



XIII SIGM

International symposium on
genetics and breeding

ANAIS

XIII Simpósio Internacional de Genética e Melhoramento (SIGM)

2022

SUMÁRIO

1. BIOMETRIA, ESTATÍSTICA E GENÉTICA QUANTITATIVA	1
The estimation of combining abilities and heterosis in a sweetpotato 8x8 diallel from CIP-Uganda.....	2
Estudo de correlações genéticas entre caracteres morfológicos e agrônômicos de população de mapeamento de espécie silvestre de batata-doce diploide.....	4
Estimativas de parâmetros genéticos em população de batata inglesa para caracteres relacionados à brotação	6
Uma abordagem ensemble para splines de regressão adaptativa multivariada em estudos de predição genômica	7
Estimating genotype x environment interaction for grain yield in soybean	8
Seleção de linhagens $F_{4:7}$ de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade produtiva via metodologia de modelos mistos	9
2. FENÔMICA.....	11
Random forest and discriminant analysis by partial least squares on NIR data for phenotypic classification of sugarcane clones	12
3. INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL.....	13
Boosting as a marker selection strategy for genomic prediction with artificial neural networks.....	14
4. MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS.....	15
Seleção de haploides em milho superdoce com inibição da expressão do gene <i>R1-navajo</i>	16
Potencial de famílias de três ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca.....	17
Potencial de famílias de feijão vermelho para derivação de linhagens	19
Seleção de linhagens de milho tropical para condições contrastantes de nitrogênio com base em média harmônica	20
Estimativa de parâmetros genéticos em populações de milho tropical com background de germoplasma temperado.....	21
Alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos com base no desempenho de híbridos testcrosses: Testadores de base genética ampla.....	22
Mean performance and stability of UFV's maize single-crosses hybrids across tropical environments in Brazil	24
Estratégias de seleção e predição de ganho genético nas populações de milho temperado, BS17 e BS26.....	25
Predição de ganho genético e estratégias de seleção na população de milho BR106 em condições contrastantes de nitrogênio.....	26
Combining ability among elite inbred lines of tropical maize	27

Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho desenvolvidos pelo Programa Milho - UFV em condições de segunda safra no Brasil	28
SELECTION OF THREE-WAY CROSS HYBRIDS OF TROPICAL MAIZE USING HARMONIC MEAN ACROSS TROPICAL ENVIRONMENTS IN BRAZIL	29
Genetic potential of tropical maize population UFVM200(HS)C3.....	30
Seleção de híbridos experimentais de abóbora Tetsukabuto para qualidade biométrica de frutos	31
Diversidade e correlação entre caracteres em híbridos simples de milho da UFV em condições contrastantes de N	32
Morphological seed traits to grain yield selection in maize: an imaging technology approach	34
Seleção de híbridos e variedades de sorgo (<i>Sorghum bicolor</i>) destinados à produção de bioenergia	36
Análise de rede de correlações entre caracteres agrônômicos em um painel de linhagens de milho avaliado em condições contrastantes de nitrogênio	37
Spatial trend correction: Changes in the ranking of soybean cultivars	38
Análise via componentes principais para o estudo do potencial de cruzamentos e genitores de soja para produtividade e peso de grãos.....	39
Comparação de métodos de seleção de plantas em populações segregantes de soja ...	40
5. MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES	42
Avaliação da produtividade comercial de novos materiais obtidos de cruzamentos de batata doce.	43
Divergência genética entre pimenteiras (<i>Capsicum</i> spp.) utilizando análise multivariada	44
Rendimento de palmito de palmeira-real-australiana de plantas provenientes de sementes de <i>bulks</i> com diferentes proporções	45
SELEÇÃO DE CLONES DE EUCALYPTUS.....	46
Herança da resistência a <i>Meloidogyne paranaensis</i> em germoplasma silvestre de <i>Coffea arabica</i>	47
6. MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES	48
Mapeamento de Herdabilidades Regionais sob a Abordagem Bayesiana Aplicado a Características do Arroz	49
<i>Single-trait</i> and <i>multi-trait</i> GWAS reveal loci associated with oil production in <i>Acrocomia Aculeata</i>	50
Molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil	51
Application of low-density SNP markers with allele dosage information in African sweetpotato breeding programs	52

1. BIOMETRIA, ESTATÍSTICA E GENÉTICA QUANTITATIVA

The estimation of combining abilities and heterosis in a sweetpotato 8x8 diallel from CIP-Uganda

Santos, I. G¹.; Swanckaert, J².; Ssali, R².; Mwanga, R².; Azevedo, C. F¹.; Paula T. O. M².; De Boeck, B².; Eyzaguirre, R².; Ketavi, M³.; Gemenet, D⁴.; Andrade, M².; Grüneberg, W. J².; Lindqvist-Kreuze, H².; Yencho, C.; Campos, H².; Pereira, G. S.¹

¹Molecular Breeding Lab, Department of Agronomy, Federal University of Viçosa, Viçosa - MG, Brazil.

²International Potato Center (CIP), Lima, Peru.

³Department of Crop & Soil Sciences, University of Georgia - UGA, Georgia, USA.

⁴International Maize and Wheat Improvement Centre (CIMMYT), Mexico.

⁵North Carolina State University, Department of Horticultural Science - NCSU, North Carolina, USA.

The heterosis exploiting breeding scheme (HEBS) has become popular among sweetpotato breeders who aim to increase yield due to heterotic vigor. At the International Potato Center (CIP) in Uganda, two gene pools are enhanced separately (population improvement pipeline) while heterosis is exploited between pools (product development pipeline). This study aimed to estimate heterosis increments for storage root yield ($t\ ha^{-1}$) in a sweetpotato population from CIP-Uganda. The Mwanga Diversity Panel (MDP) was obtained from a diallel of bi-parental crosses between parents from gene pools A and B (8A × 8B), resulting in 64 families (1,913 clones). The experiment consisted of a row-column design where unreplicated parents and offspring clones were planted between columns of two alternating checks in two locations in Uganda (Namulonge and Serere), over two years (2018 and 2019) in two growing seasons. Data on sweetpotato storage root yield ($t\ ha^{-1}$) were collected and analyzed in two stages. In the first stage, spatial differences and trends were modeled for each environment using the Spatial Analysis of field Trials with Splines (SpATS) mixed model using the R package *sommer* v. 4.1.2, with a hybrid relationship matrix (H matrix) for genotypes. The H matrix was computed using the *AGHmatrix* R package by combining genomic information from parents and pedigree information from the population to improve the genetic predictions. In the second stage, Best Linear Unbiased Predictions (BLUPs) plus residuals were used to estimate general (GCA) and specific (SCA) combining abilities. Family predictions and mid-parent heterosis increments were obtained using the BLUPs from the second step. The female GCA (–3.13 to 3.00) accounted for the largest additive genetic variation for storage root yield compared to the male GCA (–0.90 to 0.94), while SCA estimates ranged from –1.19 to 1.82. NASPOT 11 had the highest GCA and storage root yield among the female parents, while NK259L was the male with the highest GCA and storage root yield. The highest SCA effects were observed in the families ‘NASPOT 11 × Dimbuka Bukulula’ (1.82) and ‘New Kawogo × NASPOT 10 O’ (1.03). On the other hand, the lowest SCA were observed in the families ‘NASPOT 11 × NASPOT5/58’ (–1.19) and ‘Resisto × Ejumula’ (–1.07). Mid-parent heterosis increments ranged from –5.98% in the family ‘NASPOT 5 × NASPOT5/58’ to 6.44% in ‘NASPOT 11 × Dimbuka Bukulula’. The genetic variance of GCA suggests that it is possible to select parents with high breeding values within each gene pool for future crosses. Non-additive effects were also important in the inheritance of storage root yield in sweetpotato due to the variance range of the SCA in the different environments. Parents whose progenies showed the highest mid-parent heterosis are candidates for having superior families regarding storage root yield and can potentially serve as testers in future steps of the breeding program.

Financial support: Bill and Melinda Gates Foundation (investments OPP1019987 SASHA, OPP1052983, GT4SP and OPP1213329, SweetGAINS), CGIAR Research Program on Roots, Tubers, and Bananas (RTB), Centre for International Migration and Development (CIM).

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa.

Keywords: *Ipomoea batatas*, mixed model, H matrix, spatial variation, GCA.

Estudo de correlações genéticas entre caracteres morfológicos e agronômicos de população de mapeamento de espécie silvestre de batata-doce diploide

Mata, A.P.A.¹; Santos, I.G.¹; Gemenet, D.²; Mosquera, V.²; Diaz, F.²; David, M.²; Khan, A.²; Grüneberg, W.²; Pereira, G. S.¹

¹ Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa- MG, Brasil.

² International Potato Center - CIP, Lima, Peru.

Ipomoea trifida (Kunth.) G. Don ($2n=2x=30$) tem sido descrita como um ancestral silvestre da batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam ($2n=6x=90$)], e tem sido considerada planta modelo para estudos genéticos de *I. batatas* (hexaploide) por apresentar elevada sintenia e ploidia reduzida (diploide). O objetivo deste trabalho foi estimar correlações genéticas entre caracteres morfológicos e agronômicos de população de mapeamento de *I. trifida*. Foram avaliados 188 genótipos de irmãos-completos originados do cruzamento M9×M19 realizado no Centro Internacional da Batata (CIP). A população foi avaliada em San Ramón, Peru, nos anos de 2016 e 2017, em condições de casa-de-vegetação e campo, respectivamente. O experimento em casa-de-vegetação foi conduzido em delineamento em blocos completos casualizados (DBC), com quatro repetições, enquanto o experimento em campo foi realizado em delineamento inteiramente casualizado (DIC) com duas repetições. Os caracteres morfológicos avaliados em 2016 incluíram o contorno (LEAFSHAP1), tipo (LEAFSHAP2) e número de lóbulos (LEAFSHAP3) da folha, forma do lóbulo central (LEAFSHAP4), número de folhas/planta (LEFTPP), altura de planta (PLANTH), diâmetro dos entrenós da vinha (VINDIA), tamanho da folha madura (LFSIZE), comprimento do pecíolo (PETIOL), e aparência da folha (LA). Os caracteres agronômicos incluíram os pesos seco (PSR) e fresco das raízes de armazenamento (PFR), os pesos seco (PSV) e fresco das vinhas (PFV), e número de raízes de armazenamento (NOSR). Em 2017, os caracteres morfológicos incluíram LFSIZE e PETIOL, enquanto os caracteres de qualidade foram PSR, PFR, PSV, PFV, NOSR e superfície total de folhagem por unidade de área do solo (LAI). Foram obtidas correlações genéticas entre pares de caracteres a partir das médias ajustadas utilizando modelos mistos para cada experimento. Todas as análises foram realizadas no software R, com o auxílio do pacote *sommer* v.4.2.0. A magnitude das correlações no experimento de casa-de-vegetação foi de -0.28 a 0.98. Os caracteres relacionados ao contorno e número de lóbulo das folhas apresentaram correlações altas entre si (0.96). PSV e PFV se correlacionaram positivamente com caracteres morfológicos de contorno e lóbulo das folhas. Como esperado, as correlações entre PSV e PFV (0.84), e PSR e PFR (0.98) foram altas. Correlações entre os pesos de raiz (PFR ou PSR) e vinha (PFV ou PSV) variaram de -0.28 a -0.25. No experimento de campo as correlações variaram de -0.08 a 0.98. As correlações entre PFR ou PSV com PFV e PSV foram menores do que as observadas em casa de vegetação. Correlações altas foram obtidas entre PSV e PFV (0.97) e entre PSR e PFR (0.98), assim como observado em casa-de-vegetação. O caráter de qualidade LAI se correlacionou positivamente com todos os caracteres morfológicos. De modo geral, houve redução da magnitude das correlações no experimento de campo quando comparado ao de casa de vegetação, possivelmente pela maior dificuldade de controle local somado ao delineamento utilizado no experimento de campo. As correlações encontradas

nesse trabalho auxiliarão no entendimento das bases genéticas dos caracteres via estudos de mapeamento de QTL futuros.

Financial support: CAPES, International Potato Center, Bill & Melinda Gates Foundation.

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa.

Keywords: *Ipomoea trifida*, modelos mistos, família de irmãos-completos.

Estimativas de parâmetros genéticos em população de batata inglesa para caracteres relacionados à brotação

Duarte, B. F.¹; Pedrotti, R. L.²; Santos, I. G.¹; Rosa, J. R. B. F.¹; Pereira, A.S.³; Castro, C. M.³; Pereira, G. S.¹

¹ Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG, Brasil;

² Universidade Federal de Pelotas, Pelotas - RS, Brasil;

³ Embrapa Clima Temperado, Pelotas - RS, Brasil

A batata inglesa (*Solanum tuberosum*) é a terceira cultura mais importante no mundo. Ela é ótima fonte de energia por possuir alto teor de carboidratos e proteínas. No entanto, a brotação e o esverdeamento do tubérculo de batata desencadeiam a produção de toxinas que levam à redução de qualidade do produto e inviabilizam o consumo humano. Estudos de caracteres relacionados à brotação são importantes para prolongar a vida útil da batata e o seu consumo. O objetivo deste estudo foi estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e relacionados à brotação de batata inglesa. Foram avaliados um total de 355 genótipos nos anos de 2020 e 2021 em casa de vegetação na Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS. O experimento foi conduzido em delineamento em blocos aumentados de Federer com 11 e 9 blocos nos respectivos anos. Cada bloco foi composto por 27 tratamentos regulares (genótipos) e 3 tratamentos comuns (testemunhas). Foi realizada análise de modelos mistos com auxílio do programa R utilizando o pacote *sommer* v.4.1.4. Foram determinados as médias ajustadas, componentes de variância, herdabilidades e correlações para os caracteres número de hastes (NH), área foliar (AF, escala de 1 a 5), peso fresco da parte aérea (PSPA, g), aspereza da casca do tubérculo (ASP, escala de 1 a 5), formato do tubérculo (Form, escala de 1 a 5), profundidade da gema (PrGema, escala de 1 a 5), cor da película (CorPel, escala de 1 a 12), comprimento (CompTub, mm) e largura do tubérculo (LarTub, mm), dias para iniciar a brotação após entrada na câmara fria (DIB, escala de 1 a 5), comprimento do broto apical (CompBrAp, mm) e número de brotos laterais (NBrLat). As médias gerais (máximas e mínimas) para as características NH, AF, PSPA, ASP, Form, PrGema, CorPel, CompTub, LarTub, DIB, CompBrAp e NBrLat foram: 3.83 (2.74~5.00), 3.80 (2.34~4.71), 8.90 (5.57~26.55), 1.93 (1.07~3.83), 3.20 (1.03~4.81), 1.21 (0.65~4.01), 4.44 (0.46~11.99), 61.35 (39.38~74.08), 41.33 (33.92 ~45.57), 2.94 (1.65~4.69), 25.67 (7.88~122.82) e 3.59 (0.58~5.29), respectivamente. As variâncias genéticas foram significativas para todos os caracteres, o que demonstra o potencial da população para seleção e mapeamento genético. As herdabilidades variaram de 0.32 (NH) a 0.94 (CorPel) para caracteres agronômicos, e 0.36 (NBrLat) a 0.77 (PrGema) para caracteres relacionados à brotação. Valores altos de herdabilidade podem ser explicados pela arquitetura oligogênica do caráter, mas também são indicadoras da qualidade experimental. No geral, a magnitude das correlações entre os pares de caracteres foi moderada a baixa, variando de 0.68, para o par de caracteres Form e CompTub, a -0.51, para o par DIB e CompBrAp. A correlação negativa entre DIB e CompBrAp confirma que tubérculos armazenados em câmara fria cujos brotos apicais apresentam maior comprimento possuem brotação precoce. A obtenção de parâmetros genéticos é etapa fundamental para avaliação do potencial de melhoramento de uma população. Os parâmetros genéticos estimados demonstram o potencial da população em estudo de batata inglesa para utilização em programas de melhoramento visando a redução das brotações nos tubérculos.

Financial support: CNPq e Embrapa Clima Temperado.

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa.

Keywords: *Solanum tuberosum*, modelos mistos, correlação, herdabilidade.

Uma abordagem ensemble para splines de regressão adaptativa multivariada em estudos de predição genômica

Celeri, M. de O.¹; da Costa, W. G.¹; Nascimento, A. C. C.¹; Azevedo, C. F.¹; Nascimento, M.¹

¹ Laboratório de Inteligência Computacional e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG, Brasil.

Splines de Regressão Adaptativa Multivariada (MARS) é uma metodologia de aprendizado estatístico não paramétrica que modela a contribuição individual, ou de interação, de cada uma das variáveis preditoras a partir de funções de base. A MARS é uma metodologia nova em estudos de predição genômica que vem ganhando espaço. Os esforços de pesquisa focados na MARS aplicadas a seleção e predição genômica ainda se concentram em estudos de simulação. Uma característica interessante da MARS é a seleção de poucas variáveis preditoras (aqui na forma dos marcadores moleculares do tipo SNP) para compor o modelo final de predição, tornando-a notavelmente eficiente para características controladas por poucos genes de grandes efeitos. No entanto, seu desempenho para características poligênicas, na maioria das vezes, se torna limitado. O objetivo deste trabalho é avaliar uma proposta de um método ensemble homogêneo para a MARS inspirada na proposta do random forest. A hipótese é de que esta proposta pode tornar a MARS uma metodologia com resultados tão satisfatórios para características poligênicas quanto para características oligogênicas, aumentando sua capacidade preditiva e o número de marcadores selecionados. O método proposto consiste em amostrar B vezes, aleatoriamente, um subconjunto de tamanho M dos P marcadores disponíveis; em cada uma das B amostragens um modelo MARS é estimado gerando um total de B predições distintas para a característica de interesse, de forma que a predição final da metodologia proposta é a média aritmética simples entre estas B predições. Para a avaliação desta proposta utilizou-se 12 cenários simulados, definidos pela combinação de quatro níveis de números de QTLs (8, 40, 80 e 120) e três níveis de herdabilidade (0,3, 0,5 e 0,8) com 4010 marcadores distribuídos em 10 grupos de ligação. Para todos os cenários simulados foram considerados efeitos aditivos e epistáticos e gmd igual a 0,5. Para a validação utilizou-se da validação cruzada 10-folds e os resultados de predição do método proposto foi comparado com o modelo MARS e o modelo GBLUP considerando efeitos aditivos e devidos a dominância e à epistasia. Para a avaliação do método proposto considerou-se a construção de 50 modelos MARS com a amostragem de 500 dos 4010 marcadores por vez. Em todos os cenários o método proposto obteve capacidade preditiva superior à MARS. Em relação ao GBLUP observou-se resultados de capacidade preditiva superior para o método proposto nos cenários controlados por 8 QTLs ou em herdabilidade 0,8 e, para os demais cenários, obteve-se resultados similares. O EQM do método proposto sempre esteve abaixo ou comparável às demais metodologias. Em contrapartida, o tempo computacional foi superior aos demais métodos, gastando em média 96s para o ajuste, enquanto MARS e GBLUP gastaram em média 31s e 18s, respectivamente. O método proposto seleciona, em média, 480 dos 4010 marcadores, número este que chega a ser até 30 vezes maior do que o número de marcadores selecionados pelo modelo MARS. A proposta do método ensemble para a MARS obteve resultados satisfatórios nos cenários avaliados, mostrando que a MARS tem potencial para trabalhar com características quantitativas tão bem quanto outras abordagens.

Financial support: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Capes e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa.

Keywords: método ensemble, MARS, características quantitativas.

Estimating genotype x environment interaction for grain yield in soybean

Costa, A. L. A.¹; Araújo, M. S.¹; Alves, A. K. S.¹; Pereira, G. R.; Chaves, S. F. S.¹; Bezerra, A. R.²; Dias, L. A. S.¹

¹ Agroenergy Laboratory, Department of Agronomy, Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa - MG, Brazil.

² Fundação MS, Mato Grosso do Sul.

Soybean (*Glycine max*) crop is of great importance worldwide due to its high protein and oil content. Brazil is leader in world production with 135 million tons. Plant breeding aims to select productive genotypes with predictable performance over the years. However, genotype x environment interaction (GEI) can difficult the recommendation of cultivars. This problem occurs due to the differential performance of genotypes in the environments, especially in the context of cross-over interaction. Here, we selected soybean genotypes with general performance and high stability via REML/BLUP approach. We evaluated sixty-eight genotypes in a randomized complete block design with three repetitions, in three locations in Mato Grosso do Sul state (E01 = Sindrolândia; E02 = Anaurilândia; and, E03 = Antônio João) conducted in the crop years 2019/2020 and 2020/2021. We evaluated grain yield and collected data on the basis plot area which was converted to kg/ha⁻¹. We used the Mean Harmonic Relative Performance of Genotypic Values (MHRPGV) and the Weighted Average of Absolute Scores (WAASB) in order to select genotypes based on overall performance and weighted for stability. All analyses were performed in R software, by using Metan package. By the MHRPGV parameter the genotypes G51 (2854.33 kg/ha⁻¹), G34 (2662.55 kg/ha⁻¹), G22 (2791.91 kg/ha⁻¹), G35 (2608.42 kg/ha⁻¹), G45 (2779.92 kg/ha⁻¹) performed better than the general average (2443.45 kg/ha⁻¹). By the WAASBB index the genotypes G51 (2633.00 kg/ha⁻¹), G22 (2587.00 kg/ha⁻¹) G45 (2578.00 kg/ha⁻¹), G02 (2545.00 kg/ha⁻¹) and G03 (2543.00 kg/ha⁻¹) were superior to the general average. The genotypes G51, G22 and G45 performed similarly in both analyses. G51 stood out, even though it was not the most stable, it was the most productive.

Financial support: FAPEMIG, Capes e Fundação MS.

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa.

Keywords: *Glycine max* (L.), stability, REML/BLUP.

Seleção de linhagens F_{4:7} de soja quanto à adaptabilidade e estabilidade produtiva via metodologia de modelos mistos

Rosmaninho, L. B. de C.¹; Ferreira; D. O.¹; Condé, S. A.¹; Santos, S. P.¹; Carneiro, A. L. N.¹; Paula, B. S.¹; Martiniano, J. F.¹; Silva; F. L.¹

¹Laboratório de Genética da Soja, Departamento Agronomia, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa - MG, Brasil.

A interação genótipos x ambientes (GxA) é um grande desafio dos programas de melhoramento genético da soja, visto que pode levar a estimação errônea e imprecisa de ganhos genéticos, dificultando a seleção e recomendação de genótipos. Uma forma de mitigar seus efeitos é identificar linhagens que associam adaptabilidade e estabilidade produtiva. No contexto dos modelos mistos, isso é possível, pelo procedimento BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) sob médias harmônicas, que permite o ordenamento de linhagens simultaneamente para produtividade e estabilidade (MHVG), pela adaptabilidade através dos ambientes (PRVG) e pela seleção simultânea quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), contornando os inconvenientes da interação genótipos x ambientes, uma vez que os métodos fornecem valores genéticos já penalizados dos efeitos ambientais. Assim, o objetivo do presente trabalho foi a seleção de linhagens F_{4:7} de soja, com base na adaptabilidade (PRVG), estabilidade (MHVG) e as que reúnem simultaneamente adaptabilidade e estabilidade produtiva (MHPRVG), via modelos mistos. Os ensaios experimentais foram implantados e conduzidos no Centro de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro – CEPET/UFV (Capinópolis - MG) e na Unidade Experimental de Pesquisa e Extensão (UEPE – Horta Nova) do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (Viçosa - MG), na safra 2021/2022. Foram avaliadas 104 linhagens F_{4:7} de soja sob o Delineamento de Blocos Aumentados (DBA), com quatro repetições para as cinco cultivares comerciais utilizadas como testemunhas. A produção total de grãos por parcelas foi obtida com o auxílio de uma balança digital de precisão e extrapolada para produtividade em sacas por hectare. A estimação dos parâmetros genéticos e ambientais e a predição dos valores genéticos das linhagens, a partir dos dados fenotípicos, foram obtidos com o emprego da metodologia de modelos mistos, via procedimento REML/BLUP. Para as análises estatísticas foi utilizado o modelo 75 (testemunha como efeito aleatório) do software Selegen-REML/BLUP. Verificou-se um coeficiente de variação experimental de 40,27%, o que era esperado, visto que a variável produtividade de grãos é altamente influenciada pelas condições edafoclimáticas de cada ambiente. A variância dos efeitos genotípicos (24765.55) apresentou magnitude superior à variância dos efeitos da interação GxA (977.48), representando 34,04 e 1,34% da variância fenotípica, respectivamente. A herdabilidade de parcelas individuais estimada foi considerada moderada (44,55%), associadas a uma alta correlação genotípica entre o desempenho nos ambientes avaliados (0,96). O ranqueamento de seleção das linhagens foi idêntico pelos métodos PRVG e MHPRVG e muito próximo pelo método MHVG, havendo bastante concordância nas indicações dos melhores e piores genótipos. As linhagens 165, 162, 120, 135, 58, 155, 71, 187, 189 e 7 se destacaram na seleção via PRVG, MHVG e MHPRVG, apresentando médias de produtividade superiores a todas as testemunhas em estudo. Com os resultados obtidos, foi possível selecionar as linhagens de soja que reuniam alto rendimento, boa

previsibilidade e ampla adaptabilidade e que avançaram para as próximas etapas dos programas de melhoramento.

Financial support: Capes, CNPq e FAPEMIG.

Core area: Biometria, estatística e genética quantitativa

Keywords: Ganhos genéticos, *Glycine max* (L.) Merrill, Herdabilidade, Interação genótipos x ambientes, Melhoramento de plantas.

2. FENÔMICA

Random forest and discriminant analysis by partial least squares on NIR data for phenotypic classification of sugarcane clones

Andrade, A. C. B.¹; Dias, C. S.¹; Peternelli, L. A.¹

¹ Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa - MG, Brasil.

Sugarcane cultivation has become important due to the production of sugar and is a sustainable and safe alternative for energy production. The growing demand for biomass for power generation and second-generation ethanol has driven the selection of sugarcane cultivars with higher fiber and apparent sucrose levels. In this sense, it is crucial to seek classification methods combined with near-infrared spectroscopy (NIR) to facilitate the desired selection. The present work aims to compare two models on NIR spectroscopy data to evaluate the predictive performance in sugarcane clones. A set of NIR data composed of 460 samples was used, classified as high and low levels of fiber (FIB) and apparent sucrose (PC). To evaluate the classification methods, the latent variable parameters (nVL) and the number of predictors (m) were chosen for discriminant analysis by partial least squares (PLS-DA) and random forest (RF), respectively. K-fold cross-validation was used to evaluate the classification methods with k=10 in the calibration set samples to help choose the values of the parameters associated with each model. The parameters chosen were those that presented a lower estimate of the classification error in the cross-validation. It was possible to obtain the confusion matrix for each model and calculate the corresponding classification errors, sensitivity, and specificity. An analysis of variance was applied under a randomized complete block design, and Student's t-test was applied to compare the methods and verify which performs best for classifying the clones based on their NIR spectra. The results obtained in comparing the methods indicated that PLS-DA differed from RF for the classification of properties %PC and %FIB ($p < 0.05$). PLS-DA was more satisfactory for all these parameters than RF since the first presented lower classification errors and higher sensitivity and specificity values. However, both methods can be considered helpful in classifying the NIR spectroscopy data used in this work. For a more accurate analysis, it would be interesting to test these methods in other NIR datasets and compare them with the results obtained in this work.

Financial support: Finep, CNPq, FAPEMIG e Capes.

Core area: Fenômica

Keywords: Near-infrared spectroscopy, sugarcane selection, supervised learning.

3. INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL

Boosting as a marker selection strategy for genomic prediction with artificial neural networks

Barreto, C. A. V.¹; Celeri, M. de O.²; Barbosa, W. F.²; Lima, L. P.³, da Silveira, L. S.², Nascimento, A. C. C.², Azevedo, C. F.², Nascimento, M.²

¹ Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG – Brasil.

² Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, MG – Brasil.

³ Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Sudeste de Minas Gerais, Campus Muriaé – Muriaé - MG, Brasil.

Artificial neural network (ANN) is a non-parametric tool that has been used for prediction of genomic estimated breeding values (GEBVs) and is especially used in the final stages of the breeding program, where many environments are evaluated to indicate the cultivars. However, ANNs demand high computational costs to fit the prediction models, which may limit the use of this methodology. The purpose of this study is to present a two-step genomic prediction approach. In the first step, an indirect selection of markers was performed by variable importance by boosting and, the selection of 5% and 20% of the most important markers was tested. After that, in the second step, the selected markers were used as inputs variables in the ANN model. The results obtained were compared with ANN without marker selection. The ANN topology used was two hidden layers with the number of neurons ranging from one to 20, with a logistic activation function and considering the backpropagation algorithm. The data were simulated considering mean dominance degree equal to zero and genetic architecture with 100 QTLs controlling the trait and heritability 0.2. To evaluate the fit, a 5-fold cross-validation was performed, with 800 observations used for training and 200 observations for validation. Marker selection was performed in each training set. The highest accuracy (0.98 ± 0.00) was observed when indirect selection of the top 5% markers was performed, followed by selection of the top 20% markers (0.96 ± 0.00) and the network without marker selection (0.85 ± 0.00). This is due in part to the reduction of the search space which optimizes the learning process and improves the predictive ability of the model. The processing time ranged from 3.55s to 38.59s for prediction for the fit with the selection of the top 5% markers and for the ANN without prior marker selection, respectively. The marker selection generated a sparse set of markers covering a large part of the genome. The results obtained suggest that boosting is an efficient methodology for marker selection and the two-step prediction model stood out as an alternative to solve the problem of high computational cost of ANNs, reduce the genotyping cost (by reducing the number of SNPs), and to improve the accuracy of the model.

Financial support: CAPES, CNPq and FAPEMIG.

Core area: Inteligência artificial.

Keywords: genomic selection, markers selection, machine learning.

4. MELHORAMENTO DE ESPÉCIES ANUAIS

Seleção de haploides em milho superdoce com inibição da expressão do gene *R1-navajo*

Oliveira, J. M. M. de¹; Fregonezi, B. F.¹; Duarte, I. de A.¹; Lucena, V. J. de¹; Hoda, O. G. L.¹; Santos, J. O. G. dos¹; Camilo, L. A.¹; Oliveira, M. E. A. de¹; Alvarez, R. R. de M.¹; Ferreira, J. M.¹

¹ Laboratório de Melhoramento Genético, Centro de Ciências Biológicas, Departamento de Biologia Geral, Universidade Estadual de Londrina - UEL, Londrina-PR.

O milho superdoce (*Zea mays* L. var. *saccharata*) é uma hortaliça destinada ao consumo humano, no estágio de milho verde. Os principais híbridos comerciais são resultantes do cruzamento de linhagens endogâmicas, que no método tradicional são obtidas por meio de seis a oito gerações de autofecundação. A tecnologia de duplo-haploides (DH) in vivo permite a síntese de linhagens 100% homocigóticas, com apenas dois a três ciclos. Os passos iniciais para a obtenção de duplo-haploides envolvem a indução à haploidia e a identificação das sementes e indivíduos haploides. Os genótipos indutores possuem genes marcadores que permitem diferenciar sementes diploides e haploides putativas, como por exemplo o gene *R1-navajo*. Este gene possibilita a seleção a partir da expressão da coloração púrpura no endosperma e embrião, podendo classificá-las em: diploides (embrião e endosperma púrpuros) ou haploides (apenas endosperma púrpuro). Porém, existem genes que inibem a expressão do gene *R1-nj* na semente. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a eficiência da seleção de haploides por meio da coloração da primeira bainha foliar. A população SD3001 de milho superdoce, que apresenta a característica de inibir a expressão do gene *R1-nj*, foi polinizada por linhagens indutoras CIM2GTAILs, que possuem o gene *R1-nj* como marcador. Parte das sementes F1 obtidas apresentaram inibição da expressão da antocianina na semente, não sendo possível separar as sementes haploides das diploides. Em seguida, estas foram semeadas em 12 bandejas contendo 200 células cada, utilizando a turfa Sphagnum como substrato. As plântulas F1 resultantes foram avaliadas a partir da presença da coloração púrpura na primeira bainha foliar, de forma que as haploides apresentaram coloração verde, semelhante ao observado na população SD3001, e as diploides púrpuras, semelhante ao observado para os indutores. A taxa de germinação média foi de 70% e a média de indução a haploidia foi de 15,3%, sendo o desvio padrão da média igual a 0,72%. Os valores de indução variaram de 12% a 20%, sendo o desvio padrão igual a 2,5%. Na população SD3001 a taxa de indução das sementes, contendo ou não o gene de inibição da marcação, não diferiram entre si. Conclui-se que a expressão da antocianina na primeira bainha foliar é eficiente para a identificação dos indivíduos haploides, quando ocorre inibição do gene *R1-nj* ou falhas de classificação das sementes haploides.

Financial support: Fundação de Apoio ao Desenvolvimento da UEL (FAUEL); Tropical Melhoramento & Genética (TMG).

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays* L. var. *saccharata*, duplo-haploides, genes marcadores.

Potencial de famílias de três ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca

Chagas, J. T. B.¹; Oliveira, L. J. da S. de ¹; Moreira, J. V. C. ¹; Júnior, J. D. P. ¹; Neto, W. V. de A.¹; Miranda, I. R. ¹; Oliveira, L. M. C. de ¹; Carneiro, P. C. S. ²; Carneiro, J. E. de S.¹

¹ Laboratório do Programa de Melhoramento de Feijão, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa - UFV.

² Laboratório de Biometria, Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa - UFV.

A recombinação de indivíduos superiores constitui uma das principais etapas da seleção recorrente, uma vez que proporciona a reunião de alelos favoráveis que estão em diferentes genitores por meio dos ciclos de seleção. Desse modo, o melhorista precisa avaliar os caracteres que são importantes e selecionar as melhores progênies para o sucesso de um programa de melhoramento genético. Desta forma, este trabalho teve como objetivo identificar famílias superiores de feijão carioca do Programa de Seleção Recorrente da Universidade Federal de Viçosa (UFV), com vistas à composição do bloco de recombinação para obtenção do próximo ciclo. Para isso, foram avaliadas 121 famílias F2:6 do ciclo CIII de feijão de grãos tipo carioca, quanto à produtividade (PROD), arquitetura de planta (ARQ) e aspecto comercial de grãos (AG). O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE Coimbra), UFV, no município de Coimbra- MG (20°45' S, 42°51' W; 720 m), na safra da seca de 2021, em delineamento látice quadrado triplo. As parcelas experimentais foram compostas por duas linhas de 1m espaçadas por 0,5m. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares Pérola, BRSMG Madrepérola, BRSMG Uai e BRSMG Zape. Os dados foram submetidos à análise de variância, posteriormente as médias das características foram analisadas com o índice de seleção genótipo-ideótipo, as análises genético-estatísticas foram realizadas por meio do software GENES. A intensidade de seleção utilizada foi de 15% e a seleção das melhores famílias baseou-se no índice da distância genótipo-ideótipo, índice que mede as distâncias entre cada genótipo e o ideótipo da cultura. Na definição do ideótipo, foram utilizados o valor máximo para PROD e mínimo para ARQ e AG, além da nota 3 como nível crítico para AG. Todas as características foram significativas pelo teste F ao nível de 5% de probabilidade, a maior herdabilidade encontrada foi de 65% para AG, a média de produtividade dos genótipos selecionados foi de 3051,526 kg/ha, entre os 20 genótipos melhores classificados pelo índice houveram 18 famílias e as testemunhas BRSMG UAI e BRSMG Zape. O coeficiente de variação experimental não em todas as características foi inferior a 14,26 considerado adequado para a cultura do feijão. Para PROD, as melhores famílias apresentaram ganho de seleção de 128 kg/ha. Para AG e ARQ, as famílias selecionadas apresentaram ganho de seleção de -9,67% e -6,39%, respectivamente, em que o valor negativo indica ganho no sentido de redução no valor da nota, o que é favorável para as referidas variáveis. As famílias selecionadas foram 706F2I261, 706F2I266, 712F2I100, 704F2I271, 707F2I1, 699F2I134, 699F2I138, 698F2I230, 712F2I106, 712F2I109, 714F2I378, 712F2I103, 702F2I131, 702F2I123 e 707F2I15. Conclui-se que por meio da seleção recorrente foi possível selecionar 18 progênies superiores, e que estas poderão seguir para as novas etapas do programa.

Financial support: Capes, FAPEMIG e CNPq.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: índice de seleção, melhoramento do feijoeiro, *Phaseolus vulgaris*, melhoramento vegetal.

Potencial de famílias de feijão vermelho para derivação de linhagens

Oliveira, L. J. da S. de¹; Chagas, J. T. B.²; Assunção Neto, W. V. de³; Oliveira, L. M. C. de⁴; Pereira Júnior, J. D.⁵; Moreira J. V. C.⁶; Miranda, I. R.⁷; Carneiro, P. C. S.⁸; Carneiro, J. E. de S.⁹.

¹ Laboratório de Melhoramento do Feijoeiro, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa - UFV.

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertence à família Fabaceae, tem origem no continente americano e é a fonte de proteína vegetal mais importante da população brasileira. O melhoramento do feijoeiro visa obter cultivares que reúnam fenótipos favoráveis especialmente quanto ao potencial de produção, arquitetura de plantas, resistência a patógenos, qualidade comercial e tecnológica dos grãos. Deste modo, o presente trabalho objetivou identificar o potencial de famílias de feijão vermelho para a extração de linhagem tendo em vista a composição de futuros Ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) em Minas Gerais. Visando reunir fenótipos de interesse, a cultivar BRSMG Marte, foi utilizada em cruzamentos com outros três genitores (Ouro Vermelho, OVR e VR 19). Foram avaliadas 100 famílias F2:6 provenientes dos três cruzamentos. Sendo 96 famílias e 4 testemunhas, com três repetições, sendo cada parcela composta de 1 linha de 2m com 50 cm entre elas em delineamento de blocos casualizados. O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Coimbra (UEPE Coimbra), UFV, em Coimbra (20°45'S, 42°51' W; 720m), Minas Gerais, Brasil, em 2020, na safra inverno (agosto a dezembro). Como testemunhas foram utilizados os genitores envolvidos nos cruzamentos. As variáveis analisadas foram a produtividade de grãos (PROD) e o aspecto comercial de grãos (AG). As análises genético-estatísticas foram realizadas por meio do software GENES[U1]. A seleção das melhores famílias foi baseada no índice da distância genótipo-ideótipo e na comparação com as cultivares testemunhas. Na definição do ideótipo foram utilizados os valores máximo e mínimo, observados para PROD e AG, respectivamente. Com base no índice genótipo-ideótipo foi possível selecionar famílias superiores tanto em PROD quanto em AG. As dez famílias melhor classificadas pelo índice apresentaram desempenho superior às testemunhas (BRSMG Marte, Ouro Vermelho, OVR e VR 19). Para PROD, as melhores famílias apresentaram ganho de 300 kg/ha em relação a testemunha BRSMG Marte, a de maior produtividade. Em relação a AG, as melhores famílias superaram a testemunha BRSMG Marte. Com base nisso, foram selecionadas as 10 melhores famílias com alta produtividade e bom aspecto comercial de grãos para a extração de linhagens.

Financial support: Capes, FAPEMIG e CNPq.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: seleção de famílias, índice de seleção, melhoramento do feijoeiro.

Seleção de linhagens de milho tropical para condições contrastantes de nitrogênio com base em média harmônica

Silva, R. C. A.¹, Cruz, C. E. O.¹, Oliveira, A. L.¹, Caixeta, D. G.¹, Santana, A. S.¹, De Lima, R. O.¹

¹ Programa Milho, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa - UFV.

As linhagens de milho são o material genético mais importante dos programas de melhoramento de milho. A partir delas podem ser obtidos híbridos, populações de melhoramento e populações sintéticas. A avaliação delas em ambientes com níveis contrastantes de nitrogênio (N) é de grande importância para desenvolver cultivares mais eficientes no uso de N. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a adaptabilidade e a estabilidade produtiva de linhagens de milho tropical em condições contrastantes de N. Para isso, 182 linhagens de milho foram avaliadas durante três safras em duas condições de N: baixa (BN) e alta (AN). O delineamento utilizado para avaliação das linhagens, nas três safras, foi de blocos incompletos (alfa-látice 14x13), com três repetições. O caractere avaliado foi produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Além dos componentes de variância, foram estimados os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade produtiva via modelos mistos. A variância genotípica foi significativa ($P < 0,05$) para PG em todos os ambientes e na análise conjunta. Além disso, a variância da interação linhagens x ambientes foi significativa ($P < 0,05$). A estimativa de herdabilidade dos ambientes favoráveis (safras AN, 0,84) foi superior em relação aos ambientes desfavoráveis (safras BN, 0,79). O coeficiente de variação (CV) do experimento variou de 18,7% (ambientes favoráveis) à 25,7% (ambientes desfavoráveis). A PG média em todos ambientes foi de 2.878 kg ha⁻¹, enquanto que nos ambientes favoráveis e desfavoráveis foi de 3.721 kg ha⁻¹ e 2.104 kg ha⁻¹, respectivamente. Dessa forma, foi observado uma redução de 27% nos ambientes desfavoráveis na PG em relação à média. Nos ambientes favoráveis, o desempenho das 20 melhores linhagens foi 155% superior à média. Destaca-se as linhagens VML083 e VML062 que apresentaram média harmônica da performance relativa dos valores genotípicos (MHPRVG) 225% maior em relação à média. Em contrapartida, as 20 linhagens inferiores apresentaram desempenho 50% menor que a média geral. Nos ambientes desfavoráveis, a linhagem VML062 foi 244% superior ao desempenho médio. Quanto a adaptabilidade e estabilidade, as linhagens VML004, VML009, VML061, VML062, VML081, VML083, VML124, VML127, VML145, VML170 mostraram desempenho superior à média nos dois mega ambientes e foram então classificadas com adaptabilidade geral. Conclui-se que, a linhagem VML062 se destaca com maior adaptabilidade geral e a VML083 apresenta alta adaptabilidade para ambientes favoráveis.

Financial support: CNPq, Capes e FAPEMIG.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays* L., ambientes favoráveis e desfavoráveis, adaptabilidade e estabilidade.

Estimativa de parâmetros genéticos em populações de milho tropical com background de germoplasma temperado

Barros, J. M. B.¹; Carvalho, T. B.¹; Miranda, L. P.¹; Bastos, A. J. R.¹; Resende, N. C. V.¹; De Lima, R. O.¹

¹ Programa Milho, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG, Brasil.

As populações de milho FS8A(S) e FS8B(S) foram desenvolvidas na Universidade da Flórida, EUA, através de germoplasmas tropical e temperado, e foram introduzidas ao ambiente tropical pelo programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa. A introdução, seguida pela adaptação, de germoplasma temperado a ambientes tropicais pode ampliar a base genética do programa de melhoramento e agregar alelos para características como precocidade e menor arquitetura de plantas. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e as correlações entre caracteres das populações FS8A(S) e FS8B(S) para arquitetura de planta, florescimento e produtividade de grãos (PG). Para isso, foram avaliadas progênies S1 de cada uma dessas populações em dois locais de Minas Gerais, na safra 2021/2022. O delineamento experimental utilizado foi de blocos incompletos (alfa-látice 20 x 10 e alfa-látice 15 x 12 para as avaliações das progênies das populações FS8A(S) e FS8B(S), respectivamente), com duas repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m. Os caracteres avaliados foram: florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e PG (kg ha⁻¹). As análises estatísticas foram feitas pelo método de modelos mistos via REML/BLUP utilizando o software R. Foram estimadas as correlações genéticas entre os caracteres avaliados para ambas as populações. Houve variância genética para todos os caracteres ($P < 0,01$) em ambas as populações em todos os ambientes. Quanto a variância da interação genótipos ambientes, foi possível observar significância para FM, FF e PG na população FS8B(S), e FF e AP na FS8A(S) ($P < 0,05$). Os valores de coeficiente de variação variaram de 1,77 (FM) a 19,21% (PG) na avaliação de progênies da população FS8A(S) e de 1,66 % (FM) a 26,44% (PG) na FS8B(S). As estimativas de herdabilidade variaram de 0,74 (FF, PG) a 0,84 (AP, AE) para a população FS8A(S) e de 0,74 (AE) a 0,81 (AP) para a população FS8B(S). Esses dados mostram valores de herdabilidade altos, o que favorece a seleção para estes caracteres. As médias para população FS8A(S) foram de 71,35 (FM), 72,51 (FF), 220,60 (AP), 106,05 (AE) e 4.169,99 (PG). Para população FS8B(S), foram de 69,85 (FM), 72,04 (FF) 190,35 (AP), 93,23 (AE) e 3005,99 (PG). Em relação a correlação entre as características, foi possível observar correlações positivas e de média magnitude entre caracteres de arquitetura de plantas e PG para ambas as populações. Isso indica uma situação desfavorável para seleção truncada com base em PG, pois o objetivo do melhoramento é obter plantas mais produtivas e com menor AP e AE. Além disso, foram observadas correlações negativas entre FF e PG. Conclui-se que há variabilidade genética nas duas populações de milho para os caracteres avaliados e, assim, é possível a seleção de progênies superiores.

Financial support: CNPq, Capes e Fapemig.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays L*, Seleção Recorrente, introdução de germoplasma

Alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos com base no desempenho de híbridos testcrosses: Testadores de base genética ampla

Salvador, V. M.¹; Barros, J. M.¹; Uberti, A.¹; Ribeiro, F. R.¹; Pereira, G. S.¹; De Lima, R. O.^{1*}

¹ Programa Milho, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

O cruzamento entre linhagens de milho de grupos heteróticos distintos geralmente produzem híbridos mais produtivos devido à heterose. Por isso, é de suma importância a alocação de linhagens em grupos heteróticos para direcionar os cruzamentos e tornar mais eficiente o programa de melhoramento. Portanto, o objetivo desse trabalho foi alocar linhagens de milho do programa de melhoramento de milho da UFV, Programa Milho®, em grupos heteróticos com base no desempenho em cruzamento com testadores de base genética ampla. Assim, 366 híbridos testcrosses (TCs) foram obtidos através do cruzamento entre 183 linhagens de milho com dois testadores de base genética ampla: BR105 e BR106. Os TCs foram avaliados em cinco ambientes durante as safras de 2017/2018 e 2018/2019. O delineamento experimental utilizado foi em blocos aumentados, com repetição de sete testemunhas ao longo dos blocos para estimativa do erro experimental. Cada parcela foi constituída de uma linha com quatro metros, espaçadas em 0,8m. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias até o florescimento feminino (FF) e masculino (FM), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG). Os parâmetros genéticos dos TCs foram estimados com emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP através do pacote 'ASReml-R'. A abordagem do *Genotype main effect plus Genotype-by-Environment interaction* (GGE) biplot foi utilizada para estimar os efeitos da capacidade de combinação e a eficiência dos testadores utilizados para triagem das linhagens. O efeito das linhagens foi significativo ($p < 0,05$) para todos os caracteres na análise conjunta dos ambientes. Por outro lado, para o efeito da interação linhagem x testador apenas FF não foi significativo ($p > 0,05$). Os TCs mais produtivos cruzados com BR105 foram derivados das linhagens VML118, VML029 e VML030, essas ficaram nas posições 20°, 49° e 9°, respectivamente, para o ranking com o testador BR106. Por outro lado, os melhores TCs com o testador BR106 foram obtidos entre o cruzamento das linhagens VML058, VML169 e VML103, os quais apresentaram ranqueamento de 59°, 35° e 18°, respectivamente, para BR105. De acordo com o GGE biplot os testadores foram alocados em setores diferentes, o que indica que BR105 e BR106 discriminam bem as linhagens, além de ser possível separar as linhagens em grupos distintos. O ângulo entre os vetores dos testadores foi próximo a 90°, portanto, há baixa relação com o desempenho das linhagens entre os dois testadores. As linhagens do vértice do setor de BR105 foram VML118 e VML029, já para BR106 foi a VML058, sendo essas as linhagens que tiveram melhor desempenho com os respectivos testadores. Com relação a capacidade geral de combinação (CGC), a linhagem VML030 apresentou maior CGC, seguida da VML065, VML118, VML093, VML103 e VML058. Com relação a capacidade específica de combinação (CEC), entre as linhagens de maior CGC, VML058 e VML103 apresentaram maior CEC com BR106 e VML005 e VML029 com BR105. Conclui-se que entre as linhagens de maior CGC VML058, VML169, VML093 e VML103 pertencem ao mesmo grupo heterótico que o testador BR105, e as linhagens VML118, VML029, VML030, e VML005 pertencem ao mesmo grupo heterótico do testador BR106.

Financial support: CNPq, Capes e FAPEMIG.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays* L., testcross; melhoramento de milho, GGE biplot, melhoramento vegetal.

Mean performance and stability of UFV's maize single-crosses hybrids across tropical environments in Brazil

Destro, V.¹ ; Reis, H. M.¹; Cruz, C. E. O. ¹; Rezende, W. M.¹; Luz, L. S.¹; De Lima, R. O.¹

¹ Programa Milho, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

The genotype-by-environment interaction (GEI) is a challenging phenomenon for breeders and agronomists. It consists of a differential performance of the same genotype in distinct environments. As distinct environments, we understand different locations, crop management, crop season, and a range of biotic and abiotic stresses. To select the best genotypes, we used a quantitative genotypic stability measure called WAASB (Weighted Average of Absolute Scores from the singular value decomposition of the matrix of BLUPs for the GEI effects generated by a linear mixed model) and the performance of each genotype. The WAASBY index combines these two measures to select superior genotypes. Thus, our objective was to compare and select the best genotypes in terms of stability and performance for grain yield (GY, kg ha⁻¹). We performed seven trials in tropical regions of Brazil; three in the summer season (S1, S2, and S3), three in the winter season (W1, W2, and W3), and one in the summer season under low-N stress (SN). The trials were in square lattice design (7x7), in two replications, with 49 hybrids: 44 experimental single crosses, and five checks (20A38VIP3, P3898, DKB390PRO3, AS1868PRO3, and VA42B). Each plot consisted of two rows of four or five meters each. Row spacing and other crop practices were done according to each local recommendation. Grain Yield (GY, kg ha⁻¹) was obtained by harvest, weighing, and grain moisture correction to 14.5% of the whole plot. Estimation of variance components and prediction of breeding values were obtained using the REML/BLUP procedure. The WAASBY index was implemented for a simultaneous selection for stability and performance and we set the weights of WAASB (stability index) and Y (performance index) as 40 and 60, respectively. The LRT indicated highly significant effects ($p < 0.001$) for genotype, GEI, and block. In individual analyses, genotype's effects showed significance ($p < 0.01$) in all environments and block's effect in two environments (~28.6%; $p < 0.05$). Approximately 27.3% of the phenotypic variance was due to genotype's effect, 21.6% to GEI's effect, and 7.7% to block's effect. The overall mean was 7,395 kg ha⁻¹. The lowest and the highest phenotypic values observed were 581 kg ha⁻¹ (90V2003 in W3) and 14,847 kg ha⁻¹ (AS1868PRO3 in S1). The lowest and the highest BLUP values were 5,092 kg ha⁻¹ (91V2003) and 10,359 kg ha⁻¹ (92V2183). Environment's means ranged from 3841.9 kg ha⁻¹ (W1) to 10,877 kg ha⁻¹ (S1). The ten best genotypes according to WAASBY were: 92V2183, 92V2144, AS1868PRO3, 93V2193, P3898, 93V2084, 93V2016, 92V2153, 93V2052 e 92V2033. Also, the hybrids 92V2183, 92V2144, AS1868PRO3, P3898, and 92V2033 were in the ten bigger BLUPs. The 92V2183 was in the top ten of all environments, being top two in five of them (~71%). We conclude that it is possible to identify stable and productive hybrids with comparable or better performance than checks hybrids. Based on the WAASBY index, the experimental single cross 92V2183 was the best genotype in terms of stability and performance.

Financial support: CNPq, Capes e FAPEMIG.

Core area: melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea Mays* L., adaptability, WAASB, genotype-environment interaction

Estratégias de seleção e predição de ganho genético nas populações de milho temperado, BS17 e BS26

Carvalho, T. B. ¹; Azevedo, I. D. ¹; Araújo, R. A. ¹; Miranda, L. P. ¹; Pereira, G. S. ¹; DeLima, R. O. ¹

¹Programa Milho UFV, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa - UFV

A seleção de progênies superiores é uma etapa primordial da seleção recorrente. Nessa etapa, as melhores progênies são selecionadas para um (seleção truncada) ou vários caracteres (índice de seleção). Nessa perspectiva, o objetivo desse trabalho foi prever o ganho a ser obtido pela recombinação de 20 progênies superiores nas populações de milho temperado BS17 e BS26 usando duas estratégias: seleção truncada para produtividade de grãos (PG) e seleção simultânea para vários caracteres. Foram avaliadas 100 progênies de meios-irmãos da população BS17 e 150 progênies S_1 da população BS26 em dois locais de Minas Gerais na safra 2021/22. Foi utilizado o delineamento de blocos incompletos (alfa-látice 10x10 e alfa-látice 15x10 para as progênies derivadas das pop BS17 e BS26, respectivamente), com duas repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de 4 metros de comprimento, espaçadas em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram: florescimento feminino (FF, dias) e masculino (FM, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e PG (kg ha⁻¹). As análises estatísticas foram realizadas no software R com modelos mistos. Foram realizadas as estratégias de seleção truncada para PG e seleção para redução de FF e aumento de PG pelo índice FAI-BLUP. O índice seleciona as melhores progênies com base na distância destas com um ideótipo de genótipos com menor ciclo e maior PG. Na seleção com o índice, foram utilizadas as estratégias de seleção com base nos valores genéticos de cada ambiente e com base na média destes. Houve significância ($P < 0,01$) da variância genética para todos os caracteres nas progênies de ambas as populações, logo, nota-se presença de variabilidade genética em ambas as populações e, conseqüentemente, a possibilidade de ganhos satisfatórios em caso de seleção para esses caracteres. Na seleção truncada para PG, foi predito um ganho de PG de 60,51% e 50,80% para as populações BS17 e BS26, respectivamente, porém, houve aumento para os caracteres de arquitetura de plantas e não houve alteração no florescimento, o que é indesejável. Como alternativa à seleção truncada, a seleção pelo índice FAI-BLUP proporcionou ganhos mais equilibrados. Para a população BS17, foi predito um ganho de 45,29% para PG, -1,14% para FF na seleção pela média dos dois ambientes. Na seleção individual para cada ambiente, houve ganhos de 48,31% para PG e -0,65% para FF, em Viçosa, e de 32,00% para PG e -0,45% para FF, em Coimbra. Para a população BS26 foi predito um ganho de 36,77% e -2,64% para PG e FF, respectivamente, quando feita a seleção com base na média dos dois ambientes. Na seleção individual para cada ambiente, em Viçosa houve ganhos de 37,49% e -2,03%, e em Coimbra de 33,08% e -2,13% para PG e FF, respectivamente. Conclui-se que a seleção com base no índice FAI-BLUP é eficiente para seleção de progênies mais produtivas e de ciclo reduzido. A seleção com base nas médias dos ambientes foi mais eficiente para a população BS17 e a seleção com base no valor individual de cada ambiente para a BS26.

Apoio financeiro: CNPq, Capes e FAPEMIG.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays* L, índices de seleção, seleção recorrente, seleção truncada.

Predição de ganho genético e estratégias de seleção na população de milho BR106 em condições contrastantes de nitrogênio

Bicalho, M. F.¹; Salvador, V. M.¹, Ricardino Neto, A. P.¹; Miranda, L. P. de¹, Almeida, P. H. S.¹, De Lima, R. O.¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Agronomia, Viçosa, Minas Gerais, Brasil.

Dentro de um programa de melhoramento de plantas, a seleção recorrente é uma técnica de suma importância para o melhoramento de populações. O programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa empregou essa técnica de melhoramento na população BR106. O objetivo deste trabalho foi prever os ganhos genéticos que serão obtidos pela recombinação das progênies selecionadas da população BR106. Para isso, 200 progênies da população BR106 foram avaliadas em Coimbra -MG, na safra 2021/2022. Nesse local foram conduzidos dois experimentos: um identificado como alto N (AN), no qual foi realizada a adubação nitrogenada no plantio e de cobertura; e outro, identificado como baixo N (BN), no qual foi realizada adubação nitrogenada apenas no plantio. O delineamento experimental utilizado foi blocos incompletos (alfa-látice, 20 x 10) com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, espaçadas em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram: florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). As análises estatísticas foram feitas com o emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP com o auxílio do programa R. A seleção foi conduzida pela seleção truncada para PG e pelo índice FAI-BLUP. O índice possibilita seleção através de ideótipos e com base nos valores genéticos. Os caracteres PG e FF foram considerados na seleção pelo índice, de modo a aumentar PG e reduzir FF. Na análise conjunta, foi observado um efeito significativo para a interação genótipos e ambientes (GxA). Dessa forma, foi realizada a seleção separada para cada ambiente (AN e BN). As progênies superiores serão recombinadas de forma que serão obtidas duas novas versões da população BR106 com melhores adaptações para condições de AN e BN, respectivamente. Na seleção truncada, foi observado um ganho expressivo para PG em BN (32,77%) e respostas indiretas desejadas, de modo a reduzir o ciclo e a arquitetura de plantas (-2,09% e -2,23% para FF e AE, respectivamente). Em AN, a seleção truncada propiciou ganho de 20,77% para PG, porém houve aumento dos caracteres de arquitetura de plantas e os caracteres de florescimento não foram alterados. Enquanto na seleção pelo índice de FAI-BLUP se teve resultados promissores para todos os caracteres. No ambiente de BN, o ganho foi de 29,33% para PG e de -3,68% e -2,35% para FF e AE, respectivamente. Em AN, foi observado ganho de 14,19% para PG, -3,13% para FF e não houve alteração para AP e AE. Dessa forma, os ganhos preditos para as condições de AN e BN foram mais promissores pela seleção com o índice FAI-BLUP. Conclui-se que o índice de FAI-BLUP é uma estratégia eficiente para a seleção de progênies superiores para redução de ciclo e aumento de PG em AN e BN na população de milho BR106.

Financial support: CNPq, Capes e FAPEMIG.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: Seleção recorrente, *Zea mays* L., índice de seleção.

Combining ability among elite inbred lines of tropical maize

Pereira, G. S.¹; Azevedo, I. D.¹; Soares, T. S.¹; Zelenski, J. A.¹; Santana, A. S.¹; DeLima, R. O.¹

¹Maize Breeding Program, Department of Agronomy, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brazil.

Diallel crosses are genetic designs widely used to obtain information in maize breeding programs. Through diallel analysis is possible to estimate the general combining ability (GCA) and specific combining (SCA) among parents, which are associated with additive and non-additive genetic effects, respectively. Moreover, diallel analysis allows the selection of genotypes for the development of new hybrids and breeding populations. Therefore, our objective study was to estimate the combining ability among elite inbred lines of tropical maize. Fifteen elite maize inbred lines were crossed based on a complete diallel scheme. The 105 hybrids and five checks were evaluated across four environments of Minas Gerais in an alpha-lattice design with three replications. We measured days to silking (DTS), ear height (EH, cm), number of kernel rows (NKR), total number of kernels per ear (NKE), one thousand-kernel weight (TKW, g) and grain yield (GY, kg ha⁻¹). Combined diallel analysis across environments was performed and based on the variance components estimates, the narrow-sense heritability (\hat{h}^2), broad-sense heritability (\hat{H}^2), the additive ($\hat{\sigma}_a^2$) and dominance ($\hat{\sigma}_d^2$) components of the genetic variance, the proportion of variance among single-cross hybrids due to GCA ($\hat{\sigma}_{sch/GCA}^2$) and correlation between BLUP values and SCA ($r_{BLUP/SCA}$) were estimated. We found significant differences ($p < 0.05$) for GCA and SCA for all traits across environments. The GCA x environment interactions were significant, while the SCA x environment interactions were not significant for all traits. The overall mean of experimental hybrids were 68 days, 133 cm, 15 kernel rows, 549 kernels per ear, 322.3 g and 9,521 kg ha⁻¹ for DTS, EH, NKR, NKE, TKW and GY, respectively. The additive genetic effects, related to GCA, were preponderant over dominance genetic effects for DTS, EH, NKR and TKW. For these traits the \hat{h}^2 ranged from 0.53 (NKR and TKW) to 0.63 (EH), the \hat{H}^2 from 0.74 (NKR) to 0.91 (DTS), the $\hat{\sigma}_{sch/GCA}^2$ from 0.76 (DTS) to 0.88 (EH) and $r_{BLUP/SCA}$ from 0.45 (EH) to 0.57 (DTS). Therefore, for DTS, EH, NKR and TKW it is possible to apply an intrapopulation recurrent selection program to increase favorable alleles in a population. On the other hand, for NKE and GY, the dominance genetic effects, related to SCA, were preponderant over additive genetic effects. For NKE the estimates of \hat{h}^2 , \hat{H}^2 , $\hat{\sigma}_{sch/GCA}^2$ and $r_{BLUP/SCA}$ were 0.20, 0.80, 0.40 and 0.84, respectively, while for GY the estimates were 0.08, 0.72, 0.21 and 0.94, respectively. Thus, for NKE and GY the hybridization and reciprocal recurrent selection would enhance genetic gains and hybrid performance, since these methods explore heterosis among parents. We concluded that the inbred lines VML131, VML083, VML157, VML062 and VML016 could be promising parents to develop new hybrids and breeding populations of tropical maize targeting tropical environments.

Financial support: CAPES, CNPq and FAPEMIG

Core area: melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays* L., diallel crosses, genetic effects, plant breeding.

Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho desenvolvidos pelo Programa Milho - UFV em condições de segunda safra no Brasil

Isabela Durães Azevedo¹; Rhaí Christy Alves Silva; Davi Nunes Leandro Silva; Vidomar Destro¹; Helber Moreira dos Reis¹; Rodrigo Oliveira DeLima¹

¹ Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG, Brasil.

A interação genótipos x ambientes (GA) é um importante e desafiador fenômeno para os melhoristas, uma vez que, mesmo um cultivar superior em ambientes específicos pode apresentar um baixo desempenho em outras condições. Dada a importância da interação GA na determinação do fenótipo dos indivíduos, é interessante que além de desempenhos gerais, os genótipos possuam desempenhos previsíveis. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi selecionar híbridos de milho desenvolvidos pelo Programa Milho®-UFV para condições de segunda safra, com base em parâmetros de adaptabilidade e estabilidade. Para isso, 44 híbridos simples experimentais e cinco testemunhas (AS1868PRO3, 20A38VIP3, P3898, DKB390PRO3 e VA42B) foram avaliados, na segunda safra de 2022, em três locais representativos das região Centro-Oeste: Santa Helena-GO (SH), Cristalina-GO (CR) e Lucas do Rio Verde-MT (LRV). O delineamento utilizado foi o delineamento de blocos incompletos (*lattice 7x7*) com duas repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,5 m. Os demais tratos culturais foram conduzidos de acordo com o recomendado para as regiões. O caractere avaliado foi produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), obtida pela pesagem dos grãos de todas as espigas de cada parcela, tendo sua massa corrigida para a umidade de 14,50%. Os dados foram submetidos à análise de variância e, posteriormente, à análise de estabilidade e adaptabilidade pelo método de Eberhart e Russel (1966). Os dados seguem distribuição normal. Houve diferença significativa para ambiente, repetição, bloco, híbrido e interação GA ($P < 0,05$). Os coeficientes de variação variaram de 14,2 (SH) a 35,6% (CR). As médias de PG foram de 3.842 kg ha⁻¹ em LRV; 5.965 kg ha⁻¹ em CR e 6.464 kg ha⁻¹ em SH. Os dez genótipos mais produtivos (92V2183, 20A38VIP3, P3898, DKB390PRO3, 90V2002, 91V2007, 92V2033, 93V2072, VA42B, 92V2144) apresentaram adaptabilidade geral ($b_1=1,0$; $P < 0,05$), exceto a testemunha VA42B que apresentou adaptabilidade específica para ambientes favoráveis (SH). Desses híbridos, sete demonstraram alta previsibilidade ($d_i=0$; $P < 0,05$; $R^2 > 0,74$); e dos outros três, as testemunhas 20A38VIP3 e DKB390PRO3 apresentaram baixa previsibilidade ($d_i \neq 0$, $R^2 < 0,60$; $P > 0,05$), e VA42B, apesar de baixa previsibilidade, teve alto coeficiente de determinação ($d_i \neq 0$; $P > 0,05$; $R^2 = 0,82$). Os híbridos 92V2183, P3898, 90V2002, 91V2007, 92V2033, 93V2072 e 92V2144 demonstraram alto desempenho, alta previsibilidade e médias entre 6.567 kg ha⁻¹ (92V2144) e 9.361 kg ha⁻¹ (92V2183). Conclui-se que, dentre os híbridos desenvolvidos pelo Programa Milho®-UFV, foi possível selecionar genótipos potencialmente previsíveis e de ampla adaptabilidade para a região Centro-Oeste em condição de segunda safra, e os híbridos 92V2183 e 90V2002 são promissores para cultivo em segunda safras (PG > 7.000 kg ha⁻¹).

Financial support: CNPQ, FAPEMIG and Capes.

Core area: Melhoramento de espécies anuais

Keywords: *Zea Mays L.*, interação genótipo ambiente, Eberhart and Russel, plant breeding.

SELECTION OF THREE-WAY CROSS HYBRIDS OF TROPICAL MAIZE USING HARMONIC MEAN ACROSS TROPICAL ENVIRONMENTS IN BRAZIL

Almeida; P. H. S¹; REIS; H. M¹; CAIXETA; D.G¹; CASTRO; F. S. P¹; REIS; I. B. P¹,
DeLima; R. O¹

¹Maize Breeding Program UFV, Department of Agronomy, Universidade Federal de Viçosa – UFV

The differential performance of genotypes across environments is an important factor in the selection for a group of environments. Thus, statistical methods must infer about the performance of genotypes. Also, they must allow the selection of those with satisfactory performance in the presence of genotype x environment interaction (G x E). In our study, we aimed to infer about the performance of three-way cross hybrids (TW) of tropical maize and select those with high adaptability and productive stability through harmonic means of the relative performance of the genetic values (MHRPVG). For this, 160 TW developed by Programa Milho - UFV and five commercial checks were evaluated across eight tropical environments in Brazil. Statistical analysis was performed based on mixed models with the grain yield (GY) data. The predicted genotypic values (BLUP) and parameters for inference of the TW were also obtained. With the BLUPs, the ranking of the TW was made through the MHRPVG for the overall environment group and for the macroenvironments considered favorable and unfavorable. The results indicated the presence of genotypic variance between TW as well as significant G x E interaction in all cases. The accuracy of the BLUPs in the combined analysis was 0.85, which indicates the proximity of the real genotypic value. The general mean of the HT in the environments was 8,323 kg ha⁻¹, which led to the formation of favorable and unfavorable macroenvironments, grouping the environments above and below the general means, respectively. Thus, the favorable and unfavorable macroenvironments were composed of five and three environments, respectively. In these scenarios, with the exception of favorable macroenvironments, the TW showed a better performance than the checks. Despite the strong G x E interaction, results of the graphical analysis indicated that there is a large group of HT with stability and adaptability to growing environments, and also that different hybrids can be recommended for specific environments. We concluded that there are hybrids with high yielding performance, stable and adapted to target environments that can be recommended tropical Brazilian environments.

Financial support: CAPES, CNPQ and FAPEMIG

Core area: Annual crop breeding

Keywords: REML/BLUP, genotype x environment interaction, hybrid recommendation.

Genetic potential of tropical maize population UFVM200(HS)C3

Miranda, L. P.¹; Carneiro, L. M. S. ¹; Araújo, R. A. ¹; Uberti, A¹; Bastos, A. J. R. ¹; De Lima, R. O. ¹

¹ Maize Breeding Program, Department of Agronomy, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brazil.

The recurrent selection is a successful breeding scheme used by breeders for increasing favorable alleles of quantitative traits at broad-based populations targeting the development of new varieties. The maize population UFVM200(HS)C3 was developed at Universidade Federal de Viçosa and has been improved through three cycles of recurrent selection. Our objectives were to: i) estimate genetic parameters in the maize population UFVM200(HS)C3, ii) estimate the genetic correlations between evaluated traits and, iii) predict the genetic gains by recombining the selected progenies. For this, 200 S1 progenies of population UFVM200(HS)C3 were evaluated across two locals, at Viçosa and Coimbra (MG), during 2021/2022 season. In both locals, the trial was laid out in an alpha-lattice incomplete design with two replications. Each plot was a single 4 m row, with rows spaced 0.80 m apart. We evaluated five traits: days to pollen (DTP) and to silking (DTS), plant height (PH, cm), ear height (EH, cm), and grain yield (GY, kg ha⁻¹). A mixed model approach was used to estimate variance components, and genetic gains of the 20 progenies for recombining was predicted based on GY per se and multiple traits using a selection index. FAI-BLUP index was used to select superior progenies based on an ideotype design. Selection was carried out to reduce flowering time (DTS) and increase GY, and selection was performed based on each local and across locals. The genetic correlation between traits was estimated. Our results showed that there was large phenotypic variation for all traits at each location and across locations. Variance components due to progenies were highly significant ($P < 0.01$) based on the likelihood ratio test for all traits at each local and across locals. Variance components due to progenies x locals were not significant for all traits. The estimates of broad-sense heritability were high and ranged from 0.57 (EH) to 0.80 (DTP). The genetic correlations between GY and flowering traits were positive (0.39 and 0.13 for DTP and DTS, respectively), which is not suitable for selection of high-yielding and earlier progenies. EH and PH were highly positively correlated with GY (0.66 and 0.57 for PH and EH, respectively). Hence, the selection based on GY per se increased GY by 13.37%, and PH and EH by 1.78% and 2.66%, respectively, with no change for flowering time. In contrast, the selection based on index values across locals that included GY and DTS reduced days to flowering (-1.49%) and increased GY by almost 10%, with no changes in plant height. We concluded that there is genetic variability in the maize population UFVM200(HS)C3 and, also, the selection based on index values across locals is the best breeding strategy to improve UFVM200(HS)C3 for increasing yield and reducing cycle.

Financial support: Capes, CNPq and FAPEMIG.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays L.*, recurrent selection, selection index.

Seleção de híbridos experimentais de abóbora Tetsukabuto para qualidade biométrica de frutos

Costa, A. L. da¹; Andrade Júnior; V. C. de¹; Azevedo, S. M. de¹; Brito, O. G.¹; Silva, J. C. de O.¹; Oliveira, M. E. F. de¹; Silva, E. A. da¹; Bueno Filho, J. S. de S.²

¹Departamento de Agricultura, Universidade Federal de Lavras - UFLA

²Departamento de Estatística, Universidade Federal de Lavras – UFLA

O melhoramento genético da abóbora Tetsukabuto, híbrido interespecífico oriundo do cruzamento entre a *Cucurbita maxima* e a *Cucurbita moschata*, visa desenvolver genótipos superiores aos existentes no mercado, com boas características produtivas e qualitativas. Com isso, objetivou-se selecionar híbridos experimentais de abóbora Tetsukabuto com elevada qualidade morfológica de frutos. O experimento foi conduzido no Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia (CDTT-UFLA), no município de Ijaci, Minas Gerais, no ano de 2021. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com três repetições e seis plantas por parcela. Os tratamentos consistiram em 25 híbridos interespecíficos, sendo 22 experimentais e três testemunhas (Takayama, Kanda e Jabras). Como polinizadores foi realizado o plantio da abóbora Samantha e da moranga Exposição. As colheitas dos frutos foram realizadas conforme o completo desenvolvimento de cada híbrido, visto que possuíam diferentes níveis de precocidade. Assim, as colheitas variaram de 105 a 145 dias após o transplante. Avaliaram-se em cada parcela o peso médio de frutos (kg fruto^{-1}), resultante do peso total de frutos (kg) dividido pelo somatório de frutos colhidos na parcela; o tamanho de fruto foi avaliado por meio de notas, atribuindo-se notas de 1 (muito ruim) a 5 (muito bom). A característica de tamanho de fruto foi avaliada pelo modelo misto ordinal ProBit. Realizou-se a análise de variância e os tratamentos foram ranqueados pelo modelo linear generalizado misto via REML/BLUP. Para o peso médio de frutos, as estimativas REML/BLUP variaram entre -0.24 e 0.19, em que 14 híbridos experimentais foram superiores à média geral dos tratamentos ($1.68 \text{ kg fruto}^{-1}$), inclusive destacando-se das testemunhas avaliadas. Os melhores híbridos apresentaram uma média de peso médio de frutos estimado em $0.08 \text{ kg fruto}^{-1}$ acima da média geral, enquanto nas testemunhas a média do peso médio de frutos foi $1.13 \text{ kg fruto}^{-1}$ menor em relação à média geral. Já para o tamanho de fruto, as estimativas variaram de -1.01 a 1.37, sendo que 11 híbridos experimentais apresentaram estimativas acima da média geral. Estes melhores genótipos tiveram nota média de 4.36, superior à média geral (4.16) e ao observado para as testemunhas (4.00). Os híbridos HE-08, HE-09, HE-10, HE-12, HE-17 e HE-35 foram os que apresentaram melhores características de fruto, destacando-se em ambos os caracteres avaliados e superiores às cultivares comerciais. Portanto, a seleção destes híbridos apresenta elevado potencial de lançamento para mercado de abóbora híbrida.

Financial support: CAPES (Código de Financiamento 001) e CNPq.

Core area: Melhoramento de espécies anuais

Keywords: *Cucurbita* sp., biometria, experimentação agrícola, melhoramento vegetal.

Diversidade e correlação entre caracteres em híbridos simples de milho da UFV em condições contrastantes de N

Zelenski; J. A.¹, Bicalho; M. F.¹, Antonucci; O. de O.¹, Destro; V.¹, Bastos; A. J.¹, Lima; R.O.¹

¹Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG

O milho (*Zea mays* L.) é o cereal mais produzido no mundo, e o nitrogênio (N) o nutriente consumido em maiores quantidades pela cultura. Portanto, há demanda em desenvolver híbridos com maior eficiência no uso de N. O estudo da correlação entre caracteres agronômicos e análise de diversidade genética apresentam grande importância no melhoramento genético de plantas, pois auxiliam identificar caracteres úteis para seleção dos genótipos em ambientes contrastantes e os grupos de genótipos mais semelhantes. Para isso, 44 híbridos de milho desenvolvidos pelo Programa Milho-UFV e cinco testemunhas foram avaliados na UEPE-Coimbra, na safra 2021/2022. Foram conduzidos dois experimentos: um em condições normais de adubação de N (AN) e outro em condições de estresse por baixo N (BN). Para ambos, foi utilizado delineamento de blocos incompletos (látice 7x7), com duas repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de quatro metros, espaçadas em 0,8 m. Os caracteres avaliados foram dias até o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), intervalo entre FF e FM (IF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), comprimento de espiga (CE, cm), número de fileiras da espiga (NFE), número de grãos na espiga (NGE), profundidade de grão (PROF, mm), massa de mil grãos (MMG, g), produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Foram realizadas MANOVA e uma análise de correlação de Pearson entre os caracteres avaliados. Com base nos dados fenotípicos, estimou-se a distância de Mahalanobis entre os híbridos, posteriormente, foram agrupados pelo método UPGMA. Houve efeito ($P < 0,05$) de genótipo, ambiente e interação GxA para todos os caracteres. Em AN observou que FM, AP, CE NFE, NGE, PROF e MMG apresentaram correlações significativas ($P < 0,05$) e positivas com PG, entre 0,27(NFE) a 0,36(MMG). Em BN foi observado correlações positivas significativas ($P < 0,05$) de CE, NGE, MMG com PG, entre 0,25(NGE) a 0,36(MMG), e negativas significativas com FF e IF de -0,35 e -0,38 respectivamente. Na correlação entre ambientes, apenas o caractere PG não foi significativo ($P < 0,05$) os outros caracteres variaram de 0,29(MMG) a 0,74(FF). Os híbridos foram alocados em sete grupos em AN e BN. Devido a interação GxA significativa ($P < 0,05$) houve distinção entre os grupos formados em cada ambiente. No entanto, os híbridos 92V2033, 91V2007, P3898 e 92V2183 estão dispostos nos mesmos grupos em ambos ambientes, com diferença que em AN o híbrido 92V2153 também faz parte deste agrupamento. Estes materiais apresentam as maiores médias de NFE em ambos locais. A variação do agrupamento dos híbridos de acordo com o ambiente e as diferentes correlações entre pares de caracteres em termos de significância, magnitude e sinal em cada ambiente, demonstram a influência da limitação de N no desempenho dos caracteres agronômicos dos materiais avaliados. Assim, conclui-se que há divergência genética nos híbridos avaliados e que os caracteres FM, AP, CE NFE, NGE, PROF e MMG foram correlacionados com PG em AN, e CE, NGE, MMG, FF e IF em BN. Os caracteres FM, FF, IF, AP, AE, CE, NFE, NGE, PROF e MMG apresentaram correlação entre AN e BN.

Financial support: CAPES, CNPq.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: *Zea mays* L, nitrogênio, estresse abiótico.

Morphological seed traits to grain yield selection in maize: an imaging technology approach

Santos, H. R. A.¹; Oliveira, J. S.¹; Barreto, M. S. R.¹; Ferreira, K. P. F.¹; Santos, M. R.¹; Aragão, J. V. S.¹; Martins, L. T.¹; Santos, J. F. S.¹; Cordeiro Junior, J. J. F.¹; Oliveira, G. H. F.¹

¹Universidade Federal de Sergipe - UFS

Image technology has been used to select the best genotypes in breeding programs, in terms of grain yield potential and other related traits. This technology allowed us to study the breeding population in all aspects of vegetative and reproductive stage with no destructive sample. Moreover, some traits like in seed stage, are difficult to measure, consume time and human resources. Thus, the aim of this study was to relate complex seed traits extracted from image to grain yield field performance to validate maize genotype selection potential from seed image analysis. For this, two experiments were carried out under laboratory conditions, at the Federal University of Sergipe, Campus do Sertão, Nossa Senhora da Glória - Sergipe and field trial in the experimental area of the Sanitation Company of the State of Sergipe (DESO) in Nossa Senhora das Dores – Sergipe, in 2022-year harvest. We used 10 commercial varieties as genitors, 45 intervarietal hybrid diallels and five commercial varieties as check. Complex seed traits as area, perimeter, diameter, solidity, eccentricity, and circularity were analyzed and processed with pliman R-package. The image collection was performed on a RGB smartphone camera (48 megapixel) with a tripod support using blue paper as a background for image contrast in four samples from each genotype. We considered 50 seeds in each sample and analyzed as mixed model design RCBD using metan R-package. The genotypes were planted in a field trail and the grain yield was evaluated in RCBD design. We performed the variance analysis and the genetic parameters as genetic variance, heritability and select accuracy for seed complex traits. The Blups were used to select the best genotype with the highest genotype value of the seed traits to compare with the grain yield assessed in the field condition. We observed high genetic variability among traits obtained from image, suggesting that we have sensibility to perform selection of potential genotypes in still seed stage. High heritability index was observed for the variables analyzed (area = 0.91, perimeter = 0.85, diam = 0.91, eccentricity = 0.93, solidity = 0.49, circularity = 0.69) for all complex seed traits. In addition, the solidity suggesting a complex genetic control of this trait. We understand that large seeds would accumulate more energy reserves to provide a healthy seedling performance in terms of germination and allowed to tolerate the most important weather at the field condition. But large seeds depend on how those traits combining each other to give seed a healthy necessary to a good germination and such. The Blup (grain yield) allowed select commercial variety as a potential genitor that would be used in diallel cross screening. When comparing the seed imagery traits output with grain yield, the G-53 and G-44 genotypes presenting high grain yield and best result from seed traits captured from image. The applied image methodology was considered adequate for estimate seed complex traits. More studies, in terms of genotypes selection should be done to provide an accuracy and efficient breeding process in a maize breeding program.

Financial support: Foundation for Support for Research and Technological Innovation of the State of Sergipe - Fapitec-SE.

Core area: Melhoramento de espécies anuais.

Keywords: Selection of images, plant breeding; *Zea mays* L.

Seleção de híbridos e variedades de sorgo (*Sorghum bicolor*) destinados à produção de bioenergia

Cavallin, I. C.¹; Rodrigues, B. K. A.²; Figueiredo Junior, J. M. M.³; Reis, I. M. D.², Santos, C. V. dos⁴; Parrella, R. A. C.¹

¹ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Milho e Sorgo)

² Universidade Federal de São João del-Rei – UFSJ Campus Sete Lagoas

³ Universidade Federal de Lavras – UFLA

⁴ Universidade Federal de Viçosa - UFV

Dentre as finalidades de uso do sorgo, podemos destacar o sorgo biomassa e sacarino, destinados a produção de bioenergia e etanol. O sorgo serve de matéria-prima para a queima direta na geração de vapor e produção de etanol, além de ser utilizado nas entressafras da cana-de-açúcar, e, na substituição da lenha do eucalipto nos processos de queima da geração de termoenergia. Para esse fim, destaca-se a importância das altas produtividades de biomassa verde e seca, além de altas concentrações de lignina no colmo (LIG) e elevado poder calorífico (PCS) são desejáveis na queima para cogeração de energia. Com o objetivo de avaliar o potencial de utilização do sorgo para a geração de energia, foi realizado um experimento com 120 híbridos e variedades de sorgo sacarino e biomassa na fazenda experimental da Embrapa Milho e Sorgo no município de Sete Lagoas-MG, na safra de 2021/2022. Empregou-se o delineamento em blocos casualizados com três repetições, calculou-se o PMV a partir do peso de massa verde total, obtido em campo e extrapolado para produtividade por hectare; Através do equipamento de Espectrometria no Infravermelho Próximo (NIR), foram realizadas análises tecnológicas de composição centesimal e determinou-se o teor de lignina (%) e o poder calorífico superior (Kcal.kg⁻¹) para cada tratamento. Realizou-se a variância e teste de agrupamento de médias Scott-Knott ($p < 0,05$), e posteriormente, através do índice de seleção de soma de ranks (Mulamba e Mock, 1978), com intensidade de seleção de 10%, foram selecionados os 12 melhores genótipos e estimado o ganho de seleção para as três características avaliadas. As análises estatísticas foram realizadas no software estatístico GENES®. Os resultados obtidos através do experimento mostram diferença significativa ($F > 0,01$) para todas as características avaliadas. O coeficiente de variação para as características avaliadas demonstrou boa precisão experimental, sendo os valores de 0,87% a 18,55%. A herdabilidade para a PMV foi de 85,59%, seguida de 71,73% e 56,30% para o teor de lignina e poder calorífico, respectivamente. A média dos genótipos selecionados foi de 62,48 t.ha⁻¹ de PMV, 4,39% de lignina e 3880,70 kcal.kg⁻¹ de poder calorífico superior. Com isso, obtivemos um ganho com a seleção de 19,3% para o PMV, 21,84% para LIG e 0,7% para o PCS, demonstrando grande expressividade de ganhos. Destacamos que o experimento foi realizado em segunda safra, onde o fotoperíodo é curto, ou seja, inferior 12 horas, o que comumente provoca uma redução na produtividade e porte dos genótipos. Os 12 híbridos e variedades experimentais selecionados foram: 20, 16, 19, 24, 30, 15, 18, 21, 12, 4, 10 e 14. É importante enfatizar que os genótipos selecionados foram superiores a testemunha BRS716 em todas as características avaliadas. Portanto, conclui-se que os novos genótipos avaliados obtiveram resultados relevantes, com grande potencial para a utilização na indústria de bioenergia.

Financial support: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)
Core area: Melhoramento de espécies anuais

Keywords: *Sorghum bicolor*, sacarino, biomassa, poder calorífico, lignina.

Análise de rede de correlações entre caracteres agronômicos em um painel de linhagens de milho avaliado em condições contrastantes de nitrogênio

Cruz, C. E. O.¹; Carvalho, T. B.¹; Soares, T. da S.¹; Santana, A. S.¹; Caixeta, D. G.¹; DeLima, R. O.¹

¹Programa Milho®, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa

O conhecimento das correlações entre caracteres possibilita uma melhor compreensão dos padrões existentes em um programa de melhoramento, além de permitir a seleção indireta de caracteres de difícil mensuração ou que apresentam baixa herdabilidade. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar redes de correlações genotípicas entre caracteres agronômicos e identificar quais podem ser utilizados na seleção indireta de linhagens de milho em condições contrastantes de nitrogênio (N). Para isso, um painel de 180 linhagens de milho foi avaliado na UEPE Coimbra em dois ambientes, na safra 2020/2021: alto N (184,4 kg ha⁻¹ de N) e baixo N (30,4 kg ha⁻¹ de N) nitrogênio. O painel foi avaliado em delineamento de blocos incompletos (alfa-látice 23x8), com três repetições. Foram avaliados caracteres de arquitetura de planta, componentes de produção e produtividade de grãos. Os valores genéticos preditos por modelos mistos de cada linhagem para cada caractere foram utilizados para estimar a matriz de correlação de Pearson para cada ambiente. As redes de correlações genotípicas foram construídas com o pacote R *qgraph*. Das correlações estimadas em alto N, 66 foram significativas ($P < 0,01$). A correlação de maior magnitude positiva observada foi 0,89, entre florescimento masculino (FM) e feminino (FF). Outras correlações de alta magnitude também foram encontradas entre número de nós abaixo da espiga e altura de espiga (0,82), número de grãos por fileira e número de grãos totais na espiga (0,79), e entre altura de planta e altura de espiga (0,79). A produtividade de grãos (PG) apresentou correlação significativa com sete caracteres de arquitetura de planta e com seis caracteres de componente de produção. Quanto ao baixo N, 43 correlações foram significativas ($P < 0,01$), sendo entre FM e FF a de maior magnitude (0,85). A PG apresentou correlação significativa com dois caracteres de arquitetura de planta e cinco caracteres de componente de produção. A rede de correlação mostrou que caracteres de arquitetura de planta e caracteres de componentes de produção formam agrupamentos consistentes. Em ambos os ambientes, a PG apresentou maior associação com número de grãos por fileira e número total de grãos. Portanto, conclui-se que estes caracteres podem ser utilizados para a seleção indireta de PG.

Apoio financeiro: CNPq, CAPES, FAPEMIG

Área de concentração: Melhoramento de espécies anuais

Palavras-chave: *Zea mays*, seleção indireta, análise multivariada

Spatial trend correction: Changes in the ranking of soybean cultivars

Pereira, G. R.¹; Araújo, M. S.¹; Chaves, S. F. S.¹; Alves, A. K. S.¹ Costa, A. L.¹ Bezerra, A. R.² Dias, L. A. S.¹

¹ Laboratório de Agroenergia, Department of Agronomy, Universidade Federal de Viçosa - UFV

² Fundação MS, Mato Grosso do Sul

Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] is a crop of great economic importance, due to its high levels of protein and oil. In soybean breeding, experiments are carried out in experimental designs in order to predict the genotypic values of individuals. These designs make it possible to isolate the environmental variability, so that the best genotypes can be selected. However, this environmental variation is not totally isolated in the evaluation of treatments/genotypes and can inflate the error variance. This problem can be circumvented by the use of robust statistical analyses, such as spatial analysis. This analysis uses data from individual plots and allows for a separate spatial covariance structure and error variance for each observation. We evaluated the potential of a robust spatial model to correct grain yield data from a trial of soybean cultivars. In this way, the spatial trends and the prediction of genotypic values were measured by the change in the ranking of the genotypes, when comparing the basic model with the spatial one. The trial was installed in Maracaju, MS, in a randomized complete block design with three replications. The total plot consisted of five lines of 12 meters in length, spaced 0.5 m apart. The useful plot was formed by three central lines of 11 m. The treatments were represented by 58 genotypes in the 2021/22 crop year. The basic model and the spatial model were compared regarding the estimates of the Akaike (AIC) and Bayesian (BIC) information criteria proposed by Verbyla. Subsequently, the significance of the models was evaluated using the likelihood ratio test (LRT). In addition, the Spearman correlation coefficient was calculated between the models and the coincidence index (CI) and heritability, based on genotypic values (BLUP's). The use of the spatial model improved the heritability estimate, reducing the variance estimates of the prediction errors, based on the lower values of AIC (2290.52) and BIC (2312.39). There was a change in the ranking of the ten best genotypes, with a correlation of 0.64 and a CI of 0.62. Thus, the use of the spatial model improved the estimates of genotypic values, bypassing the spatial heterogeneity.

Financial support: FAPEMIG, CAPES, CNPq e Fundação MS

Core area: Plant breeding

Keywords: spatial analysis, prediction of genotypic values, heritability, heterogeneity e grain yield.

Análise via componentes principais para o estudo do potencial de cruzamentos e genitores de soja para produtividade e peso de grãos

Martiniano, J. F¹; Silva, F.L²; Sagae, V. S³, Santos, S. P³, Cunha, P. U⁴, Paula, B. S⁴ Rosmaninho, L. B. C³

¹Estudante de Agronomia, Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. E-mail: jean.martiniano@ufv.br; ²Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. E-mail: felipe.silva@ufv.br; ³Estudante de Doutorado em Genética e Melhoramento, Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. E-mail: vitor.sagae@ufv.br, samiria.santos@ufv.br, lucas.rosmaninho@ufv.br; ⁴Estudante de Mestrado em Genética e Melhoramento, Laboratório de Genética da Soja, Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa. E-mail: uilton.cunha@ufv.br, bruna.s.paula@ufv.br.

Nos últimos 30 anos a produtividade da soja brasileira saltou de 20,1 milhões de toneladas para 125,5 milhões de toneladas. Esse acréscimo na produtividade se deve em parte aos esforços dos programas de melhoramento genético, que por meio do cruzamento de genitores com boa complementaridade genética, bom desempenho per se, e alta frequência de alelos favoráveis, desenvolvem materiais de desempenho superior. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial dos cruzamentos de soja para produtividade e peso de 100 grãos por meio da análise de componentes principais. O ensaio foi composto por 2520 famílias F3:4, oriundas de 84 populações obtidas sob o esquema de dialelo parcial (14x8), utilizando os genitores: 16-11,16-4,16-8, 25-1, 25-3, 28-1, 28-2, BMX_Compacta, BMX_Lança, BMX_Zeus, M6410, NS_6909, TMG_7061, TMG_7062 e TMG_7063, avaliadas em duas localidades (Madre de Deus-MG e Capinópolis-MG) durante a safra 2021/2022, em delineamento de blocos aumentados com cinco cultivares comerciais como testemunhas (57i59RSF IPRO, M5838 IPRO, NEO610 IPRO, M6410 IPRO e 66i68RSF IPRO). Cada parcela foi constituída por uma linha de um metro, espaçadas a 0,5 m entre si. As variáveis analisadas foram produtividade de grãos (PROD) e o peso de 100 grãos (PCG) em gramas. Para verificar quais cruzamentos foram mais promissores, e quais parentais contribuíram com os cruzamentos em que participaram, foi realizada a análise via componentes principais (ACP), utilizando a média das famílias de cada cruzamento, e uma análise considerando a média dos genitores em cada cruzamento em que ele participou dentro do dialelo. O critério para definição dos melhores cruzamentos e parentais superiores foi formado pelos valores de eixo de X de +2 até -2, e -2 no eixo Y no caso da análise para os cruzamentos. Para a análise de ACP dos parentais considerou-se os valores de 0 a +5 no eixo X, e 0 no eixo Y. Os cruzamentos BMX_Compacta/16-8, BMX_Zeus/16-8, TMG_7061/TMG_7062 e NS_6909/16-4 foram os mais promissores para a obtenção de linhagens com maior PROD e PCG. Os genitores com melhores contribuições para ambas as características de acordo com a análise de componentes principais foram os genótipos 16-4, 16-8, TMG_7062, 16-11 e BMX_Compacta. Os cruzamentos citados podem ser utilizados para recombinação a fim de se obter populações melhoradas para os caracteres avaliados, e os parentais em destaque podem ser utilizados para obtenção de populações base. Dessa forma, a análise via componentes principais é uma ferramenta útil para verificar quais cruzamentos são mais promissores e para selecionar bons genitores para produtividade e peso de 100 grãos.

Apoio financeiro: Capes, Cnpq, Fapemig, Funarbe.

Área de atuação: Melhoramento de espécies Anuais.

Palavras chaves: Glycine max, Melhoramento vegetal, Análise multivariada, Seleção recorrente

Comparação de métodos de seleção de plantas em populações segregantes de soja

DePaula, B.S.¹ ; Del Conte, M.V.² .; Cunha, U.P.³; Sagae, V.S.⁴; DEON, M.⁵ ;CARNEIRO, P.C.S.⁶; SILVA, F.L.⁷

¹Universidade Federal de Viçosa- Departamento de Agronomia, bruna.s.paula@ufv.br

²GDM Genética Brasil, mconte@dmseeds.com

³Universidade Federal de Viçosa- Departamento de Agronomia, uilton.cunha@ufv.br

⁴Universidade Federal de Viçosa- Departamento de Estatística, vitor.sagae@ufv.br

⁵Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Café), marcos.deon@gmail.com

⁶Universidade Federal de Viçosa- Departamento de Biologia Geral, carneiro@ufv.br

⁷Universidade Federal de Viçosa- Departamento de Agronomia, felipe.silva@ufv.br

O uso dos valores de BLUPI- Best Linear Unbiased Prediction Individual é considerada a metodologia ótima para seleção de plantas em populações segregantes, como por exemplo em soja. Contudo, o emprego dessa metodologia é dificultado pelo alto número de populações desenvolvidas na maioria dos programas de melhoramento. Neste sentido, há necessidade de buscar metodologias que visem, de maneira mais prática, realizar a seleção de plantas individuais nas populações segregantes. Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo comparar diferentes metodologias de seleção de plantas dentro de populações segregantes F2 de soja. Em condições de casa de vegetação foram desenvolvidas 16 populações, via hibridação artificial em esquema de dialelo parcial. O dialelo foi constituído por dois grupos de genitores, sendo o primeiro grupo composto por cinco cultivares e o segundo por quatro cultivares. As populações F2 e seus genitores foram avaliadas no Município de Cajuri-MG, em experimento sob delineamento de blocos casualizados com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro linhas de 5 m, espaçadas a 0,5 m. Em cada parcela, foram colhidas 24 plantas das linhas laterais para quantificar a massa de grãos planta⁻¹ afim de obter a predição dos valores genéticos dos indivíduos (BLUPI) avaliados e computar as estimativas de ganho para as modalidades de seleção de população segregante estudadas. Enquanto as duas linhas centrais de cada parcela foram colhidas em bulk para estimar a produtividade, visando ranquear as populações e aplicar as modalidades de seleção. Para estimar ganho genético oriundo da seleção de plantas dentro das populações F2, foram adotadas três modalidades de seleção: E1 (BLUPI: seleciona os indivíduos com melhor valor genético individual independente da população), E2 (Amostragem: amostra os indivíduos em todas as populações em mesma proporção) e o E3 (BLUPIISM -gcec: amostra os indivíduos em número indicado pelo índice nas populações de maior valor de capacidade específica de combinação). Além disso, foram consideradas três diferentes taxas de seleção (TS), sendo elas de 5%, 10% e 15%. Como era de se esperar, as maiores estimativas de ganho com a seleção foram obtidas pela modalidade E1, variando de 9,99% e 13,01% para 15% e 5% de TS, respectivamente. A modalidade E3 apresentou ganhos de 3,20% e 2,99% para 15% e 10% de TS, respectivamente. Já a modalidade E2 apresentou ganhos negativos variando entre -1,21% e -0,77% para 15% e 5% de TS, respectivamente. A partir dos resultados apresentados concluímos que, apesar da metodologia E1 proporcionar o maior ganho com a seleção, vale ressaltar que, em maior número de populações segregantes avaliadas, o seu uso é inviável. Todavia, a metodologia BLUPIISM com uso de valores de capacidade específica de combinação das populações (metodologia E3) favoreceu a obtenção de ganhos satisfatórios com a seleção, sendo

essa considerada facilmente aplicada em programas de melhoramento. Por fim, a metodologia de amostragem aleatória de plantas F2 (E2) não foi uma estratégia de seleção eficiente, pois ela apresentou valores de ganho negativo.

Financial support: FUNARBE, CAPES, CNPQ, FAPEMIG
Core area: Melhoramento de culturas anuais

PALAVRAS-CHAVE: Metodologia de modelos mistos, melhoramento da soja, ganho genético

5. MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Avaliação da produtividade comercial de novos materiais obtidos de cruzamentos de batata doce.

Manfio, C. E^{1.}; Alves, D. P^{2.}; Wamser, G. H²

¹Laboratório de Biologia Molecular da Estação Experimental de Itajaí, EPAGRI

² Estação Experimental de Ituporanga, EPAGRI

A batata-doce é um alimento produzido principalmente por pequenos agricultores, os quais dispõem de recursos limitados e solos periféricos. Nestas condições, o montante da safra e a disponibilidade comercial dos tubérculos estão associados à somatória de pequenas produções. Porém, o potencial produtivo por área logrado pelos pequenos produtores está abaixo da média obtida por grandes produtores em países desenvolvidos. Neste aspecto, é importante ressaltar que há uma janela de possibilidades para que o pequeno produtor possa alcançar maior rendimento com a adoção de melhorias em relação ao manejo de cultivo, bem como na disponibilidade de ramas-sementes geradas a partir de cultivares provenientes de melhoramento genético. Objetivou-se avaliar a produção comercial de novos materiais obtidos de cruzamentos de batata doces promissoras. O experimento foi realizado em blocos casualizados com 10 tratamentos (uma cultivar comercial (SCS368 Ituporanga e nove novos materiais (17162, 17025, 17107, 17052, 17125, 18205, 18114, 18401, kati_roxa)), três repetições e, sete plantas por parcela, sendo as cinco plantas centrais avaliadas para a característica produção comercial. Para separação dos materiais foi realizada análise de variância e o teste de médias de Tukey a 5% de probabilidade de erro, com a utilização do aplicativo computacional R. Houve efeito significativo para os tratamentos, seis dos nove novos materiais foram superiores em relação a cultivar e dois não diferiram dela. O material 17162 foi o que produziu comercialmente mais (75,15 ton.ha) diferindo dos demais materiais (entre 35,88 a 55,47 ton.ha). A cultivar comercial teve uma produção de 31,67 ton.ha , não diferindo dos materiais kati_roxa e 18401 (30,94 e 27,45 ton.ha , respectivamente). Os novos materiais obtidos de cruzamentos de batata doce mostram promissores em relação a avaliação de produtividade comercial, foi considerada tubérculos comerciais todos os que apresentaram peso entre 50gr a 500gr, critério esse que atende tanto a demanda de consumidores urbanos, como rurais. A produtividade comercial de sete novos materiais obtidos de cruzamentos foi superior a cultivar comercial, ressaltando a importância dos programas de melhoramento para esta cultura.

Palavras-chave: Variabilidade genética, Seleção, Diversidade, ipomea batatas

Divergência genética entre pimenteiras (*Capsicum* spp.) utilizando análise multivariada

Silva, M. R.¹.; Torres, B. S.².; Silva, R. N. O.³

¹Laboratório de Análises e Pesquisas em Estatística Aplicada, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa - UFV

²Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação – UFPI/CAFS

³Professor Adjunto da Universidade Federal do Piauí, *campus* Amílcar Ferreira Sobral – UFPI/CAFS

Pimentas e pimentões do gênero *Capsicum* L. possuem ampla diversidade genética principalmente em relação à cor, forma, aroma e tamanho dos frutos. O Brasil é um importante centro de diversidade do gênero. Para que a utilização desses recursos genéticos seja feita de forma eficiente é importante estudos que visem avaliar a existência da variabilidade genética, que por sua vez facilitam a seleção de materiais genéticos superiores. Estes estudos podem ser por meio da utilização de descritores morfológicos e morfo-agronômicos, que são ferramentas importantes, pois estimam a variabilidade existente entre os indivíduos. Os descritores podem ser avaliados por técnicas multivariadas como análise de componentes principais (PCA) e o método proposto por Singh que são amplamente utilizadas para auxiliar o pesquisador na seleção de genótipos superior. Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre genótipos de *Capsicum* oriundos da coleção de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí. Foram analisados 26 genótipos de pimenteiras (*C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens*), com três repetições e uma planta por parcela, empregando delineamento inteiramente casualizado. Para tal, foram utilizados 13 caracteres quantitativos. Os dados foram submetidos a análise multivariada via componentes principais, obtendo-se em seguida gráfico de dispersão *Biplot*. A importância relativa dos caracteres foi verificada utilizando o método de Singh. As posições relativas dos genótipos considerando os dois primeiros componentes (76,31% da variação), mostraram que os genótipos GEN40, GEN53 e GEN75, ambos pertencentes a espécie *C. annuum*, possuem menores valores para altura da planta, dias para floração, largura e comprimento do fruto. Estes atributos conferem aos referidos genótipos valor ornamental. O GEN07 (*C. chinense*) tem menor valor médio para comprimento do fruto (9,90 mm). Já o GEN37 (*C. annuum*) e GEN12 (*C. chinense*) são mais tardios variando entre 147 e 155 dias para floração e 160 a 103 dias para frutificação. Na análise de Singh, os caracteres que mais contribuíram para diversidade genética foram largura de fruto (42,6%), largura da folha (14,4%), altura de planta (11,3%) e comprimento do fruto (7%). Os demais caracteres, como comprimento do pedicelo e comprimento da folha, exibiram pouca ou quase nula contribuição. Dessa forma, sugere-se o descarte destes em experimentos posteriores. Foi possível verificar a existência da divergência genética. Os indivíduos GEN40, GEN53 e GEN75 constituem genótipos com potencial ornamental e podem ser empregados em programas de melhoramento genético.

Apoio: Universidade Federal do Piauí, *Campus* Amílcar Ferreira Sobral – UFPI/CAFS.

Área de concentração: Melhoramento de espécies perenes.

Palavras-chave: Componentes principais, Melhoramento genético, Variabilidade genética.

Rendimento de palmito de palmeira-real-australiana de plantas provenientes de sementes de *bulks* com diferentes proporções

Mariguele, K. H¹

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri)/ Estação Experimental de Itajaí (EEI)

Em Santa Catarina, o cultivo da palmeira-real-australiana (*Archontophoenix alexandrae* H.Wendl; Drude) é tradicionalmente realizado por pequenos produtores. Essa atividade econômica surgiu, a partir dos anos 90, como alternativa à exploração extrativista da palmeira juçara (*Euterpe edulis* Mart.), que é nativa da Mata Atlântica. Apesar de importante, ainda não existem populações melhoradas. Por isso, observa-se uma grande variabilidade quanto à fitometria das plantas nas áreas dos produtores. Adicionalmente, pela biologia floral, a geitonogamia ocorre entre diferentes cachos da mesma planta devido à protandria, conforme descrito para várias espécies de palmeiras. Desse modo, a hipótese era que a endogamia proporcionava a formação de plantas com altura, diâmetro e rendimento de palmito inferior às provenientes de cruzamento. Por isso, o objetivo deste trabalho foi comparar o rendimento total de palmito a partir de plantas provenientes de sementes de *bulks* com diferentes proporções. Uma vez que, as sementes formadas no primeiro podem ter sido provenientes de autofecundação. No ano de 2017, os cachos foram colhidos, individualmente, do Pomar de Produção de Sementes da Estação Experimental de Itajaí (EEI), que é formado por 212 plantas. Após a colheita, foram formados quatro *bulks*: a) istura com 300 g de sementes dos primeiros cachos de todas as plantas; b) mistura da sobra das sementes dos primeiros cachos; c) mistura com 300 g de sementes dos segundos cachos de todas as plantas; e d) mistura da sobra das sementes dos segundos cachos. Em 2018, o experimento foi instalado, na EEI, em delineamento de blocos casualizados com 10 repetições e 20 plantas por parcela, no espaçamento 1,5 x 0,6 m. Finalmente, em 2021, as plantas foram avaliadas quanto à altura e ao diâmetro, e colhidas para obter o rendimento total de palmito. As análises estatísticas foram realizadas no R. A partir pacote ggplot2, foram obtidos os valores médios e os respectivos intervalos de confiança com 95% de probabilidade. Não houve diferença significativa entre plantas provenientes de sementes do primeiro ou do segundo cacho, cujos valores médios foram de 2 m, 10 cm e 331 g, respectivamente, para altura de planta, diâmetro de planta e rendimento total de palmito. Portanto, com o tamanho amostral usado e nas condições deste estudo não foi identificada diferença entre os tratamentos avaliados.

Financial support: FAPESC

Core area: Melhoramento de espécies perenes

Keywords: *Archontophoenix alexandrae*, variabilidade, fitometria

SELEÇÃO DE CLONES DE EUCALYPTUS

Barros, L. B¹.; Ribeiro, R. H. L. ¹; Moreira, M. Q. ¹

¹Departamento de Biologia, Universidade Federal de Lavras - UFLA

A seleção clonal em *Eucalyptus* ssp. é realizada a partir da avaliação do desempenho dos clones em múltiplos ambientes. Esses ensaios possuem, principalmente, o intuito de obter materiais com alta adaptabilidade e estabilidade. Para isso, as análises de estabilidade e adaptabilidade usualmente são realizadas a partir de modelos baseados em Anova e modelos aditivos com interação multiplicativa (AMMI). A abordagem via modelos mistos tem se mostrado mais eficiente, pois lida melhor com desbalanceamento de dados e permite declarar a heterogeneidade de ambientes. Contudo, a complexidade estatística é aumentada com o acréscimo de ambientes resultando em modelos difíceis de convergir. A análise de fatores é uma alternativa, pois tem a capacidade de resumir bem o comportamento dos clones ao longo dos ambientes, eliminando o problema de múltiplos ambientes. O objetivo deste trabalho foi selecionar clones adaptáveis por meio da análise de fatores. Para a realização do presente trabalho, foram utilizados dados de uma rede experimental de clones de *Eucalyptus* spp., de diferentes origens, da empresa Suzano S.A. A rede experimental contava com vinte ambientes, dezoito com delineamento de blocos incompletos e dois em blocos ao acaso, para o presente trabalho utilizou-se dez ambientes para que fosse possível a convergência do modelo completo não estruturado, com heterogeneidade de variâncias genéticas e ambientais. Foram realizadas as análises utilizando como variável resposta o diâmetro da altura do peito (DAP). As análises estatísticas foram realizadas no software "R" com o pacote "ASReml-R". Nas análises individuais entre os dez experimentos analisados, oito apresentaram variância genética significativa a (0,01) de probabilidade para DAP. A análise conjunta do modelo não estruturado, com 52 parâmetros, convergiu. Para análise de fatores o modelo com um fator capturou (56%) das variâncias, já o modelo com dois fatores capturou (76%) das variâncias dos oito ambientes. O modelo com dois fatores foi eficiente em resumir as informações de adaptabilidade dos clones ao longo dos ambientes. Com base na adaptabilidade, selecionou-se 50 clones, os quais serão avaliados quanto a estabilidade.

Financial support: CAPES; CPNq; FAPEMIG.

Core area: Melhoramento de espécies perenes

Keywords: Análise de fatores, Melhoramento, Adaptabilidade.

Herança da resistência a *Meloidogyne paranaensis* em germoplasma silvestre de *Coffea arabica*

Alves, D. R.¹; Gonzales, R. V.¹; da Silva, A. F.²; Buonicontro, D. S.²; Salgado, S. M. L.³; Caixeta, E. T.^{1,4}

¹Laboratório de Biotecnologia do Cafeeiro, Instituto de Biotecnologia Aplicado à Agropecuária, Universidade Federal de Viçosa – UFV.

²Laboratório de Nematologia, Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa – UFV.

³Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG); Centro Tecnológico do Sul de Minas.

⁴Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Café).

Fitonematoides pertencentes ao gênero *Meloidogyne*, popularmente conhecidos como nematoides das galhas, são considerados uma das principais ameaças à cafeicultura em diversos países. No Brasil, as espécies *M. incognita*, *M. paranaensis* e *M. exigua* são as que causam maiores danos com perdas econômicas significativas, com destaque a *M. paranaensis* devido a sua agressividade e alta persistência no solo. Progênies de café derivadas de germoplasma silvestre Amphillo são consideradas potenciais fontes de resistência a *M. paranaensis*. Uma vez identificadas fontes, a resistência pode ser transferida para cultivares comerciais por meio dos programas de melhoramento. No entanto, os mecanismos envolvidos na resistência de *Coffea arabica* a *M. paranaensis* ainda não foram elucidados. O único gene de resistência a *Meloidogyne* descrito em café é o gene *Mex-1* derivado de *C. canephora*, mas está associado a resistência a *M. exigua*. Para *M. paranaensis* ainda não foram realizados estudos de herança, foi proposto que a resistência está associada à mecanismos pré e pós-infecção, envolvendo mais de um gene. O objetivo deste trabalho foi determinar o número de genes envolvidos na resistência a *M. paranaensis* em genótipos provenientes de germoplasma de Amphillo. Foram utilizados 104 cafeeiros em geração F₂, oriundos de cruzamento entre acesso silvestre do germoplasma de Amphillo (MG0179-3-R1) e a cultivar suscetível Catiguá MG2. As sementes em F₂ foram utilizadas para a produção de mudas. Dez plantas da cultivar Catuaí Vermelho IAC44, foram utilizadas como padrão de suscetibilidade no experimento. As mudas foram transplantadas para vasos e inoculadas com 5000 ovos de *M. paranaensis*. Decorridos 270 dias após a inoculação, a resistência foi avaliada por meio da determinação das porcentagens de redução do fator de reprodução nos diferentes genótipos em relação ao padrão de suscetibilidade. Adotou-se uma escala onde 0-25%: altamente suscetível (AS); 25,01%-50%: suscetível (S); 50,01-75%: moderadamente suscetível (MS); 75,01-90%: moderadamente resistente (MR); 90,01-95%: resistente (R); e 95,01-100%: altamente resistente (AR) ou imune. Com base nos valores obtidos, diferentes proporções fenotípicas foram analisadas para herança condicionada por um gene (3:1), dois genes (15:1, 13:3 e 9:7) e três genes (63:1, 61:3, 55:9, 37:27, 57:7, 51:13, 49:15, 43:21, 25:39 e 19:45), por meio do teste de qui-quadrado no *software* GENES. As hipóteses de herança governada por dois genes (13:3) e três genes (55:9, 57:7, 51:13 e 49:15) não foram rejeitadas ao nível de 5% de significância. Assim, de acordo com os resultados observados, pelo menos dois genes estão envolvidos na resistência a *M. paranaensis* em germoplasma silvestre de *C. arabica*, sugerindo uma herança oligogênica envolvendo efeito epistático. Esses resultados auxiliam no entendimento da herança genética de uma importante fonte de resistência a *M. paranaensis* e fornecem subsídios para os programas de melhoramento do cafeeiro que buscam a obtenção de cultivares contendo resistência duradoura a esse nematoide.

Apoio financeiro: CAPES, CNPq, Consórcio Pesquisa Café, FAPEMIG, INCT Café.

Área de concentração: Melhoramento de espécies perenes.

Palavras-chave: Amphillo, Cafeeiro, Fitopatógeno, Melhoramento Genético, Nematoide.

6. MELHORAMENTO DE ESPÉCIES PERENES

Mapeamento de Herdabilidades Regionais sob a Abordagem Bayesiana Aplicado a Características do Arroz

Rossinol, A. M^{1.}; Azevedo, C. F^{1.}; Celeri, M. de O^{1.}; Nascimento, M^{1.}; Nascimento, A. C. C^{1.}; Resende, M. D. V^{2.}

¹Laboratório de Inteligência Artificial e Aprendizado Estatístico, Departamento de Estatística, Universidade Federal de Viçosa - UFV

² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Café)

Os estudos de associação genômica ampla (*Genome Wide Association Studies* - GWAS) vem cada vez mais sendo realizados em programas de melhoramento animal e vegetal. O GWAS utiliza marcadores moleculares, principalmente os do tipo SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*), visando identificar as variantes causais no genoma e investigar as regiões do cromossomo em que as variantes significativas se encontram. Atualmente, os estudos utilizando grupos de marcadores vêm ganhando cada vez mais destaque, devido ao fato de que, os marcadores moleculares podem estar em alto desequilíbrio de ligação (*Linkage Disequilibrium* – LD) entre si e, com isso, influenciar conjuntamente o fenótipo. As abordagens bayesianas têm ganhado espaço dentro dos estudos de GWAS. Tal abordagem permite quantificar a incerteza de cada parâmetro, quando se assume a eles uma distribuição de probabilidade e, combinar a elas as informações provenientes dos dados. O objetivo desse estudo foi avaliar o método de Mapeamento de Herdabilidade Regional (*Regional Heritability Mapping* - RHM) sob a abordagem bayesiana, em um banco de dados de arroz (*Oryza sativa*), visando encontrar regiões associadas a 11 características fenotípicas. Os dados usados neste trabalho são provenientes do *Rice Diversity Project*. O tamanho das regiões foi determinado como sendo a distância na qual o LD é metade do seu valor máximo e, para verificar se as regiões eram de fato associadas às características fenotípicas, foi utilizada a Probabilidade a Posteriori da Associação da Janela (*Window Posterior Probability of Association* - WPPA). O método RHM sob a abordagem bayesiana conseguiu detectar regiões associadas à altura de planta nos cromossomos 1, 3 e 11; ao número de flores por panículas no cromossomo 2; a resistência a brusone no cromossomo 3; ao comprimento da folha da bandeira no cromossomo 8 e ao teor de proteína nos cromossomos 1, 2 e 3. Uma das regiões encontradas pelo modelo que é associada à altura de planta já foi detectada e relatada na literatura. As demais podem ser potencialmente estudadas em análises de pós GWAS. Não foram detectadas regiões associadas às demais características avaliadas. De modo geral, essa metodologia apresentou potencial para aplicação, descoberta e investigação de regiões genômicas associadas a características fenotípicas do arroz e apresenta potencial para ser aplicada em outras culturas de interesse agrônomo.

Financial support: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)

Core area: Seleção e Associação Genômica

Keywords: Estatística bayesiana, Associação Genômica Ampla, *Oryza sativa*.

Single-trait and multi-trait GWAS reveal loci associated with oil production in *Acrocomia Aculeata*

Evellyn Giselly de Oliveira Couto¹; Jonathan Morales-Marroquin²; Alessandro Alves Pereira²; Samuel B. Fernandes³, Joaquim Adelino de Azevedo Filho⁴, Carlos Augusto Colombo²; Maria Imaculada Zucchi¹.

¹São Paulo's Agency for Agribusiness Technology (APTA)

²State University of Campinas

³University of Arkansas;

⁴Campinas Agronomic Institute (IAC)

Facing the need to implement renewable energy sources to reduce environmental impacts, the macaúba oil palm (*Acrocomia aculeata* (Jacq.) Lodd. Mart) has stood out as a promising alternative for biofuels production, due to its high fruit production and sizable oil content in the mesocarp. Also, the processing of other parts of the fruit provides products to the cosmetics, food, and charcoal industry, along with discernable value in the commercial market. Despite the economic importance, macaúba is a non-domesticated neotropical palm, incipient in large-scale cultivation, besides genetic architecture studies on the species, are scarce. Elucidating its genetic information can contribute to accelerating its domestication process. Furthermore, the quantification of simultaneous loci contributions for multiple traits, a phenomenon due to pleiotropy or linkage genes, can be facilitated by using multivariate models in genome-wide association studies (GWAS). Therefore, we conducted single-trait and multi-trait GWAS models to identify SNP markers located in gene regions related to different phenotypic traits involved in fruit production and fruit pulp oil content. For this, 201 palms were randomly selected from a natural population; the fruits were collected within two years of production. Phenotypic measurements of 13 traits involved with fruit production, processing, and pulp oil content were obtained. Genomic libraries were prepared following the protocol of genotyping-by-sequencing using two restriction enzymes (ddGBS) for SNP markers detection. The SNP calling was performed using three different strategies since macaúba does not have a reference genome: using i) de novo sequencing, ii) the *Elaeis guineensis* Jacq. reference genome and ii) the macaúba transcriptome sequences. Single-trait and multi-trait GWAS models were fitted on the three genotypic datasets to detect candidate and/or pleiotropic genes involved with the traits. For this proposal, we used the BLINK model from the GAPIT to fit single-trait analysis and the mixed linear model from the GEMMA to fit multi-trait analysis, both packages from R software. All phenotypic traits studied showed statistically significant differences and heritability values ranged from 63 to 95%. Traits that showed genotypic correlations above 0.8 were inserted into the multi-trait GWAS model. A total of 47 candidate genes in regions involved with different cellular pathways were detected in the single-trait GWAS, while the multi-trait GWAS detected three candidate genes that may be inserted in genes in pleiotropy or in linkage. Univariate and multivariate GWAS models can maximize the amount of information derived from the evaluation of multiple traits once they allow the detection of pleiotropic or linked genes. The results achieved in this study revealed different gene regions associated with adaptive traits involved with fruit and oil production, allowing new genetic studies in macaúba for its domestication and pre-breeding.

Financial support: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP)

Core area: seleção e associação genômica.

Keywords: Neotropical oil palm, oil content, associative mapping, pleiotropic or linked genes.

Molecular characterization of a set of tropical maize inbred lines from a public breeding program in Brazil

Caixeta, D. G.¹; Faria, S. V.¹; Zuffo, L. T.¹; Rezende, W. M.¹; Pereira, H. D.²; Azevedo, C. F.³, DeLima, R. O.¹

¹Maize breeding Program, Department of Agronomy, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

²Department of Biology, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

³Department of Statistics, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, Brazil

The characterization of genetic diversity and population differentiation for maize inbred lines from breeding programs is of great value in assisting breeders in maintaining and potentially increasing the rate of genetic gain. Thus, our objectives were to evaluate whether our set of inbred lines represents a panel of tropical maize inbred lines for association mapping analysis and investigate the population structure and patterns of relationships among the inbred lines from UFV for better exploitation in our maize breeding program. For that, we characterized a set of 187 tropical maize inbred lines from the public breeding program of the Universidade Federal de Viçosa (UFV) in Brazil based on 3,083 single nucleotide polymorphisms (SNP) markers. Our results showed that there was large genotypic variation in the set of tropical maize inbred lines from the UFV maize breeding program. We also found high genetic diversity (GD=0.34) and low pairwise kinship coefficients among the maize inbred lines (only approximately 4.00% of the pairwise relative kinship was above 0.50) in the set of inbred lines. The linkage disequilibrium (LD) decay distance over all ten chromosomes in the entire set of maize lines with $r=0.1$ was 276,237 kb. Concerning the population structure, our results from the model-based STRUCTURE and principal component analysis methods distinguished the inbred lines into three subpopulations, with high consistency maintained between both results. Additionally, the clustering analysis based on molecular data grouped the inbred lines into 22 genetic divergence clusters. Our results indicate that the set of tropical maize inbred lines from UFV maize breeding programs can comprise a panel of tropical maize inbred lines suitable for a genome-wide association study to dissect the variation of complex quantitative traits in maize, mainly in tropical environments. In addition, our results will be very useful for assisting us in the assignment of heterotic groups and the selection of the best parental combinations for new breeding crosses, mapping populations, mapping synthetic populations, guiding crosses that target highly heterotic and yielding hybrids, and predicting untested hybrids in the public breeding program UFV.

Financial support: Capes, CNPq and FAPEMIG

Core area: Genomic Selection and Association

Keywords: *Zea mays* L.; Genetic diversity, Population structure, Linkage disequilibrium, Heterotic groups.

Application of low-density SNP markers with allele dosage information in African sweetpotato breeding programs

da Silva, C. C.¹; Ssali, R.²; Swanckaert, J.²; Yada, B.³; Oloka, B.³; Andrade, M.⁴; Makunde, G.⁴; Ally, H.⁵; Ogero, K.⁶; Pereira, G. S.¹

¹Department of Agronomy, Federal University of Viçosa (UFV), Viçosa, Brazil

²International Potato Center (CIP), Kampala, Uganda

³National Crops Resources Research Institute (NaCRRI), Kampala, Uganda

⁴International Potato Center (CIP), Maputo, Mozambique

⁵Tanzania Agricultural Research Institute (TARI), Mwanza, Tanzania

⁶International Potato Center (CIP), Mwanza, Tanzania

Sweetpotato [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] is the seventh most important food crop in the world, being considered a staple food in Sub-Saharan Africa. The species is an autohexaploid and highly heterozygous, which complicates the development and application of molecular-genetic tools for this crop. Molecular markers provide useful information that can help guiding several breeders' decisions. However, breeders of autopolyploid, orphan species such as sweetpotato hardly ever take advantage of such information, and when they do, it is based on pseudo-diploid genotyping calling. In hexaploid sweetpotato, two-channel biallelic Single Nucleotide Polymorphic (SNP) data can support dosage calling (0 up to 6), which is supposedly more informative than diploidized calls (0, 1, 2), where all heterozygous classes are collapsed into a single class. Here we report the development of a Kompetitive Allele Specific PCR (KASP) marker set from sequencing data of several sweetpotato genotypes and successful application of hexaploid dosage call in sweetpotato genotypes from four African breeding programs. The genome sequence *I. trifida*, a close diploid species, was used as a reference genome for SNP calling using Bowtie2 (short read alignment) and Freebayes (read count and SNP identification). The polymorphism of selected SNPs for KASP markers development were confirmed by looking at the short read alignments. Firstly, genotyping and validation of 60 KASP markers was performed in 94 individuals from a breeding population in Uganda. Thirty-eight KASP markers were polymorphic and 34 had their genotypic classes categorized with high confidence using the fitPoly R package, with genotypic classes ranging from two to seven. From the polymorphic marker set, 30 KASP markers were chosen to characterize more than 350 genotypes that are used in four African breeding programs: Tanzania Agricultural Research Institute (TARI)-Tanzania, National Crops Resources Research Institute (NaCRRI)-Uganda, International Potato Center (CIP)-Uganda and CIP-Mozambique. Hexaploid dosage was successfully called for 27 markers, which were used to evaluate the genetic diversity and genetic structure present in the samples as well as create a genetic fingerprint for the genotypes. The markers with hexaploid dosage information outperformed pseudo-diploid calls in the differentiation of sweetpotato genotypes and in the detection of mislabeled samples. This work main goal was to develop a set of low-density SNP markers and evaluate their usage for sweetpotato clone identification, quality assurance/control and genetic variability assessment in current African sweetpotato breeding programs. The KASP markers and pipeline used in our analyses will be available for the whole community of sweetpotato research and may support inferences in other autopolyploid breeding populations.

Financial support: Bill and Melinda Gates Foundation

Core area: Genomic Selection and Association

Keywords: Autopolyploidy, KASP markers, Allele dosage, Quality control.