Os resultados indicaram que a razão de segregação para resistência à antracnose na população F₂ (BRS Horizonte × BRS Cometa) ajustou à proporção esperada, 15 plantas resistentes (R_) para uma planta suscetível (rr), com valor de χ^2 de 1,247 e probabilidade de 26,41%. Este resultado evidencia que a resistência ao patótipo CI 672 de *C. lindemuthianum*, nas cultivares BRS Horizonte e BRS Cometa, é monogênica, com relação intra-alélica de dominância completa, e conferida por genes independentes. Isso indica que faz sentido combinar os alelos de resistência à antracnose presentes nessas fontes para o desenvolvimento de novas cultivares.

¹ Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, samara.morais@colaborador.embrapa.br

² Pedagogo, assistente da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ronair.pereira@embrapa.br

³ Engenheira-agrônoma, doutora em Fitopatologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, adriane.wendland@embrapa.br

⁴ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, leonardo.melo@embrapa.br

⁵ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, helton.pereira@embrapa.br

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, thiago.souza@embrapa.br

Perfil de assimilação de fontes de carbono por *Trichoderma* spp.

Tariane Alves Machado Rosa¹, Elder Tadeu Barbosa², Murillo Lobo Junior³

As espécies do gênero *Trichoderma* são capazes de utilizar uma grande variedade de compostos como fonte de carbono e de nitrogênio. Essa elevada capacidade de degradar carboidratos estruturais e não estruturais permite seu rápido crescimento, necessário para sobrevivência nos solos e para a atuação como agente de controle biológico. Uma melhor compreensão da sua capacidade de metabolizar fontes de carbono pode, desse modo, trazer novas informações para o aperfeiçoamento como bioagente, incluindo a capacidade de se adaptar às diferentes fontes de matéria orgânica no solo. O objetivo deste trabalho foi verificar a diversidade metabólica de *Trichoderma* spp. obtidos de solos de diferentes Estados brasileiros. O perfil de assimilação de 48 isolados foi avaliado em microplacas Biolog FF, com 95 fontes de carbono mais uma testemunha. As suspensões de conídios de *Trichoderma* foram obtidas a partir de colônias cultivadas em BDA, de sete dias. Em seguida, com auxílio de pipeta multicanal, foram transferidos 100 μ l da suspensão ajustada em 1×10^5 conídios mL⁻¹ para cada poço da microplaca, sendo utilizadas duas repetições para cada isolado. As microplacas foram incubadas no escuro a 25 °C por 48 horas para avaliação da intensidade da reação colorimétrica, obtida com o uso das diferentes fontes de carbono. Esta avaliação foi feita de acordo com o crescimento micelial dos isolados e absorbância estimada em 590 nm em espectrofotômetro, com o auxílio do software Gen5, em 0h e 48h. Os valores de absorbância obtidos foram transformados com a subtração das leituras de cada poço e a absorbância obtida em 0h. Além disso, leituras com absorbância menor que zero ou maiores que dois foram tratadas como valores discrepantes, sendo eliminados. Foi realizado o agrupamento hierárquico do número de fontes assimiladas. Isolados de *Trichoderma* spp. como TR 701, TR 805, TR 429 e TR 657, metabolizam acima de 50 das 95 fontes de carbono avaliadas. O isolado TR 701 apresentou maior perfil de assimilação, metabolizando 66% das fontes avaliadas. O agrupamento hierárquico separou três grupos distintos em um dendrograma, de acordo com o maior, o menor e o nível intermediário do consumo de substratos.

¹ Engenheira-agrônoma, mestranda em Fitopatologia, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, tarianemachado@hotmail.com

² Farmacêutico, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, elder.barbosa@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, murillo.lobo@embrapa.br

Resposta fisiológica de plantas de arroz de terras altas induzidas por *Trichoderma asperellum* durante supressão de brusone foliar

Thatyane Pereira de Sousa¹, Amanda Abdallah Chaibub², Gisele Barata da Silva³, Anna Cristina Lanna⁴, Marta Cristina Corsi de Filippi⁵

A brusone (*Magnaporthe oryzae*), principal doença da cultura do arroz, é um dos principais fatores limitantes da produtividade no Brasil. O controle da brusone atualmente envolve o uso excessivo de agrotóxicos, demandando a inserção de práticas ambientalmente sustentáveis, capazes de garantir o controle da doença e a produtividade da cultura. Fungos do gênero *Trichoderma* spp. são considerados agentes de biocontrole e promotores de crescimento. A interação de *Trichoderma* spp. com o sistema radicular da planta é responsável pela ativação de rotas metabólicas que garantem a manutenção do seu metabolismo primário e secundário durante a resistência à doença. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a atividade fisiológica de plantas de arroz de terras altas, durante a indução de resistência com *Trichoderma asperellum* contra *M. oryzae*. Foram utilizados quatro isolados de *T. asperellum* (Ufra.T06, Ufra.T09, Ufra.T12 e Ufra.T52) pertencentes à coleção de microrganismos do Laboratório de Proteção de Plantas da Universidade Federal Rural da Amazônia (LPP/UFRA), aplicados via microbiolização de sementes. O isolado Py 10.900 de *M. oryzae* utilizado, pertence à coleção de fungos e microrganismos multifuncionais da Embrapa Arroz e Feijão. O Ensaio, conduzido em casa de vegetação, foi em delineamento inteiramente casualizado e constituiu-se de quatro tratamentos: T1) Controle (H₂O); T2) *T. asperellum*; T3) *M. oryzae*; T4) *T. asperellum* + *M. oryzae*, com quatro repetições. No estágio V3 as plantas da cv Primavera foram desafiadas com suspensão de conídios de *M. oryzae* (3×10^5 con. mL⁻¹). As determinações da taxa de assimilação líquida de CO₂ (*A*), condutância estomática (*gs*) e transpiração (*E*) foram realizadas com o auxílio de um analisador de gás por infravermelho (LCpro, ADC Bioscientific Ltd., UK), às 0h, 48h, 96h e 144h após a inoculação com agente patogênico. A avaliação da severidade de brusone foi realizada aos sete dias após a inoculação, utilizando-se escala de porcentagem de área foliar afetada pela doença (0%, 0,5%, 1%, 2%, 4%, 8%, 16%, 32%, 64%, 82%). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias dos tratamentos comparadas pelo teste de Tukey ($p \leq 0.05$), utilizando-se o software SPSS Statistics 21.0. O Tratamento com *T. asperellum* (T4) suprimiu a brusone foliar em 87,5%, diferindo significativamente do controle (T3). Quanto aos aspectos fisiológicos, o tratamento de plantas com *T. asperellum* (T2) apresentaram estatisticamente a maior taxa de *A*, em todos os horários de avaliação. Em plantas tratadas com *T. asperellum* e desafiadas com *M. oryzae* (T4), as taxas de *A* foram maiores em 14%, 26% e 31% às 48h, 96h e 144h, respectivamente, comparadas ao tratamento controle (T1). As plantas que foram apenas desafiadas com *M. oryzae* apresentaram taxas menores de *A*, em todos os horários de avaliação, além de um decréscimo de 57% às 144h. A *gs* mostrou taxas maiores em 55% da atividade, às 96h, em plantas tratadas com *T. asperellum* e desafiadas com *M. oryzae* (T4), e às 144h, plantas tratadas apenas com *T. asperellum* (T2) apresentaram maior *gs*, diferindo dos demais tratamentos. Para *E*, as plantas tratadas com *T. asperellum* (T2) apresentaram maior atividade às 96h, com aumento de 36,60%. Conclui-se que o tratamento com *T. asperellum* promove alterações fisiológicas satisfatórias em plantas de arroz, sendo que *A*, é o principal parâmetro, influenciado positivamente em plantas sadias e plantas doentes.

¹ Engenheira-agrônoma, mestre em Agronomia, estudante de doutorado em Fitossanidade, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, thatyane_@hotmail.com

² Bióloga, mestre em Agronomia, estudante de doutorado em Fitopatologia, Universidade de Brasília, Brasília, DF, amandachaibub@gmail.com

³ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia, professora da Universidade Federal Rural da Amazônia, Belém, PA, gisele.barata@ufra.edu.com.br

⁴ Química, doutora em Fisiologia Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

⁵ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Fitopatologia e Microbiologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, cristina.filippi@embrapa.br

